
Einladung zum
WIENER PHYSIKALISCHEN KOLLOQUIUM
www.univie.ac.at/wpk

Evolutionäre Optimierung auf Molekularer Ebene

Peter SCHUSTER

Institut für Theoretische Chemie, Universität Wien

Obwohl das Wissen über die molekularen Grundlagen der mit dem Leben verbundenen Vorgänge in den letzten Jahrzehnten ungeheuer zugenommen hat, sind eine ganze Reihe von biologischen Phänomenen noch immer nicht quantitativ erfaßbar. Zu diesen gehören unter anderem die molekularen Details der Evolution zellulären Lebens. Die Schwierigkeiten einer umfassenden Theorie der evolutionären Optimierung bestehen dabei nicht im Mechanismus – dieser ist durch das Darwinsche Prinzip des Zusammenspiels von Mutation, Rekombination und Selektion hinreichend gut verstanden – sondern in der Komplexität der Beziehung zwischen der genetischen Information und dem durch das genetische Programm aus ihr erzeugten Organismus. Selbst bei Bakterien und Viren gibt es zur Zeit noch keine umfassende Vorstellung, welche Konsequenzen die einzelnen Mutationen für das Überleben ihrer Träger haben.

Im Vortrag wird ein einfaches System vorgestellt, die Evolution von Ribonukleinsäure- oder RNA-Molekülen, für welches die angesprochene Relation zwischen genetischer Information einerseits und molekularer Struktur sowie Funktion andererseits mathematisch analysiert, durch Computeralgorithmen simuliert und experimentell untersucht werden kann. Als Struktur wird dabei vorerst die Konformation minimaler freier Energie verwendet. Die genannte Beziehung wird als eine Abbildung aus einem Raum der RNA-Sequenzen oder Genotypen auf einen Raum der RNA-Strukturen dargestellt und analysiert. Evolutionäre Optimierung in molekularen Ensembles, in der Genetik als Populationen bezeichnet, kann im Computereperiment simuliert werden. Ein wesentliches Merkmal der Optimierung ist ihr „diskontinuierlicher“, das heißt stufenförmiger Verlauf. Die Analyse von Veränderungen der Populationsstruktur liefert eine einfache Erklärung: Die Optimierung kommt in lokal besten Lösungen zum Stillstand und die Population driftet anschließend auf einer Mannigfaltigkeit gleich guter Lösungen bis sie in einem anderen Teil des Sequenzraumes lokal noch bessere Lösungen findet und weiter optimiert. Eine Erweiterung des Strukturbegriffes auf Zustandssummen und kinetisch kontrollierte Strukturen anstelle von Grundzuständen ermöglicht die Analyse und Vorhersage von Molekülen mit zwei- und mehrfachen Strukturen, welche als sogenannte RNA-Schalter in der genetischen und metabolischen Regulation eine wichtige Rolle spielen.

Montag, 28. November 2005

17:30 Uhr (ab 17:00 Uhr Kaffee)

Technische Universität Wien, Freihaus, Wiedner Hauptstr. 8-10,
A-1040 Wien, Hörsaal 6 (Turm A, grüner Bereich, 2. Stock)

Universität Wien

ÖPG

TU Wien

Unterstützt vom Kulturamt der Stadt Wien