

1.6. bis 7.6.1975

Die Tagung über "Mathematische Modelle in der Biologie" stand unter der Leitung von K. P. Hadeler (Tübingen), W. Jäger (Heidelberg) und H. Werner (Münster). Das Ziel dieser Tagung war, eine Übersicht über die Anwendung mathematischer Methoden bei biologischen Problemen zu gewinnen. Hierbei standen die Analysis und die Topologie im Vordergrund, doch war auch die Stochastik mit Teilgebieten vertreten. Die behandelten Gegenstände lassen sich wie folgt gruppieren: 1. Lineare Diffusionsgleichungen in Zusammenhang mit Modellen für die Nervenleitung, Ausbreitungsphänomene in der Genetik, in der Ökologie, und in der Theorie chemischer Reaktionen, 2. Modelle für die Entstehung von Strukturen, 3. Modelle aus der Epidemiologie und Immunologie, 4. Optische Perzeption.

Aus mathematischer Sicht bestehen zwischen den genannten Punkten jeweils engere Verbindungen. In der Stochastik lag der Schwerpunkt auf den Verzweigungsprozessen. Die topologischen Methoden wurden in zwei Übersichtsvorträgen dargestellt.

Einige Vorträge zeigten, daß auch andere Gebiete der Mathematik (Algebra, Gruppentheorie) zu Lösungen für biologische Probleme führen können. Hier gibt es noch ein weites Feld für mathematische Anwendungen.

Die Kommunikation zwischen den Arbeitsrichtungen war gut, allerdings zeigten die Erfahrungen dieser Tagung, daß es wünschenswert ist, noch nähere Verbindung zu experimentell arbeitenden Biologen und Medizinern zu suchen.

Die Tagung ergab, daß das Gebiet in Deutschland, abgesehen von einigen wenigen Schwerpunkten, kaum entwickelt ist. Dagegen hat die Beschäftigung mit der Biologie im Ausland, vor allem in den USA, viele Mathematiker aus verschiedenen Gebieten, insbesondere der Analysis, angezogen.

Die nachhaltige Unterstützung durch die Institutsleitung, die diese Tagung ermöglicht hat, wird dankbar anerkannt.

Teilnehmer

W. Alt, Münster	P. de Mottoni, Rom
J. Batt, München	I. Nasell, Stockholm
W. Bühler, Mainz	F. Poggio, Tübingen
J.E. Cohen, Cambridge	T. Poston, Genf
B.D. Coleman, Pittsburgh	R. Repges, Aachen
Ch. Conley, Madison	G.H. Renninger, Guelph
K. Dietz, Genf	H.L. Resnikoff, Münster
L. Edler, Mainz	F. Rothe, Tübingen
J.W. Evans, La Jolla	L.A. Segel, Rehovot
P.C. Fife, Tucson	B.D. Sleeman, Dundee
K.P. Hadeler, Tübingen	L.M. Sonneborn, Bern
U. an der Heiden, Tübingen	D. Steinhausen, Münster
F.C. Hoppensteadt, New York	H. Thieme, Münster
W. Jäger, Heidelberg	R. Thom, Bures-sur-Yvette
K. Jänich, Regensburg	W. Vogel, Bonn
N. Kaplan, Kopenhagen	H.-O. Walther, München
R. Keller, Regensburg	P. Waltman, Iowa City
L. Lander, Regensburg	H. Werner, Münster
D. Ludwig, Vancouver	A. Wörz, Tübingen
H. Maurer, Köln	E.C. Zeeman, Coventry
H. Meinhardt, Tübingen	R. Zielke, Tübingen
B. Mellein, Mainz	B. Zwahlen, Lausanne

Vortragsauszüge

J.E.COHEN: An ergodic theorem for the age structure of large populations in markovian environments

The ergodic theorems of demography show that the present age structure of a unisexual, closed population is independent of the population's age structure in the sufficiently remote past, but depends entirely on the recent history of vital rates (birth and death rates). The ergodic theorem presented here supposes that at each instant in discrete time, the array of age-specific birth and death rates to which a unisexual closed population is subject is drawn from a set S of such arrays. Given two initial populations, and two initial arrays of vital rates from S , the vital rates in the next instant of time are chosen from S according to a Markov chain of a certain kind, independently for each of the two populations. Then all moments of the age structures of the two populations converge and the age structures converge in distribution.

J.E. Cohen, Ergodicity of Age Structure in Pop. with Markovian Vital Rates. I. Countable States . J. of the Am.Stat.Ass. 1976.
W. Brass, Perspectives in Population Prediction . J. of the Roy. Stat. Soc. Series A 137(4), 532-583, 1974.