
Von der Mathematischen Biologie zur Systembiologie

(Vorlesung Prof. Dr. J. Timmer)

Aufgabenzettel Nr. 6

Bemerkung: Reproduzierbarkeit von Zufallszahlen in R

Der *Random Number Generator* (RNG) bietet verschiedene Möglichkeiten Zufallszahlen zu kontrollieren, siehe ?RNG. Für gewöhnlich benutzt RNG einen zufälligen *seed*, zur Erzeugung von Pseudozufallszahlen. Mit Hilfe der Funktion `set.seed()` können Simulationen exakt reproduziert werden, was für das Nachvollziehen von Ergebnissen sowie bei einer Fehlersuche von Vorteil sein kann.

Reaktions-Diffusionssysteme

Betrachten Sie das zweikomponentige Reaktions-Diffusionssystem

$$\frac{\partial u(x, t)}{\partial t} = \gamma \cdot f(u, v) + \frac{\partial^2 u(x, t)}{\partial x^2}, \quad (1)$$

$$\frac{\partial v(x, t)}{\partial t} = \gamma \cdot g(u, v) + d \cdot \frac{\partial^2 v(x, t)}{\partial x^2} \quad (2)$$

mit *zero-flux* Randbedingungen. Das System soll numerisch mit Hilfe einer Diskretisierung des Raums mit N äquidistanten Stützstellen untersucht werden. Der Abstand der Stützstellen ist damit $\Delta x = \frac{1}{N-1}$. Damit lassen sich die Diffusionsterme durch finite Differenzen approximieren, z.B.:

$$\frac{\partial^2 u(x, t)}{\partial x^2} \quad \longrightarrow \quad \frac{u(x - \Delta x) - 2u(x) + u(x + \Delta x)}{(\Delta x)^2} \quad (3)$$

und analog der Diffusionsterm für v . Dies führt dazu, dass das ursprüngliche partielle Differentialgleichungssystem zu einem System gekoppelter gewöhnlicher Differentialgleichungen wird.

Aufgabe 9 (Übung): Turingsche Strukturbildung

Implementieren Sie das lineare Turing-System mit den Reaktionsfunktionen

$$f(u, v) = a \cdot u + b \cdot v, \quad (4)$$

$$g(u, v) = c \cdot u + e \cdot v, \quad (5)$$

mit den Parametern $a = -2$; $b = 2, 5$; $c = -1, 25$; $\gamma = 1000$; $d = 0, 5$, $e = 1, 5$ und $N = 250$. Wählen Sie als Anfangsbedingung $u_{1\dots N} \propto N(0, 1)$ und $v_{1\dots N} \propto N(0, 1)$.

Aufgabe 10 (Übung): Aktivator-Inhibitor Modell von Gierer und Meinhardt

Implementieren Sie das (dimensionslose) Aktivator-Inhibitor Modell mit den Reaktionsfunktionen

$$f(u, v) = a - b \cdot u + \frac{u^2}{v}, \quad (6)$$

$$g(u, v) = u^2 - v \quad (7)$$

mit den Parametern $a = 0, 1$, $b = 1$, $\gamma = 100$, $d = 10$ und $N = 250$. Wählen Sie als Anfangsbedingung den homogenen Gleichgewichtszustand

$$u_{1\dots N} = \frac{a+1}{b} \quad \text{und} \quad v_{1\dots N} = \left(\frac{a+1}{b}\right)^2 \quad (8)$$

und addieren Sie kleine inhomogene Störungen.

- i.) Inwieweit ist das Ergebnis von den Anfangsbedingungen abhängig?
- ii.) Die Größe der Domäne ist implizit über den Parameter γ kontrolliert. Wie skaliert γ mit der Domänengröße, d.h. mit der Anzahl der Aktivatormaxima?
- iii.) Stören Sie nun den homogenen Gleichgewichtszustand mit kleinen Moden der Form $\cos(\frac{n\pi x}{N})$, wobei $x = \{1, \dots, N\}$ und $n \in \mathbb{N}_0$. Untersuchen Sie für welche Wellenzahlen n der Gleichgewichtszustand instabil ist und sich eine Struktur ausbildet.
- iv.) Vergleichen Sie Ihr Ergebnis mit der linearen Stabilitätsanalyse. Wie gut ist die lineare Näherung? Welche Mode dominiert das stabile, räumlich-inhomogene Muster?