

Procesy transportu w biologii matematycznej

Głównym celem projektu jest analiza matematyczna równań różniczkowych cząstkowych motywowanych różnymi badaniami biologicznymi. Wyróżnić można dwie podstawowe gałęzie tej dziedziny. Z jednej strony, obszerna literatura opisuje zastosowania równań parabolicznych. Z drugiej, wiele modeli formułuje się za pomocą równań transportu, czyli równań typu hiperbolicznego.

Zagadnienia, którymi będziemy się zajmować w obecnym projekcie będą głównie dotyczyć głównie równań hiperbolicznych, jednak będziemy również mieli do czynienia z pewnymi parabolicznymi (lub hiperboliczno-parabolicznymi) problemami. W szczególności zajmiemy się matematycznymi modelami populacji ze strukturą, zachowań zbiorowych oraz wzrostu tkanek. Modele te budzą znaczące zainteresowanie w dziedzinie biologii matematycznej, mają však zastosowania w badaniu wzrostu i podziału komórkowego, polimeryzacji, czy wysycenia komórkowego

Narzędzia matematyczne, które będziemy stosować i rozwijać, należą do najnowocześniejszych technik analizy matematycznej. Istotnie, rozważane w projekcie zagadnienia biologii matematycznej mogą znacznie skorzystać na zastosowaniu technik rozwiniętych na potrzeby dziedziny fizyki matematycznej, gdzie izolowany układ może być opisany jako układ praw zachowania. Wiele narzędzi, stosowanych z powodzeniem w badaniach nad prawami zachowania mechaniki ośrodka ciągłego, znajduje zastosowanie w badaniach nad powiązаныmi prawami bilansu biologii matematycznej. Jako przykład można wspomnieć o klasycznej metodzie relatywnych entropii Dafermosa, która przed piętnastoma laty została przystosowana przez Perthame'a i współpracowników do badania układów biologii matematycznej. Naszym zamiarem jest dalsze rozwijanie tej metody, w szczególności dostosowanie jej do badania rozwiązań miarowych modeli populacji ze strukturą oraz modeli zachowań zbiorowych.

Wśród innych celów projektu znajdują się badania nad istnieniem, regularnością oraz jednoznacznością rozwiązań równań reakcji-dyfuzji, modelujących wzrost tkanek, badania nad asymptotyką czasową rozwiązań miarowych oraz analizę perturbacji modeli ze strukturą.

Efekty obecnego projektu powinny być dwojakie. Z jednej strony spodziewamy się wnieść wkład w dziedzinę biologii matematycznej poprzez szczegółowe badania nad ważnymi zagadnieniami (istnienie, jednoznaczność, regularność, zbieżność metod numerycznych) dla modeli wzrostu tkanek, które znajdują zastosowania w modelowaniu rozwoju różnych odmian raka. Ponadto, studia nad asymptotyką czasową dla modeli populacji ze strukturą stanowią jedno z klasycznych zagadnień biologii matematycznej. Rosnące w kontekście tych modeli zainteresowanie rozwiązaniami miarowymi rodzi potrzebę rozszerzenia tych studiów na przypadek równań w przestrzeni miar. Z drugiej strony, osiągnięcie wspomnianych celów będzie wymagało zarówno udoskonalenia istniejących, jak i rozwijania nowych technik matematycznych, które mogą stanowić wartościowy wkład naukowy. Dodatkowo, spodziewamy się że nasze badania nad perturbacjami modeli populacji ze strukturą znajdą niebanalne zastosowanie w teorii sterowania oraz w analizie numerycznej.

Mając to wszystko na uwadze, oczekujemy że niniejszy projekt będzie miał wpływ na wiele dziedzin, od matematyki stosowanej, poprzez medycynę, po przemysł kosmetyczny i spożywczy.