

Stochastischer Simulationsalgorithmus (SSA, Gillespie 1976)

- (1) Setze $t=0$, $X(t) = X_0$ (vorgegebener Startwert)
- (2) Bestimme durch Ziehen einer Zufallszahl die Zeit τ , die bis zur nächsten Reaktion vergeht.
- (3) Bestimme durch Ziehen einer Zufallszahl die Nummer j des Reaktionskanals.
- (4) Aktualisiere: $X(t+\tau) = X(t) + \nu_j$, $t \rightarrow t + \tau$
(ν_j stochiometrischer Vektor)
- (5) Falls $t < t_{end}$: gehe zurück nach (2)

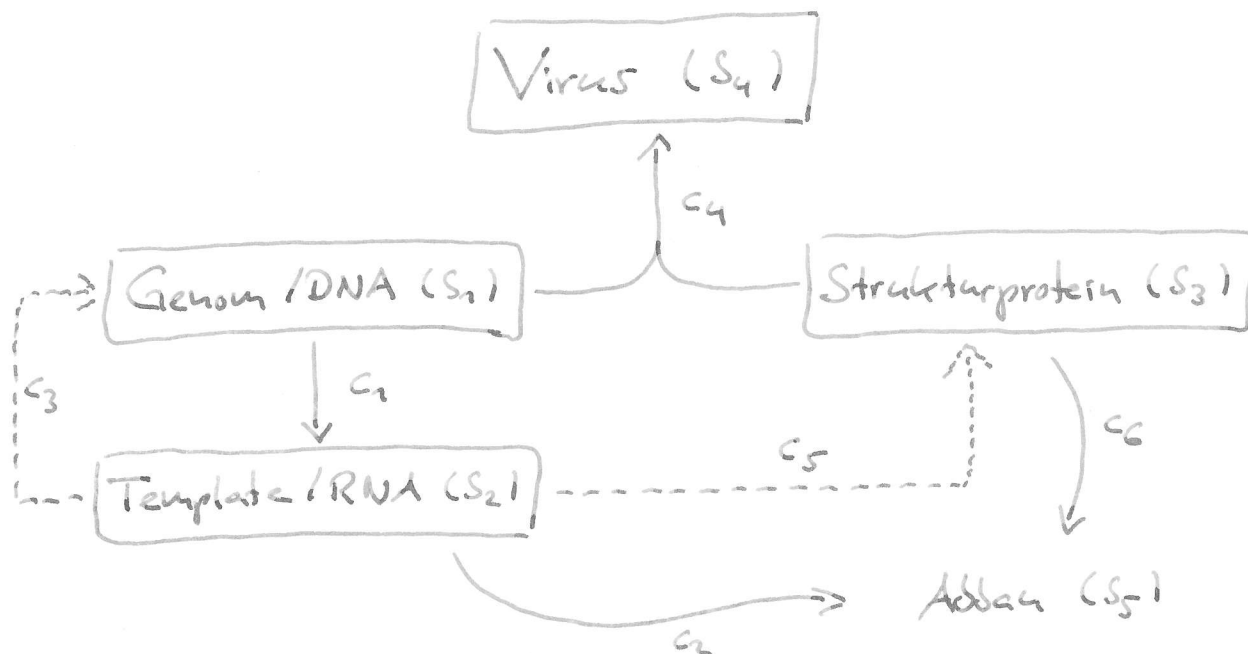
Bemerkung: τ und j werden so bestimmt, dass die entsprechenden Wahrscheinlichkeiten in Einklang mit (*) sind.

Details: Siehe Gillespie ~~1976~~, "A General Method...", J. Comp. Phys. 22, 403-434, 1976.

S.2 Beispiel: Bakteriophage T7

Bakteriophagen sind Viren, die Bakterien befallen

Modellierung nach Saustava et al, "Stochastic vs. Deterministic Modeling of Intracellular Viral Kinetics", J theor. Biol. (2002), 218, 303-327.



Reaktionssystem



Die entsprechende ODE des deterministischen Modells wurde in der Hausübung H12 hergeleitet. (Vorsicht: Andere Nummerierung)

Hier gilt $\alpha_j(y) = \beta_j(y)$ für alle $j \in \{1, \dots, 6\}$.

Numerische Experimente und Vergleich zwischen dem stochastischen und dem deterministischen Modell: Siehe Folien.

Vorteile des stochastischen Modells:

- Berücksichtigt, dass die Teilchenzahlen der Populationen natürliche (nicht reelle) Zahlen sind.
- Berücksichtigt, dass das Verhalten des Systems vom Zufall abhängt.
- Liefert eine detailliertere Beschreibung:
Die Lösung eines Klups beschreibt die Größe der einzelnen Populationen zu einer Zeit t durch je eine Zahl. Das stochastische Modell ordnet jeder möglichen Populationsgröße eine Wahrscheinlichkeit zu.