

skomplikowanej struktury przestrzennej. Dopiero po jej osiągnięciu białko może pełnić swoją biologiczną funkcję. Przewidywanie tej struktury na podstawie znajomości tylko sekwencji to wielkie wyzwanie. Gdybyśmy potrafili to robić, to, oprócz wielu innych rzeczy, moglibyśmy też konstruować nowe lekarstwa w komputerze, bez trudnych i czasochłonnych badań „w probówce”. Podobieństwo pomaga tu trochę: białka o podobnych sekwencjach często związają się do podobnych struktur przestrzennych, a nawet orientacyjna sugestia co do kształtu cząsteczki jest ogromnie ważna przy próbach jej precyzyjnej rekonstrukcji, bo chroni nas przed szukaniem „na manowcach”.

DNA

Mechanizm ewolucyjny hamowania mutacji działa dużo słabiej na poziomie DNA, bo kodonów jest 64, a aminokwasów tylko 20, więc jeden aminokwas jest zwykle kodowany przez kilka różnych kodonów (maksymalnie do 6). Mutacje DNA nie zmieniające kodowanego białka są dla ewolucji oczywiście obojętne, więc nie są też przez nią hamowane. Można uliniawiać białka, można też i sekwencje DNA. Ale, wobec obojętności ewolucji na niektóre zmiany DNA, nie istnieją sensowne tablice substytucyjne dla DNA, a wyniki uliniowienia sekwencji DNA są dużo trudniejsze do zinterpretowania. Dlatego też większość badań nad ewolucją opiera się na uliniowieniu białek. Jednak dla fragmentów DNA, które nie kodują białek, porównywanie DNA to jedyna droga do odtworzenia ich historii.

Genomy

Na całej nici DNA niektóre geny są na tyle podobne, że można je praktycznie uważać za kopie tego samego genu. (Oczywiście podobieństwo rozumiemy jako istnienie uliniowienia o wysokiej wartości dla kodowanych przez nie białek – wiemy już, jak to stwierdzić.) Czyli teraz cała nić prezentuje nam się jako ciąg symboli, którymi są poszczególne geny. To kolejna sekwencja biologiczna, którą można analizować. Cały genom (bo tak będziemy mówić o sekwencji genów) też podlega zmianom. Jednak nie zachodzą w nim lokalne, punktowe mutacje, a raczej fundamentalne przebudowy całej sekwencji. Możliwe jest wycięcie całego fragmentu genomu i wklejenie go z powrotem w to samo miejsce, ale w odwrotnej kolejności. Podobnie, wycięty fragment może być przeniesiony w inne miejsce i włączony w oryginalnej lub odwrotnej kolejności.

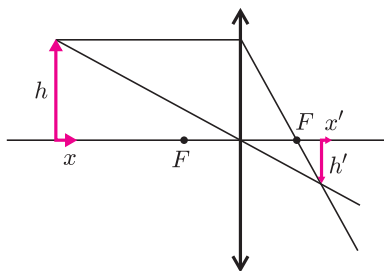
Miarą podobieństwa dwóch genomów jest liczba operacji jednego z wybranych typów, niezbędnych do przekształcenia jednego z nich w drugi. Miary podobieństwa tego typu są wykorzystywane do odtwarzania drzew ewolucyjnych organizmów, opartych na całych genomach. Niestety, algorytmy używane do obliczania podobieństwa genomów są dużo bardziej skomplikowane niż dla DNA, a niektóre z problemów obliczeniowych są wręcz NP-trudne (patrz artykuł Damiana Niwińskiego w *Delcie* 7/2000). W końcu może się też pojawić kolejny problem: drzewa ewolucyjne organizmów zrekonstruowane na podstawie białek nie zawsze pokrywają się z opartymi na genomach. Co z tym zrobić, to już raczej temat na kolejny artykuł...



Zadania

Redaguje Ewa CZUCHRY

F 581. Znaleźć i porównać powiększenia podłużne $\alpha = x'/x$ i poprzeczne $\beta = h'/h$ dla cienkiej soczewki.



Rozpatrzyć przypadek przedmiotu o małych wymiarach podłużnych.

Rozwiązanie na str. 13

F 582. Na osi optycznej soczewki, w odległości równej dwóm ogniskowym, umieszczono kulkę. Jaką postać ma obraz tego przedmiotu?

Rozwiązanie na str. 13

Redaguje Mikołaj ROTKIEWICZ

M 1003. W probówce znajduje się 9 bakterii typu A i 11 typu B. W każdej sekundzie losowo wybrana bakteria dzieli się na dwie takie same. Po 60 sekundach losujemy bakterię z próbki. Obliczyć prawdopodobieństwo tego, że będzie to bakteria typu A.

Rozwiązanie na str. 3

M 1004. W probówce znajdują się bakterie typu A i B. W każdej sekundzie dochodzi do podziału losowo wybranej bakterii. Bakterie typu A i B dzielą się odpowiednio na m i n identycznych bakterii, $m > n > 0$. Niech p_k oznacza prawdopodobieństwo tego, że losowo wybrana w k -tej sekundzie bakteria jest typu A. Z badać monotoniczność ciągu p_k .

Rozwiązanie na str. 8

M 1005. W pewnej rodzinie mąż i żona zawarli następującą umowę:

- żona zmywa naczynia zawsze w dwa kolejne dni, po czym zmywać musi mąż,
- jeśli któregoś dnia naczynia zmywał mąż, to o tym, kto będzie zmywał następnego dnia, decyduje rzut monetą,
- pierwszego dnia zmywanie naczyń rozpoczyna mąż.

Niech p_k będzie prawdopodobieństwem tego, że w k -tym dniu obowiązywania umowy naczynia zmywa mąż.

Oblicz $\lim_{k \rightarrow \infty} p_k$.

Rozwiązanie na str. 9