

Prolog

Seit den fundamentalen Arbeiten von Volterra und Lotka um 1920, von Kermack und McKendrick um 1930, von Fisher 1930–1940, von Hodgkin und Huxley um 1950, um nur einige wesentliche wissenschaftliche Beiträge zu nennen, ist das Gebiet der *Mathematischen Biologie* wohletabliert. Zur Zeit sehen wir eine spannende Diversifizierung und ein „exponentielles Wachstum“ an Publikationen in diesem Bereich. Dies findet zunehmend auch in der mathematischen Ausbildung an den Universitäten seinen Niederschlag. Inspiziert man die Curricula der Bachelor-Studiengänge an Colleges in den USA und Kanada, so findet man fast überall einen Kurs über *Mathematical Biology*.

Dieses Buch trägt dieser Entwicklung Rechnung. Es ist aus Vorlesungen und Praktika entstanden, die die Autoren an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg in den letzten 10 Jahren regelmäßig gehalten haben. Dabei variierten die behandelten Modelle je nach Hörerkreis, allerdings wurden die Kerninhalte dieser Monographie in jedem der Kurse behandelt.

Obwohl mathematisch rigoros, ist es ein elementar gehaltenes Buch, das auch für Studenten der Bioinformatik und – bei entsprechenden Vorkenntnissen – auch für Studenten der Biowissenschaften geeignet ist. So sind als mathematische Basis je ein Grundkurs in Analysis und Linearer Algebra, sowie ein elementarer Kurs über gewöhnliche Differentialgleichungen, der auch parallel gehört werden kann, ausreichend. Damit ist das Buch für Studenten in einem Bachelor-Studiengang Mathematik ab dem dritten Semester verwendbar; es kann als Skriptum für eine einsemestrige 2V+1Ü-Vorlesung verwendet werden. Zu jedem der sechs Kapitel sind Übungsaufgaben mit variierendem Schwierigkeitsgrad angegeben.

Wir haben uns entschieden, hier keine diskreten Modelle zu behandeln. Der in der Biologie beliebte Denkweise in *Generationen* – insbesondere in der Genetik – folgen wir nicht. Zeit ist in diesem Buch kontinuierlich und absolut, damit wird die Problematik überlappender Generationen von Beginn an vermieden. Wie der Untertitel *deterministisch* sagt, behandeln wir ebenfalls keine probabilistischen Modelle, da solche dem mathematischen Kenntnisstand der anvisierten Leserschaft nicht entsprechen. Der zweite Untertitel *homogen* ist im Gegensatz zu *heterogen* zu verstehen. *Heterogene* Modelle enthalten stets *mehr* als eine unabhängige Variable und führen damit auf partielle Differentialgleichungen, ein Gebiet, das ebenfalls außerhalb der vorausgesetzten Kenntnisse der Leserschaft liegt.

Daher beschränken wir uns in diesem Buch auf Modelle für biologische Systeme, deren mathematische Formulierung auf gewöhnliche Differentialgleichungen führt. Die verwendeten Methoden entstammen somit aus dieser Theorie und aus der

Theorie dynamischer Systeme. Um das Buch für Studenten einigermaßen konsistent zu halten, also um Querverweise auf Literatur aus diesen Gebieten zu vermeiden, enthält der Anhang über *Dynamische Systeme* die im Haupttext verwendeten Resultate. Ergebnisse, die der Analysis und der linearen Algebra aus dem ersten Studienjahr entstammen, werden ohne Kommentare und Zitate verwendet.

Bei der Auswahl der Themen hatten wir die Qual der Wahl, da der o.g. Rahmen für den Umfang gesetzt war. Natürlich gehören die Ausgangspunkte, die Volterra und Lotka sowie Kermack und McKendrick gesetzt haben, dazu, siehe Kapitel 1 und 2. Die in Kapitel 3 behandelten *Virenmodelle* sind weitaus jünger, sie wurden u.a. durch HIV und BSE initiiert. Der Zusammenhang mit Kapitel 2 wird im Text deutlich. Wir präsentieren hier auch einige neue Ergebnisse über das asymptotische Verhalten der Lösungen in Virenmodellen und in der Dynamik von *Prionen*. Die in Kapitel 4 behandelte Problematik der Fortpflanzung in zweigeschlechtlichen Populationen wurde von Keyfitz und anderen um 1960 aufgegriffen und ist in der *Mathematischen Demographie* noch immer Diskussionsgegenstand. *Mathematische Genetik* ist das Thema des 5. Kapitels, das in keiner Veranstaltung über mathematische Biologie fehlen darf. Ein zentrales Resultat, das hier reproduziert wird, ist das Fundamentaltheorem von Fisher, und wir zeigen auch die Konvergenz der Lösungen gegen Equilibria. *Enzyme* bilden die Basis für die überwiegende Zahl biochemischer Reaktionen und sind schon um 1915 von Michaelis und Menten untersucht worden. Daher gehören entsprechende Modelle und deren mathematische Analysis in eine Einführung wie diese.

Damit war der gesetzte Rahmen erschöpft, und wir konnten leider andere spannende Themen wie z.B. die Hodgkin-Huxley Theorie zur Erregungsleitung in Nerven, oder das FitzHugh-Nagumo-Modell, Compartment-Modelle für Organe, Zellwachstum- und -teilung, etc. in diesem Buch nicht berücksichtigen. Trotzdem denken wir, eine Auswahl getroffen zu haben, die interessant genug ist, um die Leser für ein weitergehendes Studium der mathematischen Biologie zu inspirieren. Der Epilog, in dem wir Kommentare und weiterführende Literaturhinweise geben, enthält auch einen Ausblick auf kompliziertere Modelle, und soll den Leser zum weiteren Studium der mathematischen Biologie ermuntern.

Alle Diagramme im Text sind vom Computer-Algebra-System *Mathematica* erzeugt worden. In einem Anhang geben wir einige der *Notebooks* wieder, mit denen der Leser einige der im Text gezeigten Bilder reproduzieren kann. Wir haben nicht versucht, die Diagramme zu „optimieren“, sondern haben solche erstellt, die ein normaler Mathematica-User mit ein bisschen Erfahrung erstellen kann.

Obwohl wir seit längerem den Plan für ein solches Buchprojekt hatten, kam der entscheidende Anstoß zur Realisierung von unserem Kollegen Professor Stroth. Ihm, den weiteren Herausgebern dieser Buchreihe, dem Birkhäuser Verlag, sowie den an diesem Projekt beteiligten Mitarbeitern des Verlages sei an dieser Stelle herzlich gedankt.