



© privat

# Hannah Schmidt-Glenewinkel, Dr. rer. nat.

Biomathematics

Weizmann Institute of Science, Rehovot

Born in 1980 in Frankfurt am Main  
Studied Biomathematics at the Ruprecht-Karls-Universität Heidelberg, the  
Rockefeller University, New York, and the Weizmann Institute, Rehovot

FELLOWSHIP  
College for Life Sciences

## ARBEITSVORHABEN

# Where is the Journey of Mathematical Modeling in Molecular Biology Headed?

For several years, we have been able to observe the trend that research in molecular biology is aiming to integrate mathematics. What is the reason for this development and how does it proceed? At first glance, the two disciplines do not seem to match.

The trend has two reasons. First, because of the technical advances of the last decades, the amount of raw data generated has increased enormously. Mathematicians, usually in their profession as statisticians or computer scientists, are expected to help store, manage, and analyze the data. This sort of application of mathematics in biology is nothing new: it is statistical data analysis as applied in any science that generates data.

There is, however, a second type of development in which mathematics is being integrated as a tool in molecular biology. This is historically new, and it is this aspect of mathematical modeling in biology that I want to investigate during my time in Berlin.

We have reached a phase in which the qualitative description of all cell components is largely complete. This means that all cellular structures have been discovered and described in their composition. While in former times we searched for "the secret of life" in the form of the identity of a particular molecule (e.g. DNA), the question has now shifted to the quantitative interaction of the various cell components. This means that we are asking about the dynamics of processes and the functionality that arises from the quantitative interaction of the components, not from the mere existence of the components themselves.

During my time at the Wissenschaftskolleg, I want to investigate the current state of this synthesis of mathematics and biology and ask how the entry of mathematical thinking has shaped the way we look for explanations in molecular biology.

## Recommended Reading

Schmidt-Glenewinkel, H. and N. Barkai (2014). "Loss of growth homeostasis by genetic decoupling of cell division from biomass growth: implication for size control mechanisms." *Mol Syst Biol* 10: 769.

Schmidt-Glenewinkel, H., E. Reinz, S. Bulashevskaya, J. Beaudouin, S. Legewie, A. Alonso, and R. Eils (2012).

"Multiparametric image analysis reveals role of Caveolin1 in endosomal progression rather than internalization of EGFR." *FEBS Lett.* 586, 8: 1179-1189.

Keller, Evelyn Fox. *Making Sense of Life: Explaining Biological Development with Models, Metaphors and Machines.* Cambridge, Mass.: Harvard University Press, 2003.

Edelstein-Keshet, Leah. *Mathematical Models in Biology.* Philadelphia, Pa.: SIAM: Society for Industrial and Applied Mathematics, 2005.

# "Das Leben ist viel größer" - über Gebrauch und Grenzen der Mathematik in den Lebenswissenschaften

Mathematik und Molekularbiologie sind ein ungewöhnliches Paar. Die beiden Disziplinen passen nicht zusammen, beschäftigen sie sich doch mit grundlegend verschiedenen Problemen und bedienen sich ganz unterschiedlicher Methoden. Die Molekularbiologie ist bisher eine rein experimentelle Wissenschaft gewesen. Dies scheint sich zu ändern.

In den letzten Jahren können wir einen bemerkenswerten Zulauf von Theoretikern (das heißt: Mathematiker/innen und Physiker/innen) in die Forschungseinrichtungen der Molekularbiologie beobachten. Neue "biomathematische" Institute werden errichtet. Die Bewilligung von Forschungsgeldern wird oft an die Bedingung geknüpft, dass man "Theorie und Praxis verbinde". Neue Fachzeitschriften über "Theoretische Biologie" entstehen, oder genauer gesagt, sie verwandeln sich von obskuren Randjournalen, denen kaum Beachtung geschenkt wird, zu Publikationen, die von der Biologengemeinschaft nicht bloß ernstgenommen werden, sondern geradezu als richtungsweisend für die Zukunft der Biologie gehandelt werden. Kurz: Der (Hilfe-)ruf der Biolog/innen nach den Mathematiker/innen, die ihren Daten "Sinn" geben sollen, erschallt laut und deutlich. Ist es möglich, dass wir den Übergang von einer experimentellen zu einer theoretischen Naturwissenschaft beobachten?

Es stellt sich die Frage: Was hat sich getan in der Biologie, dass sie Mathematiker plötzlich mit offenen Armen willkommen heißt? Denn das war nicht immer so.

Meine These lautet: Ein Grund dafür liegt darin, dass wir durch die rein experimentelle Molekularbiologie die qualitative Beschreibung der Zellkomponenten weitestgehend abgeschlossen haben. Die Suche nach Erklärungen verschiebt sich somit auf das quantitative, dynamische Zusammenspiel der einzelnen Komponenten und damit auf die Frage, wie aus diesem Zusammenspiel Funktionalität entsteht. Das heißt, die Erklärungsmuster werden mathematischer, wie sie zum Beispiel durch Differentialgleichungen dargestellt werden.

In meinem Vortrag werde ich verschiedene Modellansätze in der mathematischen Molekularbiologie vorstellen. Ich möchte diskutieren, welche Arten von Modellen als nützlich empfunden werden und welche vielleicht (zum Beispiel Computersimulationen ohne analytisches Verständnis) nicht hilfreich sind. Können wir Kriterien - sowohl für die mathematische Behandlung als auch für die experimentellen Daten - erstellen, unter denen die Verknüpfung von Theorie und Praxis sinnvoll ist?

Schmidt-Glenewinkel, Hannah (2014)

Loss of growth homeostasis by genetic decoupling of cell division from biomass growth : implication for size control mechanisms

<https://kxp.k1oplus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=837877733>

Schmidt-Glenewinkel, Hannah ([S.I.],2012)

Multiparametric image analysis reveals role of Caveolin1 in endosomal progression rather than internalization of EGFR

<https://kxp.k1oplus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=837874726>

Schmidt-Glenewinkel, Hannah ([S.I.],2009)

Systems biological analysis of epidermal growth factor receptor internalization dynamics for altered receptor levels

<https://kxp.k1oplus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=837876397>

Schmidt-Glenewinkel, Hannah (2008)

An ultrasensitive sorting mechanism for EGF Receptor Endocytosis

<https://kxp.k1oplus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=837875331>