

# Nowe metody w graficznej bioinformatyce

Piotr Waż

Zakład Medycyny Nuklearnej,  
Gdański Uniwersytet Medyczny

Warszawa, 27 luty 2015

Celem referatu jest przedstawienie nowych metod w *Graficznej Bioinformatyce*. W szczególności zostaną przedstawione dwie metody nazwane: *Reprezentacją 2D-dynamiczną sekwencji DNA* oraz *Reprezentacją 3D-dynamiczną sekwencji DNA*. Metody te pozwalają na graficzne i numeryczne porównywanie sekwencji DNA. Zostanie przedstawiony sposób konstrukcji grafów reprezentujących sekwencje DNA. Aby umożliwić numeryczne porównywanie grafów wprowadza się *deskryptory*, czyli pewne charakterystyki numeryczne grafów. W przypadku omawianych metod deskryptory zostały zdefiniowane w sposób niestandardowy, oparty o koncepcje zaczerpnięte z teorii układów dynamicznych. Zostaną przedstawione wyniki obliczeń dla sekwencji kodujących  $\alpha$ -globiny,  $\beta$ -globiny oraz histony H4 dla różnych gatunków. Dane te stanowią test dla nowych metod. W szczególności otrzymanie klasyfikacji dla sekwencji kodujących histony H4 dla ewolucyjnie podobnych organizmów jest trudne i większość deskryptorów nie prowadzi do takiej klasyfikacji. Za pomocą nowych metod udało się otrzymać takie diagramy klasyfikacyjne. Zostaną również pokazane przykłady zastosowań podobnej metodologii do analizy i klasyfikacji widm różnego typu.