

Streszczenie i słowa kluczowe po polsku

W pracy doktorskiej pt. „Analiza ekspresji genów w szeregach czasowych na podstawie danych z sekwencjonowania transkryptomów oraz translatomów” przedstawiono nowe narzędzie do analizy danych pochodzących z dwóch technologii sekwencjonowania - RNAseq i RIBOseq. Technologie te, będące ważnym narzędziem w badaniach biologii molekularnej, otwierają możliwości identyfikacji genów oraz analizy ekspresji na poziomie transkryptomu i translatomu. Praca skupia się na opracowaniu zintegrowanego podejścia do analizy danych z obu technik, umożliwiając badanie ekspresji genów w przebiegach czasowych. Zaimplementowano bibliotekę w języku R, która pozwala na wykorzystanie danych z równoległe przeprowadzanych eksperymentów RNAseq oraz RIBOseq, umożliwiając identyfikację wzorców ekspresji genów w czasie. Dodatkowo, poprzez zastosowanie odpowiednich normalizacji oraz obliczania efektywności translacji, biblioteka pozwala na dokładniejsze, w porównaniu do innych istniejących obecnie narzędzi, spojrzenie na proces translacji.

W części wynikowej omówiono wstępne etapy analizy danych, takie jak kontrola jakości, oczyszczanie danych, mapowanie do referencyjnego genomu oraz zliczanie odczytów. Ma to na celu przygotowanie danych do wykorzystania w bibliotece „TimeSeqR” oraz ich wstępną analizę.

Kluczowym elementem pracy jest implementacja biblioteki „TimeSeqR” w języku R, która umożliwia analizę danych z RNAseq oraz RIBOseq w przebiegach czasowych. Biblioteka ta pozwala na normalizację danych, przeprowadzenie analizy różnicowej ekspresji genów w czasie, klasteryzację genów o podobnej ekspresji oraz analizę funkcjonalną grup genów. W pracy przedstawiono instrukcje instalacji oraz konfiguracji środowiska, szczegóły implementacji biblioteki, a także opis interfejsu programistycznego oraz sposób obsługi programu poprzez interfejs graficzny. W kolejnej części pracy doktorskiej zaprezentowano przykłady użycia biblioteki „TimeSeqR” na danych z organizmu *Bacillus subtilis*, danych literaturowych z organizmu *Saccharomyces cerevisiae*

oraz danych symulowanych, wraz z ich opracowaniem. Omówiono również uzyskane rezultaty na tle innych narzędzi służących do analizy podobnych danych.

Słowa kluczowe: sekwencjonowanie, RNAseq, RIBOseq, analiza danych, przebiegi czasowe.