

Autor rozprawy doktorskiej: mgr inż. Tomasz Wojdyła

Tytuł rozprawy doktorskiej w języku polskim:

Alгоритмы моделирования эволюции стохастических систем генетических с большой сложностью

Tytuł rozprawy doktorskiej w języku angielskim:

Algorithms for modeling of the evolution of complex stochastic genetic systems

Promotor rozprawy doktorskiej: prof. dr hab. inż. Marek Kimmel

Jednostka prowadząca przewód doktorski:

Politechnika Śląska, Wydział Automatyki, Elektroniki i Informatyki

Streszczenie rozprawy doktorskiej w języku polskim:

W ostatnich latach możemy zaobserwować wzrost zainteresowania genetyką. Medyczne znaczenie wyników wielkich projektów genetycznych przyciąga ogromne środki finansowe i intelektualne. Pomimo dużego postępu naukowego w czasie ostatnich kilku dekad, genetyka populacyjna jest wciąż bardzo młodą dyscypliną naukową. Niektóre aspekty głównych sił ewolucyjnych (takich jak selekcji, mutacji czy rekombinacji) są dość dobrze poznane, ale szczegóły pozostają niejasne. Niestety, jakiegokolwiek realistyczne, i z tego powodu bardzo złożone, modele ewolucyjne są zbyt skomplikowane do matematycznej oraz statystycznej analizy nawet z użyciem komputerów. W dysertacji położono nacisk na złożone analityczne stochastyczne systemy wzbogacone specjalizowanymi algorytmami komputerowymi. Szczegółowo opisane zostały trzy takie systemy: 1) model Morana z rekombinacjami pozwalający odpowiedzieć na pytanie identyfikowalności rekombinacji, 2) rekurencyjny model dryfu genetycznego pozwalający wyznaczyć czas do wspólnego przodka dużej próbki z rzeczywistej populacji oraz 3) model sieci demograficznej pozwalający na modelowanie złożonych zależności między populacjami.

Streszczenie rozprawy doktorskiej w języku angielskim:

In the recent years we can notice increasing interest in genetics. Medical significance of the possible results of population genetics projects determines enormous financial and intellectual support. Despite a huge progress that has been made over last several decades, population genetics is still a very young discipline of science. Some aspects of the main evolution forces (such as natural selection, mutation or recombination) are already known very well but details of their interaction are unclear. Unfortunately, any realistic, and for this reason very complex, models tend to be too complicated for mathematical and statistical analysis even with use of computing power. In this dissertation the attention is focused on the complex analytical stochastic systems refined by specialized computer algorithms. Particularly, three such systems are described in details: 1) Moran model with recombination that allows to answer the question of the recombination identifiability, 2) genetic drift recurrent model that can be used to obtain the time to the MRCA of large sample from real human population and 3) demographic network model enabling modeling of the complex relations between populations.