

# Stochastische Modelle aus der Populationsbiologie

Dr. Matthias Birkner

Weierstraß-Institut für Angewandte Analysis und Stochastik

`birkner@wias-berlin.de`

Vorlesung: 2 Std., Übungen und Ergänzungen: 1 Std.

Dienstags 10-13h, Raum MA645.

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.

In den Ergänzungen wollen wir unter anderem die in der Vorlesung entwickelten Konzepte auf Beispiele aus der biologischen Literatur anwenden.

Literatur:

S. Tavaré, Ancestral inference in population genetics, *Lecture Notes in Math.* **1837**, Springer, 2004.

W. Ewens, *Mathematical population genetics*, 2nd ed., Springer, 2004.

A. Etheridge, *An introduction to superprocesses*, AMS, 2000.

S. Ethier, T. Kurtz, *Markov processes: characterization and convergence*, Wiley, 1996.

J. Gillespie, *Population Genetics: A Concise Guide*, Johns Hopkins University Press, 1998.

Skript Stochastische Modelle aus der Populationsbiologie, SS 2005:

<http://www.wias-berlin.de/people/birkner/smpb-30.6.05.pdf>

Voraussetzungen: Stochastik-Kenntnisse (etwa im Umfang der Wahrscheinlichkeitstheorie 2), Interesse an der Anwendung wahrscheinlichkeitstheoretischer Modelle auf populationsbiologische Probleme.

# Stochastic models from population biology

Dr. Matthias Birkner

Weierstraß-Institut für Angewandte Analysis und Stochastik

`birkner@wias-berlin.de`

Lecture: 2 h, Tutorial: 1 h

Tuesdays, 10-13h, Raum MA 645

This lecture treats classical and recent stochastic models which are relevant for population biological questions. Typically, natural populations harbour genetic (as well as phenotypic) variability. Mathematical models can help to understand this variability and allow to draw inference about underlying mechanisms, like genetic “drift”, selection, mutation, recombination, spatial substructure. A central subject will be the interplay of the “forwards in time” evolution of a population and the “backwards in time” view of genealogies of a sample. In parallel with the biological intuition we will consider more advanced stochastic tools, such as diffusions, stable processes, measure valued processes, etc.

In the tutorial, we will also look at applications of these models from the biological literature.

References:

- S. Tavaré, Ancestral inference in population genetics, *Lecture Notes in Math.* **1837**, Springer, 2004.
- W. Ewens, *Mathematical population genetics*, 2nd ed., Springer, 2004.
- A. Etheridge, *An introduction to superprocesses*, AMS, 2000.
- S. Ethier, T. Kurtz, *Markov processes: characterization and convergence*, Wiley, 1996.
- J. Gillespie, *Population Genetics: A Concise Guide*, Johns Hopkins University Press, 1998.

Skript Stochastische Modelle aus der Populationsbiologie, SS 2005:

<http://www.wias-berlin.de/people/birkner/smpb-30.6.05.pdf>

Prerequisites: Probability theory (e.g. BMS Basic Course Stochastic processes 1), interest in the application of stochastic models to population biological problems.