

Stochastische Modelle der Evolutionsbiologie

Matthias Birkner

<https://www.staff.uni-mainz.de/birkner/>

und

Jochen Blath, GU Frankfurt

https://www.uni-frankfurt.de/117025373/Prof_Dr_Jochen_Blath



RMU-(Haupt-)Seminar, SS 2026

Stochastische Modelle helfen, die (genetische und phänotypische) Variabilität von Populationen zu verstehen und die zugrundeliegenden evolutionären „Kräfte“, wie

- ▶ Selektion
- ▶ Mutation
- ▶ genetische Drift
- ▶ Rekombination
- ▶ räumliche Strukturierung

zu quantifizieren.

Beispiel: ein Populationsmodell

Individuen sind charakterisiert durch ein $x \in \mathcal{X} \subset \mathbb{R}^d$
(Typ oder "trait", z.B. Größe, Gewicht, Nahrungspräferenzen, ...).

Ein x -Individuum (das in einer Population der derzeitigen Größe N lebt)

- ▶ vermehrt sich (asexuell) mit Rate $\lambda(x)$,
das Kind hat mit
 - ▶ W'keit $1 - p(x)$: ebenfalls Typ x
 - ▶ W'keit $p(x)$: Typ $x + Z$, wobei Z Zufallsvariable

- ▶ stirbt mit Rate $\mu(x) + \frac{1}{K} \sum_i \alpha(x, y_i)$

wobei $y_1, y_2, \dots, y_{N-1}$ die Typen der anderen Individuen bezeichnen

Interpretation:

$\alpha(x, y) \hat{=}$ Intensität der Konkurrenz zwischen einem
 x -Individuum und einem y -Individuum

$K \hat{=}$ „Größe des Habitats“

Beispiel: ein Populationsmodell

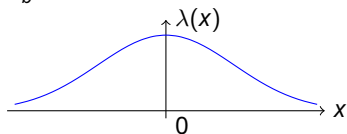
Parameter:

- ▶ Typenmenge $\mathcal{X} = [-2, 2]$

- ▶ Geburtsrate(nfunktion)

$$\lambda(x) = \exp(-x^2/2\sigma_b^2),$$

$$\sigma_b = 0.9$$



- ▶ Mutationsw'keit

$$p(x) \equiv p = 0.1,$$

$$\text{Mutationsschritt } Z \sim \mathcal{N}_{0,0.01}$$

- ▶ Todesrate(nfunktion)

$$\mu(x) + \frac{1}{K} \sum_i \alpha(x, y_i)$$

$$\text{mit } \mu(x) \equiv 0,$$

$$\alpha(x, y) = \exp(-(x - y)^2/2\sigma_\alpha^2),$$

$$\sigma_\alpha = 0.7,$$

$$K = 1000$$

Beispiel: ein Populationsmodell

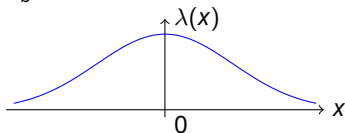
Parameter:

► Typenmenge $\mathcal{X} = [-2, 2]$

► Geburtsrate(nfunktion)

$$\lambda(x) = \exp(-x^2/2\sigma_b^2),$$

$$\sigma_b = 0.9$$



► Mutationsw'keit

$$p(x) \equiv p = 0.1,$$

$$\text{Mutationsschritt } Z \sim \mathcal{N}_{0,0.01}$$

► Todesrate(nfunktion)

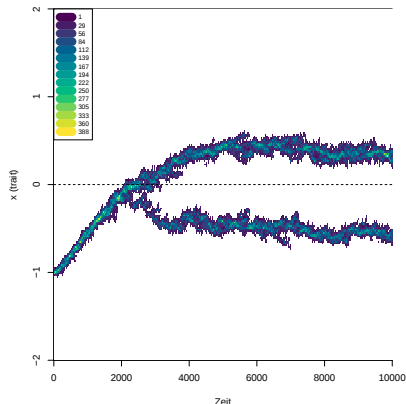
$$\mu(x) + \frac{1}{K} \sum_i \alpha(x, y_i)$$

$$\text{mit } \mu(x) \equiv 0,$$

$$\alpha(x, y) = \exp(-(x - y)^2/2\sigma_\alpha^2),$$

$$\sigma_\alpha = 0.7,$$

$$K = 1000$$



Aus N. Champagnat, S. Méléard, Polymorphic evolution sequence and evolutionary branching, Probab. Theory Relat. Fields 151(2):45–94, (2011)

Voraussetzungen

- ▶ Fortgeschrittene Kenntnisse in Stochastik:
Stochastik I,
idealerweise Vertiefung in Stochastik
- ▶ Interesse an Anwendungen in Evolutionsbiologie

Voraussetzungen

- ▶ Fortgeschrittene Kenntnisse in Stochastik:
Stochastik I,
idealerweise Vertiefung in Stochastik
- ▶ Interesse an Anwendungen in Evolutionsbiologie

Termin

Es wird Sitzungen in Frankfurt und in Mainz geben
(voraussichtlich mehrere Blöcke, jeweils an Freitagnachmittagen).
(genaue Termine verhandelbar)

Quelle(n)

- ▶ Artikel aus der Fachliteratur
- ▶ Alison Etheridge, *Some mathematical models from population genetics*, École d'Été de Probabilités de Saint-Flour XXXIX, Springer, 2011
- ▶ Rick Durrett, *Probability Models for DNA Sequence Evolution*, 2nd ed., Springer, 2008

Quelle(n)

- ▶ Artikel aus der Fachliteratur
- ▶ Alison Etheridge, *Some mathematical models from population genetics*, École d'Été de Probabilités de Saint-Flour XXXIX, Springer, 2011
- ▶ Rick Durrett, *Probability Models for DNA Sequence Evolution*, 2nd ed., Springer, 2008

Vorbesprechung und Themenvergabe

Fr., 27.2.2026, 14h

(ggfs. hybrid möglich)