

Eksploracja motywów pętli wielokrotnych w strukturach RNA

Streszczenie popularnonaukowe

Tomasz Żok

Cel projektu

Bioinformatyka jest ważną dziedziną, która łączy biologię z technologią, aby pomóc nam lepiej zrozumieć dane biologiczne. Jednym z obszarów zainteresowania bioinformatyki jest RNA, który odgrywa kluczową rolę w genetyce. Zrozumienie struktury 3D RNA jest wyzwaniem dla naukowców. Aby pomóc przezwyciężyć to wyzwanie, używamy nowoczesnych komputerów i algorytmów. Jednak niektóre motywy RNA, takie jak pętle wielokrotne lub multipętle, są rzadkie i słabo poznane, co utrudnia ich przetwarzanie przez te algorytmy. W ramach tego projektu będziemy pracować nad rozwojem zaawansowanych metod obliczeniowych i uczenia maszynowego (sztucznej inteligencji), aby pomóc naukowcom sprostać tym wyzwaniom. Naszym celem jest stworzenie cennych narzędzi i zasobów, które pomogą naukowcom lepiej zrozumieć cząsteczki RNA.

Opis badań

Naszym celem jest zebranie danych eksperymentalnych dotyczących struktur 3D RNA i wybranie tych, które zawierają istotne informacje. Następnie opracujemy narzędzie do analizy danych i identyfikacji multipętli przy użyciu sztucznej inteligencji. Wykorzystamy to do klasyfikacji struktur RNA i poznania zasad rządzących ich układami w przestrzeni 3D. Następnie zastosujemy tę wiedzę do wielu sekwencji RNA, których wciąż nie rozwiązano eksperymentalnie. Pomoże nam to wygenerować i zebrać tysiące multipętli RNA. Informacje te będą pomocne dla badaczy w skuteczniejszym przewidywaniu złożonych struktur 3D RNA.

Dlaczego warto podjąć ten temat badawczy?

Multipętla RNA stanowią problem dla bioinformatyków. Brakuje wystarczającej ilości informacji, aby je właściwie zbadać, co spowalnia postęp w biologii i biotechnologii. Znaleźliśmy jednak rozwiązanie tego problemu, które będzie dostępne dla wszystkich naukowców. Pomoże to usprawnić badania w tej dziedzinie.

Główne oczekiwane rezultaty

Nasz projekt ma na celu rozwiązanie problemu analizy multipętli RNA. Planujemy to osiągnąć poprzez stworzenie baz danych i zbiorów danych zawierających odpowiednie informacje na temat struktur RNA posiadających te motywy. Opracujemy również zestaw narzędzi obliczeniowych do analizy i interpretacji złożonych struktur RNA. Wszystkie nasze wyniki będą publicznie dostępne, ponieważ wspieramy otwartą naukę.