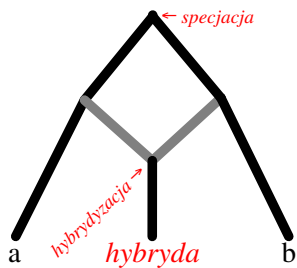


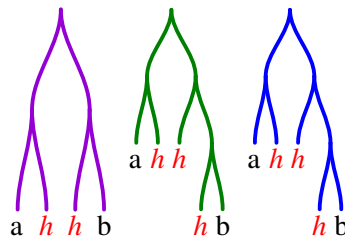
UNIFIKACJA MAKRO-EWOLUCYJNYCH MODELI I SIECI FILOGENETYCZNYCH

Streszczenie Popularnonaukowe

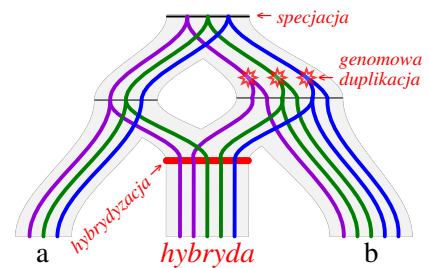
Biologia jest pełna fascynujących relacji, gdzie odległe genetycznie organizmy mogą tworzyć skomplikowane powiązania. Badanie tych relacji staje się możliwe dzięki coraz lepszemu rozumieniu procesów biologicznych, obejmujących nie tylko poziom molekularny, ale także rekonstrukcję wydarzeń ewolucyjnych, które kształtowały historię odpowiadających im organizmów. Te relacje często są przedstawiane jako sieci, dostarczając naturalnego i intuicyjnego sposobu wizualizacji. W tym projekcie planujemy badać złożone modele biologiczne m.in. dla makro-ewolucyjnych zjawisk specjacji, hybrydyzacji gatunków i duplikacji genomowych.



Sieć filogenetyczna dla trzech gatunków a, b i ich hybrydy wraz z makro-ewolucyjnymi zjawiskami specjacji i hybrydyzacji.



Drzewa rodzin genów z sekwencjami z genomów gatunków a, b i hybrydy (h), gdzie każdy liść reprezentuje jeden gen.



Drzewa genów wbudowane w sieć z wyróżnionymi duplikacjami genów (gwiazdy) pochodzącymi od makro-ewolucyjnego zjawiska duplikacji genomowej.

Zdarzenie hybrydyzacji występuje, gdy krzyżowanie różnych gatunków daje potomstwo. Takie potomstwo, nazywane *hybrydą*, dziedziczy cechy, czyli *geny*, od obu rodziców. U roślin, zwierząt i mikroorganizmów hybrydyzacja może prowadzić do powstania nowych gatunków, stanowiąc alternatywę dla klasycznej *specjacji*, które występuje, gdy nowe gatunki powstają ze wspólnego przodka.

Z kolei zdarzenie *duplikacji genomowej* obejmuje kopiowanie dużych fragmentów DNA, co skutkuje dodatkowymi kopiami genów lub nawet całych sekwencji genomu. Duplikacja genomowa to naturalny proces w ewolucji organizmów, który, podobnie do hybrydyzacji, odgrywa istotną rolę w zwiększaniu różnorodności genetycznej.

Jednym z głównych celów tego projektu jest zbadanie nowych modeli biologicznych i efektywnych algorytmów do identyfikacji oraz badania sieci filogenetycznych pod kątem zjawisk hybrydyzacji i duplikacji genomowych. Aby skutecznie podjąć się tego interdyscyplinarnego projektu, zgromadziliśmy międzynarodowy zespół ekspertów w dziedzinie biologii, medycyny, matematyki i informatyki.

Zaproponowane algorytmiczne rozwiązania będą częściowo oparte na naszych wcześniejszych doświadczeniach i będą wykorzystywały różnorodne nowoczesne techniki matematyczno-informatyczne. Opracujemy potoki filogenetyczne i symulacyjne, aby ułatwić przetwarzanie danych i weryfikację wyników.

Przedstawione wyzwania stanowią okazję do zbadania makro-ewolucyjnych zdarzeń, których natura jest wyraźnie wykracza poza klasyczną "drzewowość". Ich rozwiązanie otworzy nowe możliwości dla badaczy przez udostępnienie innowacyjnych narzędzi ułatwiających eksplorację złożonych związków ewolucyjnych między sekwencjami, genami, genomami i gatunkami przez integrację biologicznych modeli uwzględniających genomowe duplikacje, oraz zdarzenia sieciowe, takie jak hybrydyzacja gatunków, reasortacja czy rekombinacja.