

### **3. europejska konferencja na temat zastosowań matematyki w biologii i medycynie (Heidelberg, 6–10 X 1996 r.)**

Tak jak w przypadku wszystkich dużych konferencji, a ta zgromadziła około 400 uczestników, nie sposób powiedzieć o wszystkim, co się w jej trakcie działo. Jedna osoba po prostu nie może odwiedzić wszystkich toczących się równolegle sesji. Próba takiego ogólnego podsumowania nie byłaby zresztą interesująca. Chcę natomiast skorzystać z okazji i napisać o paru spostrzeżeniach, które w związku z konferencją przyszły mi do głowy w mglistym tej jesieni Heidelbergu. Otóż była to konferencja zorganizowana przez działające od kilku lat Europejskie Towarzystwo Matematyki Stosowanej w Biologii i Medycynie. Było to też największe zgromadzenie matematyków, jakie widziałem. Wielu z nich przyjechało tam, aby znaleźć tematy do dalszych prac, część szukała po prostu pracy. Można więc tę

konferencję potraktować jak swego rodzaju rynek, na którym oferuje się matematykom do rozpracowania to, co w biologii i medycynie obecnie najważniejsze oraz widzi się jednocześnie, jakie tematy znajdują się aktualnie na warsztacie europejskich i amerykańskich matematyków.

Konferencja pokryła bardzo wiele działów biologii. Były w Heidelbergu sesje dotyczące modelowania w biologii molekularnej, molekularnej biochemii, ewolucji i modelowania w genetyce, modelowania procesów metabolicznych, modelowania procesów na poziomie komórki, morfogenezy i powstawania struktur, epidemiologii i immunologii, neurobiologii, fizjologii, patologicznego wzrostu tkanki i nowotworów, modelowania w medycynie, dynamiki populacji i na koniec ekologii.

Ocena referatów prezentowanych na tak dużej konferencji jest do pewnego stopnia sprawą subiektywnych przekonań. Jednak gdy większość uczestników konferencji przejawia podobne upodobania, rzecz jest warta zastanowienia. Jakie więc wystąpienia przyciągały największą liczbę słuchaczy? Sala wypełniona była po brzegi na wykładzie P. Schustera o dynamice i modelowaniu ewolucji molekularnej. Podobnie pękała w szwach zabytkowa aula rektoratu Uniwersytetu w Heidelbergu, gdy L. Wolpert mówił o dwóch głównych nurtach w modelowaniu i teorii morfogenezy: informacji pozycyjnej i samorzutnym powstawaniu struktur przestrzennych w wyniku mechanizmu reakcja–dyfuzja. Bardzo wielu uczestników wysłuchało pasjonującego wykładu K. Schultena o modelowaniu (przy użyciu nowoczesnych superkomputerów) cząstek organicznych złożonych z 50 000 atomów. Tak samo było, gdy G. Oster (nazwisko znane wielu ekologom) mówił o najmniejszym silniku świata, czyli przedstawił niemal molekularny mechanizm działania i oczywiście odpowiedni model matematyczny wyjaśniający, w jaki sposób bakteria *Escherichia coli* macha swoimi wiciami, co jak wiadomo umożliwia jej szczególny sposób poruszania. Sala wykładowa była wypełniona także podczas wykładu J. Sheratta, który mówił o matematycznym modelu dynamiki procesu nowotworowego. Gwoździem programu było wystąpienie M. Nowaka z jego ekologiczno-ewolucyjnym wyjaśnieniem dynamiki wirusa HIV w ciele zakażonego pacjenta. Konferencję zakończył tłumnie wysłuchany wykład J. Murraya, jednego z ojców współczesnej matematyki stosowanej w biologii i medycynie, na temat wczesnych stadiów powstawania układu krwionośnego w trakcie ontogenezy.

Bez cienia wątpliwości można więc stwierdzić, że największe nazwiska przyciągały tematy dotyczące zjawisk biologicznych w skali mikro. Z wystąpień tych bardzo dobrych autorów widać było, że nie tylko znane są bardzo szczegółowe modele matematyczne tych zjawisk, ale także ich strona biologiczna poznana jest wystarczająco dokładnie. Jak już pisałem, także te tematy cieszyły się największą popularnością wśród słuchaczy. Dodatkowo zaskoczyło mnie to, że część autorów, omawiając zjawiska w skali bardzo odległej od tej, do której przywykliśmy w ekologii, używa terminów ekologicznych oraz nie sprzeniewierza się bardzo ważnej zasadzie, aby nie zapominać o teorii ewolucji, a przynajmniej nie wygłaszać sądów będących z nią w sprzeczności.

Jak na tym tle wyglądały sesje poświęcone wyższym poziomom organizacji biologicznej – dynamice populacji, ekologii i ewolucji? Krótko można powiedzieć, że marnie. Dla matematyków w dalszym ciągu dobrym opisem dynamiki układu ekologicznego jest równanie logistyczne i model Lotki–Volterra. Zupełnie nie zastanawiają się nad założeniami

ukrytymi pod tymi modelami, wyobrażają sobie, że istnieje jeden wzorcowy matematyczny model dynamiki układu ekologicznego. Mało tego, większość wystąpień w sekcji o dynamice populacji i ekologii przypominało rozwiązywanie zadań z matematyki, nawiasem mówiąc niezbyt pasjonujących, bo dotyczących stosunkowo prostych układów równań różniczkowych, natomiast biologiczna treść, jaka się pod nimi kryła, była zupełnie bez znaczenia – autorom wystarczyły bardzo odległe analogie ekologiczne. Szczytowym osiągnięciem było wystąpienie uczonego z jednego z naszych krajów ościennych, który do prawych stron klasycznego modelu opisującego układ drapieżca–ofiara dopisał człony przypominające rozwiązanie jednego z zagadnień teorii optymalnego żerowania, twierdząc, że w ten sposób uzyskuje przejście od cech osobników do opisu dynamiki całej populacji. Szczególnie oczywiście ucieszyło go to, że zabieg ten ustabilizował rozwiązania układu równań różniczkowych. W innym z kolei wykładzie obejrzelśmy bardzo dokładne obrazy rozprzestrzeniania się jednego z introdukowanych do Ameryki gatunków ptaków, a później zostaliśmy uraczeni wykładem o ruchu Browna w dwuwymiarowej przestrzeni. Do dzisiaj nie wiem, co te dwie rzeczy mają wspólnego.

W sesji dotyczącej ewolucji wysłuchaliśmy jednego bardzo porządnego wykładu o ewolucji zdolności uczenia się u zwierząt wygłoszonego przez D. Cohena. Poza tym nie podejmuję się streścić tego, co matematycy rozumieją pod terminem ewolucja, choć jak rodzynki w cieście pojawiały się bardzo zaawansowane matematycznie referaty z genetyki populacyjnej.

Podsumowując – referaty ekologiczne były nudne, jednostronne i dekadentkie. Jak często bowiem jednego dnia można oglądać ten sam układ Lotki–Volterry przerobiony w zupełnie niespodziewany sposób? Staje się to w końcu nie do zniesienia i człowiek ucieka na inną sesję, aby usłyszeć coś konkretnego, sprawiającego wrażenie „twardej” nauki, choćby to był nawet tak smutny temat, jak dynamika procesu nowotworowego.

Myślę, że taki stan ekologii, w jakim pokazała mi się w Heidelbergu, świadczy o kryzysie tej nauki. Z prekursorki metod matematycznych w biologii na początku tego wieku, jednej z najbardziej zmatematyzowanych gałęzi biologii, jaką była po wojnie, stała się nagle dziedziną skostniałą, nieatrakcyjną i omijaną przez wybitnych matematyków. To co się najbardziej rzuca w oczy, to ogromna przepaść między danymi empirycznymi a założeniami najczęściej w ekologii używanych modeli matematycznych. Skażona grzechem „macarthuryzmu” znalazła się na marginesie tego, co ciekawe w nauce. Nie wiem, kto jest temu winny, nie wiem także, jak temu zaradzić.

Cóż więcej, oprócz tych smutnych wniosków, pozostało mi w pamięci z tej konferencji? Jesienny, spowity nostalgicznymi mgłami Heidelberg. Miasto szlachetne swoją 800-letnią historią, które poznawałem w czasie wieczornych spacerów. No i jeszcze piękna Pani Burmistrz goszcząca uczestników konferencji jednego z ostatnich wieczorów.

**Janusz Uchmański**