

Vorwort

Die „Mathematischen Methoden in den Biowissenschaften“ sind aus Vorlesungen und Übungen in den Studienrichtungen Biologie, Ernährungswissenschaften und Biotechnologie an der Universität Wien bzw. Fachhochschule Campus Wien hervorgegangen. Aufbauend auf der zweiten Auflage der „Biomathematik“ wurden zahlreiche Ergänzungen – vor allem in der Matrizenrechnung und der Statistik – vorgenommen. Das Ziel dieser Ergänzungen war, eine umfassende Einführung in die Mathematik zu schaffen, die den Anforderungen in den Biowissenschaften Rechnung trägt. Die Verbreiterung des Methodenspektrums wird auch durch den neuen Buchtitel zum Ausdruck gebracht. Das Buch ist als Lehrbuch konzipiert. Es soll ein Verständnis für mathematische Methoden, die für die Biowissenschaften bedeutsam sind, und eine Sicherheit in der Anwendung dieser Methoden vermitteln. Das Buch kann aber auch als Nachschlagewerk verwendet werden, um sich das eine oder andere Verfahren in Erinnerung zu rufen.

Die mathematische Bearbeitung eines Problems beginnt in der Regel damit, dass man im Rahmen eines geeigneten Modells ein zweckmäßiges Lösungsverfahren auswählt. Dabei ist es von Vorteil, wenn man die mathematischen Standardverfahren in seiner Disziplin kennt und auch zumindest im Prinzip versteht, wie sie funktionieren. Es braucht also ein gewisses Methodenverständnis, um Lösungsalgorithmen optimal einsetzen zu können. Hat man eine geeignete Methode ausgewählt, geht es im nächsten Schritt um die Lösungsfindung mit dieser Methode. Dabei kommen in der Regel einschlägige Softwareprodukte zur Anwendung. Es sollte heute eine Selbstverständlichkeit für Studierende der Biowissenschaften sein, dass sie nicht nur ein Tabellenkalkulationsprogramm beherrschen, sondern sich auch in einem leistungsfähigen Datenanalysesystem „zu Hause“ fühlen.

Ein leistungsfähiges und universell einsetzbares Datenanalysesystem ist das Softwareprodukt R, das in diesem Buch zur Gewinnung von numerischen Ergebnissen und auch zur Herstellung von Grafiken verwendet wird. R ist eine freie, gut ausgetestete Software und bietet bereits in der Basis-Installation ein umfassendes Angebot an numerischen und grafischen Prozeduren für das Gesamtgebiet der angewandten Mathematik und Statistik. Die Basis-Installation lässt sich auf einfache Weise durch eines der zahlreichen Pakete ergänzen, die man – wie die

Basis-Installation – von der R Project-Homepage <http://www.r-project.org/> heruntergeladen kann. Wie man R installiert und die R-Umgebung nutzt, ist in einem R-Kompendium im Anhang dargestellt. Indem man die zu vielen Beispielen und Aufgaben angegebenen R-Programme nachvollzieht, sollte es möglich sein, sich rasch in R einzuarbeiten.

Ein Lehrbuch über angewandte Mathematik ist kein Lesebuch, sondern verlangt, mit Bleistift, Papier und Computer durchgearbeitet zu werden. An Vorkenntnissen wird lediglich eine gewisse Vertrautheit mit den grundlegenden Algorithmen der Schulmathematik verlangt. Um an die Vorkenntnisse anzuknüpfen, ist quasi als Repetitorium ein Kapitel über die Elementarmathematik vorangestellt. Allerdings werden bereits hier die Weichen in Richtung „Arbeiten mit Daten“ gestellt. Im zweiten Kapitel geht es um Funktionen mit zwei zentralen Anwendungsfeldern. Die Abhängigkeit zwischen zwei Variablen wird in den Biowissenschaften häufig mit einfachen Grundfunktionen (wie z. B. der linearen Funktion oder der Exponentialfunktion) erfasst. Besondere Beachtung findet in diesem Zusammenhang das Problem der Anpassung dieser Funktionen an vorgegebene Datenpunkte. Andere wichtige Funktionen (z. B. die Dichtefunktion der Normalverteilung) werden in der Statistik gebraucht, um die Variation von Merkmalen zu erfassen.

Die weiteren Kapitel bauen auf dem ersten und zweiten Kapitel auf und sind voneinander weitgehend unabhängig. Im dritten Kapitel werden zuerst grundlegende Rechenoperationen mit Vektoren und Matrizen, lineare Gleichungssysteme und speziell orthogonale und symmetrische Matrizen behandelt. Darauf aufbauend folgen verschiedene Anwendungen wie z. B. der Simplexalgorithmus, die Hauptkomponentenanalyse oder Markov-Ketten. Das vierte Kapitel beginnt mit einem Abschnitt über Zahlenfolgen. Nach Einführung des Differentialquotienten wird ausgeführt, wie man Funktionen mit der ersten und zweiten Ableitung beschreibt und lokal durch Polynome approximiert. Zentrale Themen der Integralrechnung sind die numerische Integration sowie die unbestimmte Integration in Verbindung mit Differentialgleichungen. Schließlich enthält das fünfte Kapitel Ergänzungen zu den deskriptiven Verfahren des ersten und zweiten Kapitels, Methoden zur Schätzung von ausgewählten Verteilungsparametern und ausgewählte Testverfahren für Vergleiche mit Mittelwerten und Wahrscheinlichkeiten.

Methodische Vertiefungen und spezielle Anwendungen wurden in einen ergänzenden Abschnitt am Ende eines jeden Kapitels ausgelagert. Zum Einüben der Methoden gibt es im Buch mehr als 150 vollständig durchgerechnete Übungsaufgaben und zur Lernkontrolle über 100 Aufgaben mit ausführlichen Lösungen im Anhang.

Abschließend danke ich allen, die durch Hinweise zur Verbesserung des Textes beigetragen haben, und nehme weitere Anregungen und Korrekturhinweise dankend entgegen (werner.timischl@tuwien.ac.at). Schließlich danke ich Frau Stefanie Wolf vom Springer-Verlag in Heidelberg für die gute Zusammenarbeit bei der Erstellung der Druckvorlage.

Mathematische Methoden in den Biowissenschaften

Eine Einführung mit R

Timischl, W.

2016, XIV, 456 S. 110 Abb.,

ISBN: 978-3-662-48952-9