

Dynamik von Evolutionsvorgängen

VO 2std., SS 2014

Vorlesungstermine: Zeit: Mittwoch, 9:00 – 10:30 Uhr
 Ort: Währingerstraße 17
 Seminarraum, 3.Stock

!! Am Mittwoch, dem 14. Mai 2014 muss die Vorlesung wegen eines Auswärtstermins des Vortragenden ausfallen !!

Zusammenfassung: Darwins natürliche Auslese wird üblicherweise qualitativ und verbal formuliert, sie kann aber auch ganz einfach und quantitativ exakt modelliert werden. Differentialgleichungen bilden die Basis der meisten deterministischen Modellierungen in den Naturwissenschaften, andere Ansätze gehen von Markov-Prozessen aus, benützen Mastergleichungen, Fokker-Planck-Gleichungen und andere stochastische Modellierungswerkzeuge oder verwenden direkte Computersimulationen auf der Basis von zellulären Automaten oder CPU-Memory Belegungsstrategien. Gegenübergestellt werden die Beschreibung von Evolutionsvorgängen mit Hilfe der chemischen Kinetik und der Populationsgenetik. In der Vorlesung wird die Theorie auf einfache, zur Evolution befähigte Systeme angewendet: (i) Moleküle in zellfreien Replikationsassays und Anwendungen in der evolutionären Biotechnologie, (ii) Viroide und Viren *in vitro* und im Wirtsorganismus und (iii) Bakterien unter kontrollierten Wachstumsbedingungen. Den Abschluss bilden Modelle zur neutralen Evolution und die Rekonstruktion von Phylogenen mit Hilfe der Koaleszenztheorie.

Summary: Darwin's natural selection is commonly formulated in qualitative narrative manner. It is straightforward, however, to cast the principle into a simple but quantitative mathematical model. The most common basis of modeling in science is based on differential equations, other approaches are derived from Markov-processes and use master or Fokker-Planck equations and other stochastic tools, for example, direct computer simulations using cellular automata or strategies based on competitive CPU-memory acquisition. A comparison will be made between the application of chemical kinetics and population genetics. In the course theory will be applied to simple systems capable of evolution: (i) molecules in cell-free replication assays and applications to evolutionary biotechnology, (ii) viroids and viruses *in vitro* and in the host organism, and (iii) bacteria under controlled growth conditions. Eventually, we shall review models for neutral evolution and the reconstruction of phylogenies based on coalescence theory.