

Pracownia Biometrii

Kierownik: prof. dr hab. Paweł Krajewski

Skład osobowy:

prof. dr hab. Zygmunt Kaczmarek
dr Grzegorz Koczyk
dr Aneta Sawikowska
mgr Pedro Madrigal Bayonas
mgr inż. Hanna Ćwiek
mgr inż. Wojciech Frohmberg
Bernadeta Borucka
mgr Joanna Stasiak

Zakres aktualnych badań:

Pracownia prowadzi badania naukowe w dziedzinie metod statystycznych i informatycznych mających zastosowanie w analizie wyników doświadczeń biologicznych, ze szczególnym uwzględnieniem doświadczeń wykonywanych w genetyce, genomice oraz w hodowli roślin. Najważniejsze metody statystyczne, jakimi się zajmujemy, to analiza liniowych modeli mieszanych, analiza modeli półparametrycznych oraz analiza wielowymiarowa. Spośród metod bioinformatycznych wymienić należy eksplorację biologicznych baz danych, analizę profilową białek, analizę interakcji biomolekuł i modelowanie struktur biomolekuł. Wyniki badań znajdują zastosowania w: planowaniu i analizie polowych i laboratoryjnych doświadczeń genetycznych i hodowlanych, analizie statystycznej interakcji genotypowo-środowiskowej, analizie ekspresji genów, analizie wyników sekwencjonowania wysokoprzepustowego DNA, analizie struktury białek oraz w rekonstrukcji filogenezy. Pracownia współpracuje z wieloma jednostkami naukowymi i hodowlanymi.

Obecnie program badań naukowych jest ukierunkowany szczególnie na:

- metody przetwarzania i interpretacji wyników doświadczeń prowadzonych w celu oceny ekspresji genów oraz interakcji białek i DNA, we współpracy z [Research Institute of Integrative & Comparative Biology](#), Faculty of Biological Sciences, Leeds University i innymi partnerami w projektach Marie Curie RTN Sysflo i COST Action TD0801 [StatSeq](#),
- metody integratywnej analizy wyników doświadczeń genetycznych w ramach projektów: [POLAPGEN-BD](#) (dotyczącego opracowania narzędzi biotechnologicznych służących do otrzymywania odmian o podwyższonej odporności na niedobór wody) oraz [transPLANT](#) (dotyczącego konstrukcji europejskiej bazy danych zawierającej informacje o fenotypach roślinnych),
- opracowanie algorytmów analizy wyników serii doświadczeń hodowlanych i odmianowych, we współpracy z Katedrą Metod Matematycznych i Statystycznych UP w Poznaniu, polskimi spółkami hodowlanymi, COBORU i innymi partnerami, oraz implementację tych algorytmów w programach [SERGEN](#) i [EKSPLAN](#) służących do planowania i opracowywania wyników doświadczeń.
- studia teoretyczne i metodologiczne zmierzające do uproszczenia obecnie stosowanych metod badania dziedziczenia cech ilościowych poprzez użycie linii homozygotycznych, we współpracy z Pracownią Genetyki Ilościowej IGR PAN i Katedrą Metod Matematycznych i Statystycznych UP w Poznaniu.
- analizę koewolucji struktur białek i ich funkcji, we współpracy z Computational Biology Unit, University of Bergen, Norway.

Najważniejsze osiągnięcia:

- Opracowanie metod bioinformatycznej i statystycznej analizy wyników doświadczeń prowadzonych z wykorzystaniem immunoprecypitacji chromatyny i sekwencjonowania wysokoprzepustowego (ChIP-Seq).
- Opracowanie metod wykorzystania linii podwojonych haploidów w ocenie parametrów genetycznych, wykrywaniu interakcji nieallelicznej i sprzężenia genów determinujących cechy ilościowe, oraz propozycja ogólnego wzoru służącego do wyznaczania liczby genów (czynników efektywnych) w przypadku występowania interakcji nieallelicznej.
- Opracowanie programu LINKGEN służącego do wykrywania interakcji nieallelicznej na

podstawie linii DH i SSD.

- Porównanie teoretyczne i numeryczne metod oceny efektów addytywnych genów na podstawie obserwacji fenotypowych i obserwacji markerów molekularnych.
- Opracowanie metod lokalizacji genów determinujących cechy ilościowe uwzględniających możliwość wystąpienia interakcji genotypowo-środowiskowej i interakcji nieallelicznej, w modelach jedno- i wielowymiarowych.
- Opracowanie metod wykorzystania informacji o strukturze białek do adnotacji funkcjonalnej i projektowania markerów molekularnych dla genów homologicznych u różnych gatunków roślin.