

Tomasz PISAREWSKI

Nr. Albumu: 158745

Data: 29.01.2019 r.

Projekt badań: Stosowanie nauk informatycznych w celu przyspieszenia i poprawy jakości badań

Celem badań jest stworzenie narzędzi które pomogą zrozumieć aktualnie odkryte interakcje molekularne, które istnieją w komórkach. Wiele danych, które są aktualnie dostępne, pozwala stworzyć narzędzia, które mogą modelować i przewidywać hipotetyczne zachowanie komórki na podstawie DNA.

W ostatnich latach bardzo popularne stało się Uczenie Maszynowe. Dzięki niemu jesteśmy w stanie znaleźć powiązania między danymi, co może przyspieszyć prace badawcze w dziedzinach takich jak Fizjologia czy Biochemia, gdzie powiązania między danymi często prowadziły do przełomów w badaniach.

Celem moich badań byłoby opracowanie oprogramowania, które łączy ze sobą informatykę oraz inne nauki ścisłe. Oprogramowanie miałoby za zadanie:

- Przetwarzać aktualnie znane informacje na temat opisanej komórki lub biomolekuły. (Zbiór takich informacji pozwoliłby wyciągać wnioski i stawiać nowe hipotezy na temat rzeczywistości.)

- Opracować model, który na podstawie danych przewiduje możliwe interakcje z innymi elementami komórki. (Często jest kluczowe do zrozumienia np. cyklu metabolicznego).

- Opracować model, który przewidywałby geometrię danej biomolekuły.

Jednym z zadań byłoby również dokładne przeanalizowanie dostępnych technologii w celu stworzenia lepszej, i wykorzystującej najnowsze odkrycia w dziedzinie informatyki.

Bibliografia stanowiąca podstawę do badań:

Drew Conway, John Myles White. „Uczenie Maszynowe dla Programistów”. Helion, 2015.

Mark Michaelis. „C# 7.0 Kompletny przewodnik dla praktyków”. Helion, 2020

Scott F. Gilbert. „Biologie du Développement, 2 Edition”. De Boeck, 2004

Siddhartha Mukherjee. „Il était une fois le gène”. Flammarion, 2017

Neil E. Schore, K Peter C. Vollhardt. „Traité de chimie organique”. De Boeck, 2015