



Das Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (1908)

Aussage: Nehmen wir an, dass Aa ein Paar Mendelscher Eigenschaften ist (A dominant) und dass die Anzahl der rein Dominanten, der Heterozygoten und der rein Rezessiven im Verhältnis $p : 2q : r$ vorliegt. Schließlich nehmen wir an, dass die Paarung als zufällig angesehen werden kann, dass die Geschlechter unter den drei Typen gleich verteilt sind und dass alle gleich fruchtbar sind. Dann wird das Verhältnis in der nächsten Generation $(p+q)^2 : 2(p+q)(q+r) : (q+r)^2$ oder $(p_1 : 2q_1 : r_1)$ sein.

Die interessante Frage ist - unter welchen Umständen wird diese Verteilung die selbe bleiben wie in der Generation zuvor?

Man kann sehen, dass die Bedingung hierfür ist, dass $q^2 = pr$ ist. Und da $q_1^2 = p_1 r_1$ ist, egal was die Werte von p , q und r sind, wird die Verteilung nach der zweiten Generation in jedem Fall unverändert bleiben.

Anwendungen:

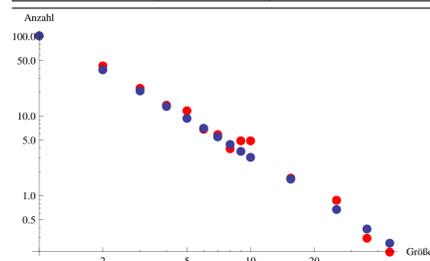
- Begründung eines neuen Forschungszweigs, der Populationsgenetik, in den 1920er Jahren
- Ableitung populationsgenetischer Gesichtspunkte vom Modell auf die Realität
- Berechnung des Anteils der Heterozygoten bei dominant-rezessiven Erbgängen

Das Evolutionsmodell von Yule (1925)

George Udny Yule erstellte zu Beginn des 20. Jahrhunderts ein mathematisches Modell der Evolution. Dazu betrachtete er eine Gruppe von Gattungen, die jeweils aus einer gewissen Anzahl an Arten besteht. Wie man rechts in den ersten zwei Spalten der Tabelle sieht, gibt es beispielsweise in der Familie der Eidechsen insgesamt 259 Gattungen und 105 davon enthalten genau eine Art. Yule machte für sein Modell nur zwei Annahmen. Zum einen nahm er an, dass jede Art eine gewisse Wahrscheinlichkeit hat während eines Zeitintervalls durch Mutation eine neue Art entstehen zu lassen. Analog dazu hat auch eine Gattung immer eine Wahrscheinlichkeit durch eine größere Mutation eine neue Gattung zu erzeugen. Mit dem Modell lässt sich eine Häufigkeitsverteilung der Größen der Gattungen angeben. In der Graphik rechts wieder an dem Beispiel der Eidechsen. Rot sind die tatsächlichen

Daten und die errechneten Werte sind blau eingezeichnet.

Anzahl Arten in der Gattung	Anzahl der Gattungen	Errechnete Anzahl der Gattungen
1	105	105,0
2	44	39,2
3	23	21,3
4	14	13,6
5	12	9,6
6	7	7,2
7	6	5,6
8	4	4,5
9	5	3,7
10	5	3,1
11-20	17	16,6
21-30	9	6,9
31-40	3	3,9
41-50	2	2,6
51-60	0	1,9
61-70	1	1,4
71-80	0	1,1
81-90	0	0,9
91-100	0	0,7
101-...	2	10,1
Gesamt	259	259



Epidemiemodell von Kermack/McKendrick (1926)

Annahmen:

N Bevölkerungsgröße (konstant)

$S(t)$ anfällige Personen/'susceptible'

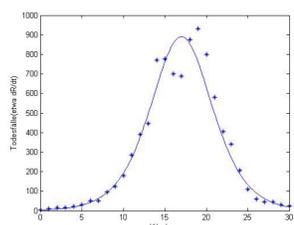
$I(t)$ infizierte Personen/'infectious'

$R(t)$ gesunder (damit immuner) Personen/'removal'

Beispiel: Pest in Bombay in den Jahren 1905-1906.

Die meisten Infizierten der Seuche starben, daher kann man sagen $\frac{dR}{dt}$ ist ungefähr gleich der Anzahl an Todesfällen pro Woche. Kermack und McKendrick verglichen die Daten mit den Ergebnissen ihrer Gleichungen:

$$\frac{dR}{dt} = 890 \operatorname{sech}^2(0.2t - 3.4)$$



Wie viele Leute werden im Laufe der Epidemie erkranken?

Schwellenwertsatz der Epidemiologie:

Sei die Anzahl der Anfälligen zu Beginn der Epidemie $S_0 = \rho + \epsilon$ für ein $\epsilon > 0$, $\frac{\epsilon}{\rho} \ll 1$ und $I_0 \ll S_0$, so werden schließlich ca. 2ϵ Personen erkranken.

Beispiel: Eine Grippeepidemie an einem englischen Jungeninternat 1978. An der Schule werden 763 Jungen unterrichtet. Man vermutet, dass ein Junge die Krankheit in die Schule gebracht hat. Es wurden im Verlauf 512 Jungen infiziert. Jeder, der sich angesteckt hat, wurde ins Bett geschickt.

Man kann den Schwellenwertsatz überprüfen:

$$\epsilon = S_0 - \rho = 762 - 461 = 301 \Rightarrow 2\epsilon = 602$$

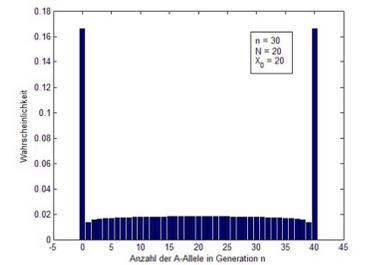
Da $R_\infty = 512$, zeigt sich dass der Satz gar keine so eine schlechte Annäherung liefert.

Sewall Wright - Genetik (1930)

Sewall Wright setzte sich mit der Frage auseinander, wie sich die Allelhäufigkeiten bei endlichen Populationen verhalten. Unter folgenden Annahmen:

- endlich große Population
- Populationsgröße konstant
- jedes Individuum besitzt zwei Allele
- nur zwei mögliche Allele (A, a) für einen Genort
- keine Einflüsse von Selektion, Mutation und Migration
- zufällige Paarung

kommt er dabei mit stochastischen und analytischen Methoden zum Ergebnis, dass nach $\mathcal{O}(2N)$ Generationen ein Allel verschwindet. Die Grafik veranschaulicht dies und zeigt die Wahrscheinlichkeit für die Anzahl der A-Allele X nach $n = 30$ Generationen einer Population mit $N = 20$ Individuen und $X_0 = 20$ A-Allelen in der Startgeneration.



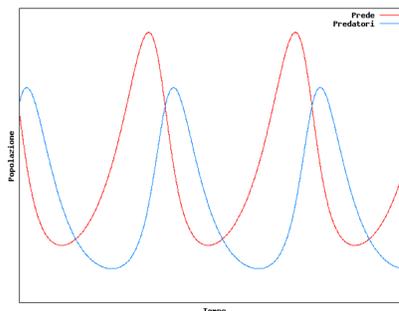
Lotka-Volterra - das Räuber-Beute Modell (1926)

Lotka-Volterra Gleichungen:

$$\dot{x} = ax - bxy \quad (1)$$

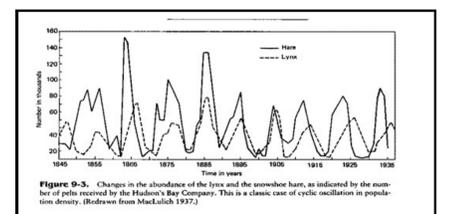
$$\dot{y} = -cy + dxy \quad (2)$$

(1) und (2) nennt man die Lotka-Volterra Gleichungen. Sie sind ein einfaches Modell für ein Räuber-Beute System, wobei a, b, c, d Parameter, x die Anzahl der Beute und y die Anzahl der Räuber sind. Dies sind keine Gleichungen im herkömmlichen Sinn, sondern Differentialgleichungen (Gleichungen mit Funktionen und deren Ableitungen).



Leider lassen sich diese nicht immer lösen, man kann aber trotzdem wichtige Eigenschaften des Systems aus ihnen ableiten:

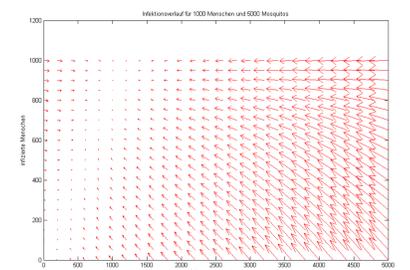
1. Die Individuenzahlen von Räuber und Beute (bei ansonsten konstanten Bedingungen) schwanken periodisch und zeitlich versetzt.
2. Die durchschnittliche Größe der Populationen von Räuber und Beute in einer Räuber-Beute-Beziehung über einen längeren Zeitraum hinweg ist konstant (unabhängig vom Startwert).
3. Werden Räuber- und Beutepopulation gleichzeitig dezimiert, so steigt der Mittelwert der Beutepopulation kurzfristig an, und der Mittelwert der Räuberpopulation sinkt kurzfristig ab.



Ronald Ross und Malaria (1911)

Ronald Ross entdeckte 1897 dass Malaria durch Stiche der Anophelesmücke übertragen wird. Um zu zeigen dass, wenn der Mückenbestand ausreichend reduziert wird, die Krankheit ausgerottet werden kann, erstellte er ein mathematisches Modell, das die Ausbreitung von Malaria simuliert. Zwei Differentialgleichungen beschreiben wie sich die Anzahl infizierter Menschen und die Anzahl infizierter Mücken entwickeln. Das kann man am sogenannten Richtungsfeld sichtbar machen. Überlege wie viele Menschen

am Anfang der Beobachtung infiziert sein könnten und lies an den Achsen ab, an welchem Punkt der Grafik du dich befindest. Dann kannst du den Pfeilen entlang fahren und immer an den Achsen ablesen wie viele Mücken bzw. Menschen gerade infiziert sind.



Die Beiträge wurden erstellt von:

Bogdan Avanesov - Martin Strobel - Sebastian Bordt - Eva Stadler - Madelaine Gundel - Johannes Haubner
Benedikt Löwenhauser - Rüdiger Kampmann - Andreas Müller - Sebastian Unsin - Ines Hornicek