

Funkcjonowanie żywych organizmów jest wynikiem wielu złożonych procesów biochemicznych zachodzących w komórkach. Jednym z nich jest ekspresja i regulacja genów czyli produkcja różnych typów białek na podstawie kodu genetycznego zawartego w DNA. Czynniki białka oddziałują ze sobą, aktywują lub ograniczają się wzajemnie. Biorąc w ten sposób udział w procesie przekazywania informacji, która służy komórkom do przystosowywania się do zmiennych warunków otoczenia, do dokonywania różnych decyzji, na przykład w obliczu zagrożenia wirusami przenoszonymi chorobami. Biologia ewolucyjna, ekologia i nauki społeczne badają układy oddziałujących osobników, zmiany w czasie czy stopniowe występowanie różnych zachowań, tak zwanych fenotypów, ich zanikanie, powstawanie i współwystępowanie. W szczególności, na poziomie ewolucyjnym bardzo przydatna w opisie jest teoria gier ewolucyjnych, gdzie wypłaty graczy ujmującej poszczególne strategie (zachowania, fenotypy) interpretowane są jako liczba potomków dziedziczących te strategie. W obu przypadkach, w biologii molekularnej w skali mikro i ewolucyjnej w skali makro, mamy do czynienia z układami wielu oddziałujących obiektów/osobników.

Zachowanie powyższych układów, ich ewolucja czasowa oraz własności stanów stacjonarnych, problemy i pytania stawiane w ramach nauk biologicznych, są dla nas inspiracją i motywacją do konstruowania odpowiednich modeli uproszczonych, których analiza wymaga rozwinięcia nowych teorii i metod matematycznych. Wyniki matematyczne i ich interpretacja pozwolą nam odpowiedzieć na pytania biologiczne.

Zazwyczaj ewolucję czasową układów biologicznych modelowano przy pomocy deterministycznych równań różniczkowych opisujących przebieg zmian koncentracji substratów i produktów w reakcjach biochemicznych lub stopniowe występowanie poszczególnych fenotypów w modelach gier ewolucyjnych procesów ewolucyjnych, ekologicznych czy też społecznych. Jednakże, w wielu komórkach, liczba czynników białek i innych substancji może być bardzo, równie jak populacje oddziałujących osobników w grach ewolucyjnych są skończone. Małe układy podlegają zauważalnym fluktuacjom stochastycznym. Do ich opisu musimy użyć metody rachunku prawdopodobieństwa.

Dodatkowo, zazwyczaj zakłada się, że reakcje zachodzą błyskawicznie, a ich efekty są natychmiastowe. W rzeczywistości wszelkie procesy biochemiczne są rozciągane w czasie, a produkty reakcji pojawiają się po pewnym czasie od chwili jej rozpoczęcia. Podobnie w modelach ekologicznych, rezultaty oddziaływań pomiędzy osobnikami pojawiają się w przyszłości. W modelach społecznych, ludzie podejmują decyzje na podstawie informacji o zdarzeniach, które zaszły w przeszłości.

W naszym projekcie zbadamy wpływ opóźnień czasowych i zaburzeń stochastycznych na zachowanie skończonych układów biologicznych, w szczególności na powstawanie i stabilność zachowań cyklicznych oraz na charakter stanów stacjonarnych. Będziemy rozwijać metody przybliżone związane z różnymi skalami czasowymi odpowiednich procesów biologicznych. Z matematycznego punktu widzenia rozwiniemy teorię zaburzeń procesów stochastycznych i stacjonarnych rozkładów prawdopodobieństwa zmiennych losowych.

Uzyskane w projekcie wzory i matematyczne opisy zachowań mogą być bardzo użyteczne w biologii obliczeniowej do zrozumienia zależności pomiędzy różnymi biochemicznymi procesami, do kalibrowania różnych parametrów reakcji oraz przy pisaniu czasochłonnych symulacji komputerowych. W biologii ewolucyjnej wyniki nasze pozwolą na zrozumienie zależności wymierania pewnych fenotypów od rodzajów losowych zaburzeń i opóźnień czasowych.