

Ryszard Rudnicki  
 Instytut Matematyczny PAN  
 Katowice

## Dynamika populacyjna

Metody matematyczne są coraz częściej używane w opisie procesów biologicznych, ale zdecydowanie najwięcej zastosowań matematyki występuje w dynamice populacyjnej. Dynamika populacyjna zajmuje się zmianami liczebności i rozkładu osobników w populacji oraz czynnikami, które powodują te zmiany. Pierwsze modele populacyjne pojawiły się w demografii, a następnie, dużo później, w ekologii. Obecnie dynamika populacyjna obejmuje swoim zasięgiem zjawiska zarówno w skali mikro jak i makro od populacji genów (lub jeszcze mniejszych jednostek takich jak biomolekuły), przez populacje bakterii, komórek (np. nowotworowych), zwierząt i ludzi, często z uwzględnieniem ich indywidualnych cech. Badania z dynamiki populacyjnej znajdują coraz szersze zastosowania w wielu działach współczesnej biologii i medycyny, między innymi w ekologii, epidemiologii, fizjologii, genetyce i onkologii. Szybki rozwój technik biologii molekularnej i genetyki powoduje pojawianie się olbrzymiej ilości danych, które wymagają matematycznej analizy i budowania odpowiednich modeli.

Różnorodność zastosowań powoduje, że w dynamice występują rozmaite typy modeli. Generalnie modele można podzielić na modele deterministyczne i modele stochastyczne. W obu grupach można wyróżnić modele generacyjne (kiedy badamy kolejne pokolenia osobników) oraz modele z czasem ciągłym, kiedy interesuje nas zmienność populacji w czasie. W opisie modeli generacyjnych występują funkcje lub bardziej skomplikowane transformacje opisujące relacje między kolejnymi pokoleniami osobników. Modele z czasem ciągłym to głównie różnego typu równania różniczkowe — zwyczajne, cząstkowe, z opóźnionym parametrem oraz procesy stochastyczne i równania stochastyczne.

Naszym celem będzie przegląd modeli i metod matematycznych dynamiki populacyjnej. Będziemy zajmować się głównie tzw. modelami modułowymi, które opisują pewne elementy oddziaływań w przyrodzie i zwykle po odpowiednich modyfikacjach wchodzi w skład modeli specyficznych procesów biologicznych. Pokażemy również, jak ogólne metody stosuje się w konkretnych zagadnieniach: dynamika erytrocytów, cykl komórkowy, skracanie telomerów, rozkład genów w genomie i ekspresja genów. Rozpocznemy od zasad modelowania matematycznego w biologii i przeglądu modeli klasycznych (w tym model Volterra–Lotki i model rozwoju epidemii Kermacka–McKendricka). Dużo miejsca poświęcimy klasycznemu modelowi McKendricka struktury wiekowej populacji, ważnemu ze względu na olbrzymią gamę zastosowań i uogólnień. Przedstawimy również perspektywy dalszego rozwoju tej dziedziny, w szczególności związane z modelami indywidualnymi.

Osoby zainteresowane pogłębieniem wiedzy o modelowaniu matematycznym

w biologii zachęcam do lektury książek Foryś [1], Murray'a [3], Thieme [4] oraz opracowania [2] i manuskryptu [5].

#### **Bibliografia**

- [1] U. Foryś, *Matematyka w biologii*, WNT, Warszawa 2005.
- [2] M. Lachowicz and J. Miękiś (eds.), *From Genetics to Mathematics*, Series in Advances in Mathematics for Applied Sciences 79, World Scientific Publications, New Jersey 2009.
- [3] J. D. Murray, *Mathematical Biology*. Volume I: *An Introduction*. Volume II: *Spatial Models and Biomedical Applications*, Springer-Verlag, New York, 2002. Polskie tłumaczenie I części: *Wprowadzenie do biomatematyki*, PWN Warszawa, 2006.
- [4] H. R. Thieme, *Mathematics in Population Biology*, Princeton University Press, Princeton and Oxford, 2003.
- [5] R. Rudnicki, *Dynamika populacyjna*, plik pdf manuskryptu udostępniany przez autora.