

Vorlesungsankündigung WS 2009/2010

JProf. Dr. Matthias Birkner

Stochastische Modelle der Populationsbiologie

4-stündige Vorlesung (Ergänzungsmodul Stochastik, 6 Leistungspunkte)

Zeit: **Mo + Do 10–12**, Raum: **05-136**

Beschreibung: Die Veranstaltung behandelt klassische und neuere stochastische Modelle, die zur Untersuchung populationsbiologischer Fragestellungen von Bedeutung sind: Typischerweise zeigen reale Populationen genetische (und phänotypische) Variabilität. Mathematische Modelle können helfen, diese Variabilität zu verstehen und aus den Beobachtungen in einer Stichprobe Rückschlüsse auf zugrundeliegende biologische Mechanismen, wie genetische „Drift“, Selektion, Mutation, Rekombination, räumliche Strukturierung, zu ziehen. Ein zentrales Thema wird dabei das Zusammenspiel zwischen der „Vorwärts“-Zeitentwicklung der Population und der „Rückwärts“-Sicht der Genealogien von Stichproben sein. Parallel zur „biologischen“ Intuition werden wir avanciertere stochastische Werkzeuge zur Modellierung kennenlernen, beispielsweise Diffusionsprozesse, stabile Prozesse, maßwertige Prozesse.

Die Vorlesung wendet sich an Studierende (Mathematik-Master oder Diplom) mit fortgeschrittenen Kenntnissen in Stochastik und Interesse an Anwendungen stochastischer Modelle auf populationsbiologische Fragestellungen.

Literaturhinweise

- M. Birkner, *Stochastic models from population biology*, Vorlesungsskript, <http://joguinf.mathematik.uni-mainz.de/~birkner/smpb.pdf>
- R. Durrett, *Probability Models for DNA Sequence Evolution*, 2nd Ed., Springer, 2008.
- S. Ethier, T. Kurtz, *Markov processes: characterization and convergence*, Wiley, 1996.
- W. Ewens, *Mathematical population genetics*, 2nd ed., Springer, 2004.
- J. Wakeley, *Coalescent Theory: An Introduction*, Roberts & Company, 2008.