

# "Die Evolution braucht immer einen Code"

Robert Czepel, 14. Februar 2012 20:22



- 

Foto: standard/corn

Peter Schuster kann sich eine Mathematisierung der Sozialwissenschaften nicht vorstellen.

- 

---

## **Die Säulen im wissenschaftlichen Lebenswerk von Peter Schuster sind Moleküle und Mathematik - Robert Czepel sprach mit dem theoretischen Chemiker**

**STANDARD:** Worüber werden Sie am Donnerstag beim Biomathematik-Workshop am Zentrum für Molekulare Medizin referieren?

**Schuster:** Über den Einsatz des Computers in der Biologie. Bis in die Mitte des 20. Jahrhunderts stand die Wissenschaft auf zwei Beinen: die mathematische Theorie und das Experiment. Seit damals hat sich ein drittes Standbein entwickelt, nämlich die computergestützte Modellierung. Mittlerweile gibt es ungeheure Datenmengen, aus der Genetik etwa, die kann man nicht mehr verstehen, indem man sie einfach ansieht. Dazu sind sie viel zu umfangreich.

**STANDARD:** Kann man die Vorgänge in menschlichen Körperzellen simulieren?

**Schuster:** Nein, ein erschöpfendes Modell gibt es noch nicht. Aber wir können beispielsweise den Stofffluss durch die lebende Zelle schon vernünftig modellieren. So lassen sich die Abläufe im Minibakterium *Mycoplasma pneumoniae*, einem Erreger der Lungenentzündung, bereits sehr gut beschreiben und verstehen. Die Abläufe lassen sich zwar noch nicht automatisieren - aber das wird noch kommen.

**STANDARD:** Verlangt der Einsatz des Computers auch eine andere Haltung im Forschungsalltag?

**Schuster:** Rigorose Mathematiker haben immer noch Schwierigkeiten, Computerbeweise zu akzeptieren. Sie sagen: "Ich kann nicht jeden Schritt nachvollziehen, den das Programm macht, also ist das kein richtiger Beweis." Die Wissenschaft verändert sich, man wird sich daran gewöhnen. Ein Beispiel aus der Chemie: Mein Doktorvater hat noch der Spektroskopie und der Röntgenstrukturanalyse misstraut. Heute ist es völlig normal, die Struktur von Molekülen damit zu bestimmen.

**STANDARD:** Auch das Fernrohr stieß bei Galileis Zeitgenossen noch auf große Skepsis. Ist es beim Computer anders?

**Schuster:** Es gibt ja bereits Disziplinen, wo der Computer nicht wegzudenken ist. Etwa bei Strömungsanalysen im virtuellen Windkanal und in den Materialwissenschaften. Da sind die Simulationen perfekt, mitunter genauer als das Experiment.

**STANDARD:** Ihre am häufigsten zitierte Publikation stammt ebenfalls aus dem RNA-Bereich.

**Schuster:** In dieser Arbeit haben wir die ursprüngliche Fragestellung umgedreht. Wir haben Algorithmen entwickelt, mit denen man bei vorgegebener Raumstruktur der RNA auf die Gensequenz schließen kann. Wenn man Moleküle designen will, dann braucht man genau solche Methoden.

**STANDARD:** Ihr ehemaliger Mitarbeiter Walter Fontana hat einmal eine Arbeit mit dem Titel "What would be conserved if 'the tape were played twice'?" veröffentlicht. Mit "tape" war die Evolution gemeint. Was würde herauskommen, wenn sie noch einmal beginnen würde?

**Schuster:** Wenn die Startbedingungen die gleichen wären, würden wieder Nukleinsäuren - wie die DNA - als Informationsträger entstehen. Die Chemie wäre wohl sehr ähnlich. Beispielsweise hat man kürzlich versucht, den Phosphor in der DNA durch Arsen zu ersetzen, doch das hat nicht funktioniert. Das Wichtigste ist wohl die Digitalisierung der Chemie.

**STANDARD:** Sie meinen die Digitalisierung der in Molekülen gespeicherten Information?

**Schuster:** Genau, die muss es geben, ansonsten gibt es keine Evolution. Es bedarf eines Codes.

**STANDARD:** Wie wahrscheinlich ist so eine Entwicklung?

**Schuster:** Primitive Organismen, Bakterien etwa, würden aus meiner Sicht mit hoher Wahrscheinlichkeit entstehen. Ob intelligente Wesen entstehen würden, ist eine andere Frage. Da gibt es zu viele Unwägbarkeiten.

**STANDARD:** Stanislaw Lem hat in seinem Roman "Transfer" eine Welt der Wissenschaft imaginiert, in der sogar die Geistes- und Sozialwissenschaften mathematisiert sind. Wäre so etwas möglich?

**Schuster:** Nein. Sinnvolle Mathematisierung setzt voraus, dass man quantitative Voraussagen treffen kann. Daran scheitert man bereits in der Atmosphärenphysik. Die Bedingungen, unter denen Hurrikane entstehen, sind sehr gut verstanden. Dennoch können wir nicht sagen, wann und wo sie entstehen, weil oft kleinste Details über die zukünftige Entwicklung entscheiden. Daran wird sich auch in Zukunft nichts ändern. (DER STANDARD, Printausgabe, 15.02.2012)

---

**Peter Schuster**, geboren am 7. 3. 1941, studierte Chemie an der Universität Wien. Einer seiner Forschungsschwerpunkte liegt in der mathematischen Modellierung von Selektions- und Evolutionsstrategien in Populationen von Viren und Mikroorganismen. 1993 erhielt Schuster das Österreichische Ehrenzeichen für Wissenschaft und Kunst. 2004 war er der erste Dekan der neu geschaffenen Fakultät für Chemie. Von 2006 bis 2009 war der emeritierte Universitätsprofessor Präsident der Österreichischen Akademie der Wissenschaften (ÖAW).

**Zum Thema:** [Den Pfad der Viren vorhersagen](#)

# **Biomathematik: Den Pfad der Viren vorhersagen**

**Robert Czepel , 14. Februar 2012 20:24**

## **Biomathematische Methoden helfen, antivirale Medikamente zu entwickeln**

Biologen haben es mit komplizierten Verhältnissen zu tun. Da ist zunächst die schiere Zahl der verfügbaren Daten. Seit es möglich ist, ganze Genome zu sequenzieren, ist der "direkte Dialog zwischen Forscher und Messergebnissen nicht mehr möglich", sagt der theoretische Chemiker Peter Schuster.

Die Kluft zwischen unserem begrenzten geistigen Fassungsvermögen und dem stetig wachsenden Datenberg lässt sich nur mit biomathematischen Methoden bewältigen. Schuster hat unter anderem Formeln entwickelt, mit denen man etwa die räumlichen Faltungen von RNA-Molekülen berechnen kann. Mittlerweile ist es möglich, ganze Viren-Genome als hyperdimensionalen Sequenzraum darzustellen. Sinn der Sache: Der Raum beinhaltet sogenannte Fitnessgebirge, die Viren durch Mutationen schrittweise erklimmen. Das dauernd mutierende HI-Virus zum Beispiel ist ein Meister dieses Manövers, deshalb ist es kaum im Zaum zu halten. Bei manchen Viren allerdings können Forscher bereits vorhersagen, welchen Pfad Viren auf ihrem Weg durch den Sequenzraum nehmen werden. Das könnte zur schnelleren Entwicklung von antiviralen Medikamenten führen.

### **Steine in den Teich geworfen**

Noch komplizierter wird die Angelegenheit, wenn man sich vom Genom (dem Erbgut) zum Proteom (der Gesamtheit aller Proteine) weiterhangelt. Giulio Superti-Furga kennt die diffizile Natur des Forschungsgebiets: "Wenn wir die Wirkung eines Krankheitserregers oder eines Medikaments auf die Proteine untersuchen, dann ist das so ähnlich, wie wenn man zwei Steine in einen Teich wirft. Die Wellen überlagern einander und werden vom Ufer zurückgeworfen. Wir versuchen herauszufinden, wie die Wirkungen durch das Proteinnetzwerk wandern", sagt der Chef des Forschungszentrums für Molekulare Medizin (CeMM) in Wien.

Die mathematischen Werkzeuge, die man für die Beschreibung der Proteinwechselwirkungen benötigt, entstammen der Topologie, Kapitel Netzwerktheorie. Ist es schwierig, sich solche Methoden als nicht gelernter Mathematiker anzueignen? "Ja, das ist schwierig", sagt Superti-Furga. Letztlich gehe in der modernen Wissenschaft nichts mehr ohne Arbeitsteilung. In Superti-Furgas Team sind daher auch immer Biomathematiker mit an Bord. "Sie helfen uns dabei, die Daten zu interpretieren." (DER STANDARD, Printausgabe, 15.02.2012)

---

**Zum Thema:** Interview: ["Die Evolution braucht immer einen Code"](#)

**Veranstaltungstipp:** Das CeMM und das Johann Radon Institute for Computational and Applied Mathematics (Ricom) veranstalten am 16. Februar gemeinsam einen Workshop zur Biomathematik. Ort: CeMM Lecture Hall, 8. Stock, Lazarettgasse 14, Beginn: 8 Uhr.