

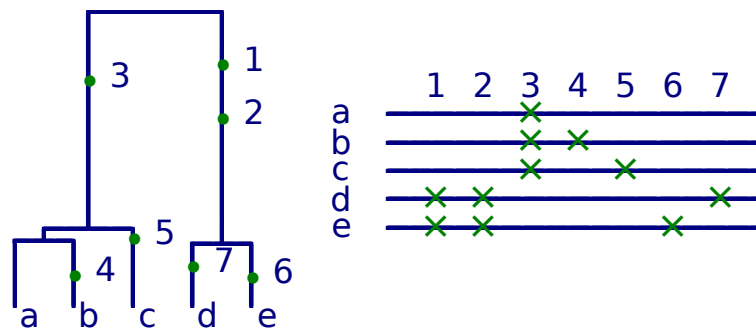
Prof. Dr. Matthias Birkner
Institut für Mathematik, Johannes Gutenberg-Universität Mainz
birkner@mathematik.uni-mainz.de

Stochastische Modelle der Populationsbiologie

Vorlesung im WS 2015/16

Zeit* und Ort: Mi 12–14h (Raum 05-426), Fr 12–14h (Raum 05-136)

Typischerweise zeigen reale Populationen genetische (und phänotypische) Variabilität. Stochastische Modelle helfen, diese Variabilität zu verstehen und die zugrundeliegenden evolutionären „Kräfte“, wie genetische Drift, Selektion, Mutation, Rekombination und räumliche Strukturierung, zu quantifizieren. Sie bilden damit die Grundlage für Rückschlüsse auf – häufig nicht direkt beobachtbare – biologische Mechanismen anhand beobachteter genetischer Variabilität in einer Stichprobe. Ein zentrales Thema ist dabei das Zusammenspiel zwischen der Vorwärts-Zeitentwicklung der Population und der Rückwärts-Sicht auf die Genealogien von Stichproben.



Ein genealogischer Baum mit Mutationen und zugehöriges an den Blättern beobachtetes Mutationsmuster. Beispiel: Mutation 3 ist in den Stichproben a, b und c sichtbar

Exemplarisch einige „technische“ Themenstichworte: (Kingman-)Koaleszent, Wright-Fisher-Modell und -Diffusion, Ewens'sche Stichproben-Formel, ancestraler Selektionsgraph, Stepping-Stone-Modell, Verzweigungsprozesse, interagierende Teilchensysteme

Voraussetzungen: Stochastik-Kenntnisse[†] und Interesse an populationsbiologischen Anwendungen

Literaturhinweise:

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

* Der Termin kann ggfs. einvernehmlich verlegt werden.

[†] Die Phänomene lassen sich prinzipiell gut mit dem Begriffsapparat aus der Vorlesung „Einführung in die Stochastik“ verstehen. Die Vorlesung wird gelegentlich avancierte stochastische Werkzeuge (etwa Diffusionsprozesse, stochastische Differentialgleichungen) verwenden, diese aber anhand diskreter Approximationen und „biologischer“ Intuition heuristisch motivieren und ggfs. z.T. entwickeln; sie kann bei entsprechender Motivation auch als Einladung aufgefasst werden, sich mit solchen Begriffen zu befassen. William Feller schreibt im Vorwort zum 2. Band seines Klassikers *An introduction to probability theory and its applications* (in ähnlicher Sache): “[...] the level of difficulty cannot be measured objectively; it depends on the type of information one seeks and the details one is prepared to skip. The traveler often has the choice between climbing a peak or using a cable car.”