

PROPIEDADES COLECTIVAS DE CUASIESPECIES EN EVOLUCIÓN MOLECULAR

Michael Stich, Susanna C. Manrubia, Carlos Briones

Centro de Astrobiología (CSIC/INTA),
Instituto Nacional de Técnica Aeroespacial,
Ctra de Ajalvir, km. 4, 28850 Torrejón de Ardoz (Madrid)

Poblaciones de moléculas de RNA, cada una formado por una secuencia de nucleótidos, son el sistema paradigmático para estudiar evolución molecular, p.ej. de virus de RNA, y mecanismos evolutivos en general. El RNA tiene un importante papel en la codificación de información genética, y – a través de su estructura secundaria – ejerce funciones estructurales, catalíticas, y pudo ser fundamental en el origen de la vida. El proceso de replicación de RNA se ve afectado por una tasa de error lo suficientemente alta como para que la estructura interna de la población sea heterogénea (constituyendo las llamadas cuasiespecies). La secuencia de nucleótidos representa el genotipo. A través del emparejamiento de nucleótidos (plegamiento) la secuencia origina la estructura secundaria. La estructura secundaria representa una primera caracterización del fenotipo.

Estudiamos los procesos evolutivos de una población de RNA mediante simulaciones extensas. Para el plegamiento de moléculas utilizamos un algoritmo realista [1]. Fijamos una estructura objetivo y comparamos las estructuras plegadas con esa estructura a lo largo de la evolución. Definimos varias variables para caracterizar el estado de la población y su evolución para una tasa de mutación y presión de selección dadas. En particular estudiamos el regimen cerca del umbral de error. El umbral de error se define como la tasa de mutación a partir de la cual la estructura objetivo no se puede fijar en la población. Demostramos que la fijación de la estructura objetivo es un proceso relacionado con propiedades colectivas de la población. Predecimos el umbral de error a través de esas propiedades colectivas. Demostramos que ciertas partes de la estructura secundaria son más robustas a lo largo de la evolución que otras, resultado sorprendente dado que las mutaciones actúan aleatoriamente. Consideramos varias estructuras importantes con longitudes diferentes (de 12 hasta 76 nt) y tamaños de población diferentes (de 150 hasta 60000 moléculas). Mostramos cuáles son las propiedades de una población que dependen de su estado local o de su estado colectivo y discutimos la relación entre secuencia y estructura.

[1] Programa RNAfold. <http://www.tbi.univie.ac.at/~ivo/RNA>