

Wie schnell evolvieren regulatorische Bereiche der DNA?

Das menschliche Genom besteht neben (Protein- und RNA-) kodierenden Bereichen zu einem großen Teil aus nicht-kodierender DNA. Eine besondere Rolle darunter nehmen regulatorische Abschnitte der DNA ein. Sie enthalten Bindestellen für spezialisierte Proteine, sog. Transkriptionsfaktoren, welche das Ablesen eines Gens aktivieren und hemmen können.

Immer mehr experimentelle Ergebnisse deuten darauf hin, dass regulatorische Bereiche (im Vergleich zu den kodierenden Abschnitten) verhältnismäßig schnell evolvieren, d. h. Bindestellen im Laufe der Evolution in relativ kurzer Zeit auftauchen und wieder verschwinden können.

Im Rahmen dieses Vortrags werde ich ein probabilistisches Modell für die Evolution von regulatorischen Sequenzen vorstellen und die exakte Verteilung der Wartezeit für das Entstehen einer gegebenen Bindestelle herleiten. Anschließend werde ich für ein konkretes Beispiel die mittlere Wartezeit in Abhängigkeit der Länge der Bindestelle und der Länge des regulatorischen Bereichs berechnen.