

dr Małgorzata Dudkiewicz¹

dr Aleksandra Nowicka¹

dr Paweł Jankowski¹

dr Radosław Sikora¹

dr Piotr Śliwka^{1,2}

¹*Katedra Biometrii SGGW, Warszawa*

²*Katedra Nauk Ekonomicznych UKSW, Warszawa*

Zastosowanie Markov-Set Chains w analizie ewolucji genomów prokariotycznych

W dotychczasowych analizach czystej presji mutacyjnej w procesie ewolucji genomów bakteryjnych w większości przypadków zakładano stałość częstości substytucji nukleotydowych w czasie. Do modelowania przejść pomiędzy nukleotydami jako narzędzia matematycznego używano jednorodnego skończonego łańcucha Markowa (JSŁM). Na podstawie rozkładu ergodycznego charakteryzowano kierunek presji mutacyjnej badanego genomu. Ze względu na trudność weryfikacji założenia o jednorodności procesu wydaje się, że zastosowanie JSŁM jest nadmiernym uproszczeniem w badaniu problemu ewolucji genomów. W komunikacie zaproponowano bardziej uniwersalne podejście do badania presji mutacyjnej w oparciu o Markov-Set Chains, które nie wymagają założenia jednorodności ŁM.