

**Temat**

Rozszyfrowanie sygnalizacji biochemicznej za pomocą teorii informacji

**Promotor, contact, kontakt, miejsce badań**

dr hab. Michał Komorowski (m.komorowski@symbiosig.org tel. 228261281 w. 449), IPPT PAN, Pawińskiego 5b

**Opis Projektu**

Sygnalizacja biochemiczna jest kluczowym mechanizmem koordynacji organizmu we wszystkich aspektach jego funkcji. W organizmach wielokomórkowych, takich jak ludzkie ciało, biliony komórek, wielu różnych typów komórek komunikują się ze sobą poprzez uwalnianie tysiąca rodzajów cząsteczek, takich jak hormony, czynniki wzrostu, cytokiny lub chemokiny. Aberracje w procesach sygnalizacji mogą mieć szkodliwe konsekwencje, podczas gdy interwencje terapeutyczne w przekazywaniu sygnałów doprowadziły do licznych sukcesów współczesnej farmakologii. Matematyczne metody teorii informacji i probabilistycznego modelowania dynamicznego stanowią naturalne narzędzia do opisywania przepływu informacji w ścieżkach sygnalizacyjnych i sposobu kodowania bodźców w działaniach efektorów ścieżki. W szczególności teoretyczno-informacyjne pojęcie pojemności kanału wyraża całkowitą ilość informacji, które mogą przepływać przez dany system. System, dla którego pojemność informacji jest równa bitom  $C$ , może, na podstawie twierdzenia o kodowaniu Shannona, być interpretowany jako mający wierność sygnalizacji wystarczającą do uzyskania  $2^C$  różnych odpowiedzi z różnych poziomów bodźców. Głównym celem projektu będzie lepsze zrozumienie, w jaki sposób procesy sygnalizacji komórkowej mogą wyprowadzać wiele różnych wyników ze złożonych danych wejściowych oraz jak można wykorzystać te mechanizmy do wywołania terapeutycznie przydatnych zachowań. Obecne narzędzia teorii informacji mają zastosowanie tylko do bardzo małych systemów i dlatego mają ograniczone zastosowanie w modelowaniu systemów biologicznych. Aby przezwyciężyć to ograniczenie, potrzebne są nowe narzędzia analityczne i obliczeniowe teorii informacji matematycznych, które są odpowiednie do odzwierciedlenia złożonej biochemii procesów sygnalizacji. Wykorzystamy koncepcje opracowane w naszej grupie, jak podano w dokumentach wymienionych poniżej.

**Bibliografia**

1. An information-theoretic framework for deciphering pleiotropic and noisy biochemical signaling Tomasz Jetka, Karol Nienałtowski, Sarah Filippi, Michael PH Stumpf, Michał Komorowski, Nature communications, 2018, <https://doi.org/10.1038/s41467-018-07085-1>.
2. The Limited Information Capacity of Cross-Reactive Sensors Drives the Evolutionary Expansion of Signaling, Michał Komorowski and Dan S Tawfik, Cell systems, 2019, <https://doi.org/10.1016/j.cels.2018.12.006>
3. Information-theoretic analysis of multivariate single - cell signaling responses, Tomasz Jetka, Tomasz Winarski, Karol Nienałtowski, Sławomir Błoński, and Michał Komorowski PLOS Computational Biology, 2019, <https://doi:10.1371/journal.pcbi.1007132>

updated: June 6, 2019