

Modele matematyczne są coraz częściej używane w opisie procesów biologicznych. Obejmują one swoim zasięgiem zjawiska zarówno w skali mikro jak i makro od populacji genów (lub jeszcze mniejszych jednostek takich jak biomolekuły), przez populacje bakterii, komórek (np. nowotworowych), zwierząt i ludzi, często z uwzględnieniem ich indywidualnych cech. Modele matematyczne znajdują coraz szersze zastosowania w wielu działach współczesnej biologii i medycyny, między innymi w ekologii, epidemiologii, fizjologii, genetyce i onkologii. Szybki rozwój technik biologii molekularnej i genetyki powoduje pojawianie się olbrzymiej ilości danych, które wymagają matematycznej analizy. Naszym celem jest budowanie nowych modeli matematycznych opisujących zjawiska biologiczne i tworzenie narzędzi matematycznych przydatnych w ich badaniu.

W ramach przedstawionego projektu mamy zamiar budować i badać modele biologii molekularnej i dynamiki populacyjnej. Funkcjonowanie żywych komórek zależy od różnorodnych procesów życiowych na poziomie molekularnym takich jak metabolizm i reprodukcja, synteza makromolekuł, regulacja aktywności genów, różnicowanie komórek, komunikacja międzykomórkowa, jak również mutacje, selekcja i ewolucja. Natura interakcji i procesów molekularnych wymusza potrzebę modelowania dynamiki molekularnej za pomocą procesów o charakterze zarówno ciągłym jak i dyskretnym z efektami stochastycznymi. Tego typu dynamikę opisujemy i badamy za pomocą stochastycznych układów hybrydowych, które w szczególności wykorzystywane są do opisu przemieszczania osobników, cyklu komórkowego, sieci biochemicznych, ekspresji genów, struktury fizjologicznej populacji czy aktywności neuronów.

W dynamice populacyjnej często rozważamy populacje niejednorodne i istotnym zagadnieniem jest zbadanie zmienności rozkładu osobników w zależności od ich ważnych cech, takich jak wiek, wielkość, dojrzałość, położenie w przestrzeni oraz relacje między osobnikami o różnych cechach. Takie modele nazywamy strukturalnymi i opisują one ewolucję w czasie rozkładu populacji względem ustalonych parametrów. Ten typ modeli reprezentowany jest przez równania różniczkowe i opisują one rozkłady osobników w populacji ze względu na wiek lub fenotyp, ale również procesy fragmentacji i koagulacji, wzrostu nowotworów i ewolucję genomu.

Znaczenie zagadnień podejmowanych w projekcie związane jest z ich interdyscyplinarnym charakterem, daleko wykraczającym poza badania ściśle matematyczne. Mamy nadzieję, że matematyczna analiza pomoże lepiej zrozumieć mechanizmy rozważanych procesów biologicznych. Najważniejszym celem naszych badań jest znalezienie rezultatów matematycznych, które mają zrozumiałą interpretację biologiczną i dostarczają cennej informacji dla biologów. Na przykład, istnienie stanów stacjonarnych w modelu i jego globalna asymptotyczna stabilność jest taką własnością, ponieważ możemy oczekiwać, że realny proces powinien przebiegać blisko stanu stacjonarnego, a wtedy można łatwiej wyznaczyć jego biologiczne parametry. Chcemy podać ogólne twierdzenia matematyczne, które można wprost zastosować do badanych problemów. Jednocześnie badanie modeli biologicznych wpływa inspirująco na rozwój nowych metod matematycznych.