

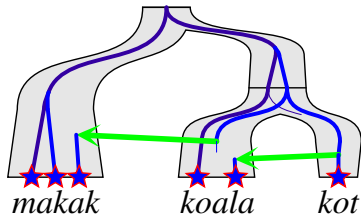
# BIOLOGICZNIE ZNACZĄCA REKONSTRUKCJA SIECI FILOGENETYCZNYCH

Streszczenie Popularnonaukowe

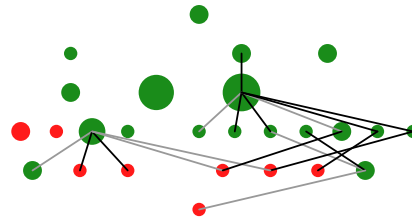
Bez wątpienia sieci są obecne wszędzie. Internet jest siecią, system komunikacji miejskiej jest siecią, komórki tworzą sieć, ludzkie interakcje mają naturę sieci, i tak dalej...

*Wszystko jest Siecią*

Również w biologii “sieciowość” jest częsta. W szczególności różne typy relacji między sekwencjami, genami, genomami a gatunkami mogą być reprezentowane w postaci tzw. sieci filogenetycznej.



*Sieć genowo-gatunkowa dla trzech gatunków, sześciu genów (gwiazdki) z dwoma horizontalnymi transferami genów (strzałki).*



*Przykład sieci dla bardzo podobnych sekwencji DNA (tu węzły) pochodzących z białych krwinek człowieka (limfocyty B).*

Ten projekt jest poświęcony na opracowanie nowych biologicznych modeli, wydajnych algorytmów i narzędzi dla problemów związanych z sieciami filogenetycznymi. Do realizacji tego interdyscyplinarnego projektu powołaliśmy międzynarodowy zespół badaczy-ekspertów z nauk biologicznych, medycznych, matematycznych i informatycznych.

W projekcie proponujemy analizę nowego ogólnego podejścia do porównywania drzewa z siecią filogenetyczną. Z wykorzystaniem tego podejścia, planujemy rozwiązać kilka klasycznych problemów biologii obliczeniowej dla sieci włącznie z problemem rekonstrukcji sieci filogenetycznej i opracować narzędzia do ich rozwiązywania. Metody, które będziemy stosować to techniki teorii grafów, standardowe metody dowodzenia, algorytmy regułowe, optymalizacyjne, aproksymacyjne, genetyczne itp. Do przetwarzania danych i walidacji wyników, opracujemy filogenetyczne i symulacyjne skrypty, za pomocą których wygenerujemy empiryczne i symulacyjne zbiory testowe dla naszych narzędzi. Walidacja wyników odbędzie się przy ścisłej współpracy z biologicznymi i medycznymi ekspertami.

Zaproponowane tutaj podejście zapewni praktykom nowe oparte o biologiczne modele narzędzia do studiowania złożonych relacji między sekwencjami, genami, genomami i gatunkami. Ponieważ takie zwykle relacje są “sieciowe”, nasze rozwiązania istotnie poprawią możliwości ich analizy i pomogą badaczom lepiej zrozumieć powiązane procesy biologiczne.