

## **Popularnonaukowe streszczenie projektu**

Intensywny rozwój medycyny spersonalizowanej możliwy jest, między innymi, dzięki coraz łatwiejszemu dostępowi do metod pozwalających przeanalizować cały genom lub określić profil ekspresji genów w jednym eksperymencie. Na podstawie zmian zidentyfikowanych wewnątrz komórki można oszacować predyspozycje osoby do zapadnięcia na określone choroby (np. nowotwór) lub zaplanować terapię dostosowaną do profilu genetycznego pacjenta. Żeby jednak móc wykorzystać uzyskane dane genomowe w diagnostyce czy terapii niezbędne jest opracowanie czułych i wiarygodnych metod pozwalających na równoczesną analizę kilkunastu- a czasem nawet kilkudziesięciu tysięcy punktów pomiarowych równocześnie. Problemem, z którym muszą się zmierzyć osoby zajmujące się analizą danych, jest wpływ budowy fragmentów kwasów nukleinowych oraz specyfiki użytej metody pomiarowej na uzyskane wyniki. Rozwiązanie tego problemu jest szczególnie istotne, gdy analizowane mają być dane uzyskane różnymi metodami pomiarowymi. Dostępne metody korekcji danych skupiają się głównie na jednym, wybranym czynniku i są specyficzne dla określonej platformy badawczej, co uniemożliwia ich połączenie a także zastosowanie do danych uzyskanych różnymi metodami.

Niniejszy projekt, w oparciu o modelowanie matematyczne i dane eksperymentalne, ma na celu opracowanie algorytmu korekcji wpływu sekwencji nukleotydowych badanych genów oraz użytych sond oligonukleotydowych na analizowane dane. Opracowany algorytm będzie możliwy do zastosowania dla danych uzyskanych różnymi metodami pomiarowymi i będzie mógł być zintegrowany z istniejącymi procedurami analizy danych genomicznych i transkryptomicznych. Pozwoli to zwiększyć dokładność metod badania zmian poziomu ekspresji genów, a konsekwencji może doprowadzić do wzrostu użyteczności tych danych w badaniach naukowych czy w medycynie spersonalizowanej.