



BUDAPESTI MŰSZAKI ÉS GAZDASÁGTUDOMÁNYI EGYETEM
GÉPÉSZMÉRNÖKI KAR
PATTANTYÚS-ÁBRAHÁM GÉZA DOKTORI ISKOLA

**BIOLÓGIAI MODELLEK MÉRNÖKI ALKALMAZÁSA;
ENTRÓPIA ALAPÚ ADAPTÍV KÉPTÖMÖRÍTÉSI ELJÁRÁSOK
KIDOLGOZÁSA**

PhD Tézisfüzet

Piros Sándor
okleveles villamosmérnök

Témavezető: Korondi Péter PhD, DSc.

Mechatronika, Optika és Gépészeti Informatika Tanszék

Budapest, 2014.

1. Bevezetés

Az interdiszciplináris kutatások fő jellemzője, hogy egy témát különböző szakterületek – például biológia, matematika, mérnöki és számítástechnikai tudományok - módszereivel közösen vizsgálunk és a végén a saját diszciplínánk számára hasznos eredményeket nyerünk.

Jóval a PhD tanulmányaim előtt elkezdtem az ismerkedést a biológia különböző szakterületeivel, így tettem szert mélyebb ismeretekre főleg a molekuláris biológia, sejtbiológia és fejlődésbiológia területén. Próbáltam a biológiai folyamatokat mérnöki szemlélettel megérteni, magyarázatra lelni egyes jelenségekre, másrészt pedig a mérnöki tudományok területén hasznosítható elképzeléseket találni és átvenni a természettől. Különösen a modellezés és dinamikus rendszerek szimulációja terén szerzett új ismeretek és a MATLAB programozásban szerzett gyakorlat volt hasznos ebben. A természet rejtelseinek fűrkészése egyfajta „reverse engineering”.

Azt a célt tűztem ki, hogy egy hipotézist állítsak fel arra vonatkozóan, vajon milyen rendszerben lehet tárolva-tömörítve az információ a kromoszómákban, ami a szervezet 3-dimenziós felépítésére vonatkozik. Az emberi szervezet nagyságrendileg 10^{14} sejtből épül fel, az egyes sejteket maximum 100-200 féle típusba lehet besorolni. Ehhez képest a genomunk „csak” $3,3 \times 10^9$ bázispárból áll (négy különböző DNS bázis létezik a természetben). Kutatómunkám során azzal foglalkoztam, vajon hogyan van programozva a sejtekben az összeállítási terv, ami alapján sorozatos osztódásokon keresztül kifejlődik egy élőlény?

Célom eléréséhez tanulmányoztam a rendelkezésre álló biológiai szakirodalmat, azon belül is a kromoszóma szerkezetével, topológiájával kapcsolatosakat. Véleményem szerint az ilyen típusú információkat nemcsak a genom, tehát a DNS lánc tartalmazza, hanem az is, ahogyan a DNS lánc kötődik a kromoszóma fehérjevázához, vagy ahogyan a DNS lánc metilációs mintázata változik sejtosztódási ciklusonként.

Ebben a konkrét esetben nemcsak arra számíthatunk, hogy sikerül egy hatékony módszert találni egy 2, 3 vagy több dimenziós adathalmaz tömörítésére, hanem a biológia számára is hasznos lehet, ha magyarázattal szolgálunk bizonyos jelenségekre. Amennyiben sikerül egy szemléletes modellt alkotni, az képes lehet megmagyarázni rendellenességeket, pl. bizonyos típusú daganatos elváltozásokat a sejtosztódások folyamán.

Minden többsejtű élőlény egyetlen sejtből, a zigótából fejlődik ki. A sejtosztódás során egy sejtből mindig két utódsejt keletkezik. Szakirodalmi áttekintések tartalmazznak leírást olyan biológiai kísérletekről, amik arra

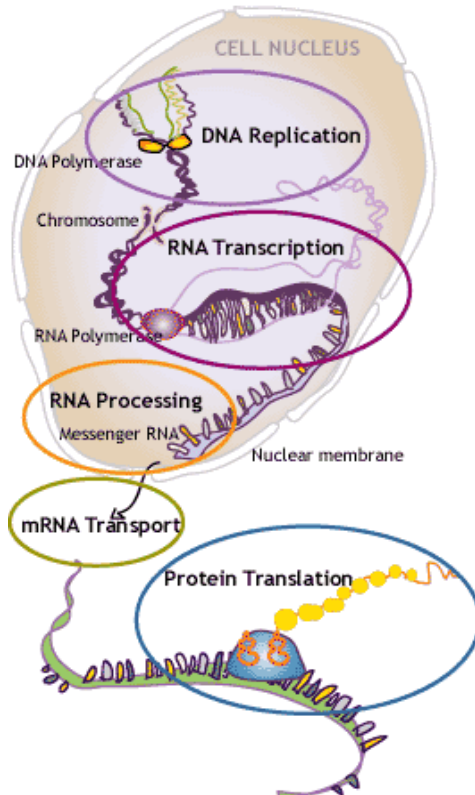
utalnak, hogy ok-okozati összefüggés lehet a DNS lánc másolatai és az utódsejtek típusa között. Ez alapján bevezettem egy sejt számozási rendszert.

Tanulmányoztam a sejtosztódás, sejt differenciálódás folyamatát és arra a megállapításra jutottam, hogy ez a folyamat tulajdonképpen egy inverz diszkrét wavelet transzformáció.

Ezt a természettől ellesett transzformációt dolgoztam ki két esetre:

- logikai változók esetére,
- diszkrét változók esetére.

Sikerült tömörítési módszereket kifejleszteni ezekhez a 2, 3 vagy több dimenziós transzformált adathalmazokhoz, pl. képek, térbeli mozgóképek vagy vektorterek tömörítésére.



1. ábra A molekuláris biológia központi dogmája:
DNS-ből lesz az RNS, RNS-ből a fehérje (nobelprize.org)

2. Irodalmi háttér

A biológia területén több szinten is találkozhatunk informatikai rendszerekkel. Az élőlények többféleképpen csoportosíthatóak, például egysejtűek és többsejtűek. A többsejtű élőlényeknek kétszintű információval, adathalmazzal kell rendelkezniük, először is az őket felépítő egyes sejt típus specifikus információval, másrészt pedig az egész szervezetet felépítő sejtek, szövetek összességére vonatkozó felépítési információval.

Az emberi test legalább 10^{14} sejtet tartalmaz, ezek mind egyetlen sejtől származnak egymást követő sejtosztódásokon át. A sejtek száma megduplázódik minden sejtosztódási ciklus után. A sejtek száma az n -edik ciklus után 2^n és az összes korábbi állapotok, vagy a sejtosztódások száma: $2^n - 1$. A ciklusok számának, ami ezt a mennyiségű (10^{14}) sejtet termeli, több mint $\log_2(10^{14}) = 47$ kell lennie. Ha figyelembe vesszük az apoptózist (programozott sejthalál), vagy egyéb sejtvesztéseket, akkor ez a szám még több. Milyen mennyiségű információnak kellene átöröklődni, ha ez nem lenne tömörítve a genomban? A különböző sejt típusok száma 100-200 körül van. Hasonlóan a genetikai kódhoz, ahol a lehetséges 20 aminosavat ($4^3 = 64$) DNS bázis hármasok kódolják, ezen analógia alapján bázis négyesek szükségesek (legalább 4 nukleotid bázis hosszú szavak) a különböző sejt típusok ($4^4 = 256$) kódolásához. Ahhoz, hogy a szervezet minden egyes sejtjének típusát megadhassuk, csak erre legalább $10^{14} \times 4$ bázis = 4×10^{14} nukleotid bázispárra lenne szükség a genomunkból. Ezzel szemben a genom hossza csak $3,3 \times 10^9$ bázispár, így ez a fajta információ, amely a test felépítésére vonatkozik, erősen tömörített lehet.

A sejt származástérkép tökéletes bináris fa struktúrát mutat, úgyszintén a DNS replikáció is bináris fa alakzatú. A legújabb kísérletek arra utalnak, hogy erős korreláció lehet e két jelenség között. Figyelembe véve ezt a tényt és a sejtosztódás természetét (szimmetrikus vagy aszimmetrikus), az embrionális fejlődést a wavelet transzformáció egy fajtájaként is le lehet írni.

A DNS felfedezése óta ismert, hogy ez a molekula az öröklődés hordozója (1. ábra). A DNS molekulák többnyire kromoszómák formájában vannak jelen a sejtekben. A DNS elsődleges szerepe a genetikai információ hosszútávú tárolása. A DNS-ek azon egységét, mely ezt a genetikai információt hordozza, géennek nevezzük. Minden egyes gén templátként (sablon) szolgál egy fehérje molekula felépítéséhez. A fehérjék esszenciális makromolekulák, melyek életfontosságú feladatot töltenek be a sejtek funkciójában, és egyben a szövetek építőelemei. A genetikai információ meghatározza a fehérje összetételét és funkcióját. A fehérjék húszféle aminosavból épülnek fel, rendszerint néhány száz aminosav kapcsolódik össze peptidkötéssel és

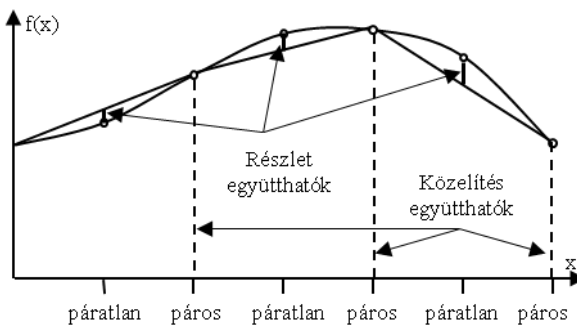
alkot egy fehérje molekulát. A fehérje aminosav szekvenciáját a hírvívő RNS, azaz mRNS molekula kódolja és a „gyár”, ahol az „összeszerelés” végbemegy az a riboszóma. A riboszóma RNS-molekulák és fehérjék konglomerátuma. Ezen RNS-molekulák templátjai a kromoszóma belsejében vannak tárolva kettősszalú DNS formájában. Ennek kell tartalmaznia azt a genetikai információt is, mely az élő szervezetek fejlődéséhez vezet.

A kódoló szekvenciák a genom 2-3 százalékát teszik csak ki, a maradék 98% az úgynevezett „junk” DNS. Ennek a „maradék” DNS-nek egy része ismert funkcióval rendelkezik, a többi funkciójának és szerepének kutatása kihívás a jelenlegi és a jövőbeni molekuláris biológusok számára is.

3. Számítási módszerek

3.1. Egydimenziós jel második generációs wavelet transzformációja

A hagyományos jelfeldolgozási transzformációk, mint a Fourier-transzformáció és az első generációs wavelet transzformációk jól működnek a végtelen vagy periodikus jelek esetében. A képek és az adathalmazok nagy része méretben kötött és általában nem periodikusak, de van egy kedvező tulajdonságuk, hogy a szomszédos elemek korreláltak. A 2. ábra egy egydimenziós (1D) jel második generációs wavelet transzformációját szemlélteti.



2. ábra Második generációs wavelet transzformáció szemléltetése

Az általános wavelet transzformáció két fő lépésből áll, szűrés (a jelet összehasonlítani a kernellel), amit egy felbontás csökkentési folyamat követ. A második generációs diszkrét wavelet transzformáció három lépésből áll. Első az adatok szétválasztása két részre, például a páros és páratlan sorszámúakra, prognosztizálni a páratlanokat a párosak segítségével, így generálni a részlet együtthatókat és végül frissíteni a páros részt a részletegyütthatók segítségével. Az inverz transzformációnak hasonló lépései vannak fordított

sorrendben. A legegyszerűbb az 1D jelek wavelet transzformációja.

Szűrés:

Az 1D rendszerben adott egy x bemeneti jel és a transzformáltja az y jel, az m a futóváltozó, akkor a jel lineáris állandó együtthatós különbségi transzformáltja így fejezhető ki:

$$\sum_{(k) \in \mathcal{R}_a} a_k y(m - k) = \sum_{(k) \in \mathcal{R}_b} b_k x(m - k)$$

A szűrők régiói \mathcal{R}_a és \mathcal{R}_b , a_k és b_k valós számok. Ezt a különbségi egyenletet átrendezve kapjuk, hogy ha $a_0 \neq 0$ és $(0) \in \mathcal{R}_a$ akkor a transzformált jel a következő lesz:

$$y(m) = - \sum_{(k) \in \mathcal{R}_a} a_k' y(m - k) + \sum_{(k) \in \mathcal{R}_b} b_k' x(m - k)$$

legyen a rekurzió iránya például balról jobbra tartó.

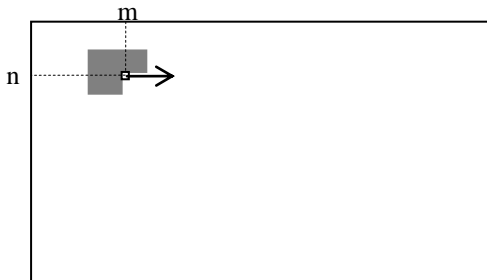
3.2. Kétdimenziós (2D) rendszer

Hogyan kell végrehajtani a wavelet transzformációt magasabb dimenziójú rendszerekben? Egy általános térbeli 2D rendszerben a két változó m és n , a lineáris állandó együtthatós differenciaegyenleteket így lehet leírni:

$$\sum_{(k,l) \in \mathcal{R}_a} a_{k,l} y(m - k, n - l) = \sum_{(k,l) \in \mathcal{R}_b} b_{k,l} x(m - k, n - l)$$

Ahol x a bemeneti kép, y a transzformált kép, $b_{k,l}$ az előrecsatolási együtthatók, $a_{k,l}$ a visszacsatolás együtthatók. A megoldás y -ra:

$$y(m, n) = \sum_{(k,l) \in \mathcal{R}_a} a'_{k,l} y(m - k, n - l) + \sum_{(k,l) \in \mathcal{R}_b} b'_{k,l} x(m - k, n - l)$$

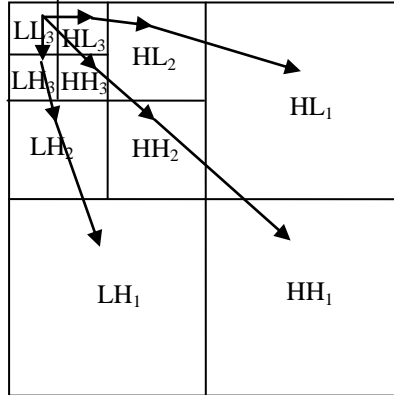


3. ábra. Szűrés progressziója 2 dimenziós rendszerben

A progresszió lehet pl. vízszintesen balról jobbra, függőlegesen fentről

lefelé soronként haladó, ahogy azt a 3. ábra is mutatja.

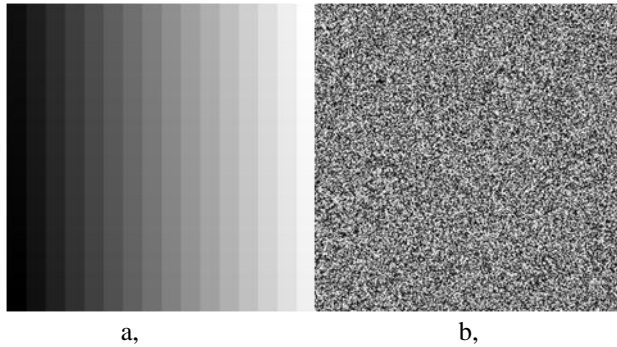
Mind a wavelet transzformáció, mind a sejtosztódási és differenciálódási lánc progressziója hierarchikus transzformáció. A 4. ábra egy példát mutat négyzet alakú kép hasonló alakú részletekké történő transzformációjára, ahol L a jel alacsony frekvenciás komponense, H a nagyfrekvenciás összetevője.



4. ábra. Példa egy kép hierarchikus transzformációjára 2D rendszerben

A tömörítési módszerek nagyon hasznosak például képek, adathalmazok vagy csomagok archiválásánál vagy átvitele során, csökkentik az adatmennyiséget, a memória szükségletet és az átvitelhez szükséges időintervallumot. A tömörítendő adathalmaz elemei közötti korreláció mértékétől függ a tömörítés mértéke. Jelentős különbségek vannak a tömörítési módszerek között. Minél nagyobb a korreláció (hasonlóság) egy elem és a szomszédjai között, annál nagyobb mértékű lehet a tömörítési arány az eredeti jel és a tömörített jel között.

A H a szürkeárnyaltos kép entrópiája, p egy adott intenzitás érték valószínűsége a képen, ha $b = 2$, akkor az entrópia egységét bitben kapjuk meg. Például az 5. ábrán a és b mindkettő 16 fokozatú szürkeárnyaltos kép, mindegyik fokozat egyenlő valószínűségű, így a két kép azonos entrópia értékű, a példánkban ez az érték egyenlő 4-gyel. Ahhoz, hogy magas tömörítési arányt érjünk el, az entrópiának alacsonynak kell lennie. Ha az entrópia mértéke valóban a rendezetlenséghez kapcsolható, akkor az a és b képek esetében az entrópia értékek eltérőek lennének. Az érzetünk pedig azt diktálja, hogy az a képet hatékonyabban lehet tömöríteni, mint a b képet, hiába tartalmaz mindkettő pontosan ugyanannyit minden egyes pixelértékből.



5. ábra. Azonos entrópia értékű 16 fokozatú szürkeárnyalatos képek, mindegyik fokozat egyenlő valószínűségű (John Loomis)

Általánosságban a kép entrópia definíciója:

$$H(x) = - \sum_{i=1}^n p(x_i) \log_b(p(x_i))$$

A tömörítési módszerek lehetnek veszteségmentesek vagy veszteségesek. Ez a biológiailag inspirált tömörítési módszer teljesen veszteségmentes, de a tömörítési arány további növelése érdekében akár egy veszteséges tömörítési eljárássá is módosítható. Ezen tömörítési eljárás feltételei: a jel legyen diszkrét és a kiterjedése pedig legyen korlátos.

3.3. *Matlab modellezés és szimuláció*

A dolgozatban említett minden képfeldolgozási, modellezési és szimulációs munka Matlab segítségével lett elvégezve. A Matlab egy mátrix alapú numerikus számítási program, grafikus megjelenítő felülettel is rendelkezik az eredmények ábrázolására. Számos eszköztár segíti a felhasználót különböző feladatok megoldásában. A Képfeldolgozás csomag szolgált a képek bevitelére a továbbiakban bemutatott kép átalakítási és tömörítési manipulációkhoz és a tRNS mozgás megjelenítésére. A dolgozatban szereplő minden számítást és szimulációt Matlabbal végeztem.

A Matlab erőssége a mátrix műveletekben rejlik, közvetlen mátrixalgebrai műveleteket jelentősen gyorsabban végez el, mint ciklusokat. Például a 3. ábrán bemutatott szűrés azt sugallja, hogy a képtranszformáló program egy kettős ciklus legyen az x és y tengely mentén. Az itt kidolgozott eljárások hierarchikus szerkezetéből adódóan közvetlen mátrix műveletekkel megoldhatóak, elkerülve a ciklusszervezést, ami a műveleti sebességet nagyságrendekkel növeli.

Természetesen vannak más rendelkezésre álló alternatívák is, mint például a Scilab vagy a LabVIEW. A Scilab nagyon hasonlít a Matlabra, a fő különbség, hogy a Scilab szabadon elérhető, de sajnos nincs semmilyen megbízható képfeldolgozó eszköztár hozzá.

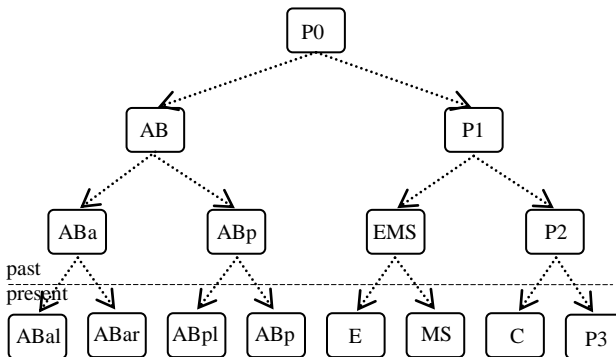
A LabVIEW egy grafikus programozási nyelv. A fent említett feladatokat meg lehet oldani LabVIEW-val is. (Ez a terv a jövőre nézve, a képtranszformációs eljárás már ki van dolgozva Labview segítségével is.)

4. Tézisek ismertetése

4.1. 1. Tézis

Minden többsejtű élőlény egyetlen sejtből, a zigótából fejlődik ki. A sejtosztódás során egy sejtől mindig két utódsejt keletkezik. Az irodalomkutatás során találtam olyan biológiai kísérlet leírásokat, amik azt bizonyítják, hogy ok-okozati összefüggés lehet a DNS lánc másolatai és az utódsejtek típusa között. Ez alapján bevezettem egy sejt számozási rendszert.

Mi az előnye egy sejtszámozási rendszer létrehozásának? Elsősorban lehetőségünk lenne megnevezni és azonosítani egy adott élőlény minden egyes sejtjét, másrészt, hogy megtudjuk állapítani mi a szerkezete vagy módszere a testi architektúra kódolásának.



6. ábra. *C. elegans* sejtvonala. P0 sejt volt a zigóta, 8 utódsejtje származott a harmadik sejtosztódás ciklus végére

A sejtosztódások bináris fa struktúráat követnek. A sejtvonalak rajzolásának története a mikroszkópia felfedezéséig nyúlik vissza, amikor a sejteket és szöveteket először felfedezték. A legtöbbet vizsgált élőlény egy féreg, *Caenorhabditis elegans* 959 szomatikus sejtjtel.

A 6. ábra a *C. elegans* sejtvonalaát mutatja a harmadik sejtosztódási cik-

lus után, a jelen lévő sejtek száma ebben a fázisban 8, az előzőleg létezett sejtek összes száma pedig 7. A sejtosztódások egy jól koreografált és dokumentált mintát követnek.

A DNS-molekulák kettős helixek. Hogyan lehet őket megkülönböztetni egymástól, ha ezek mind azonosak? Egy relatív DNS szál elnevezési módszer az egyik szálát Watson, a komplementer szálát Crick szálnak nevezte el. Célszerűbb lenne létrehozni egy konszenzusos elnevezést az egyes szálakra. A DNS másolás iniciálása a replikációs origó régiónál kezdődik. Ezek egy egyedi DNS-szekvencia mintát tartalmaznak. Az egyik szála timinben (T) gazdag, így következésképpen a komplementer szál adeninben (A) gazdag.

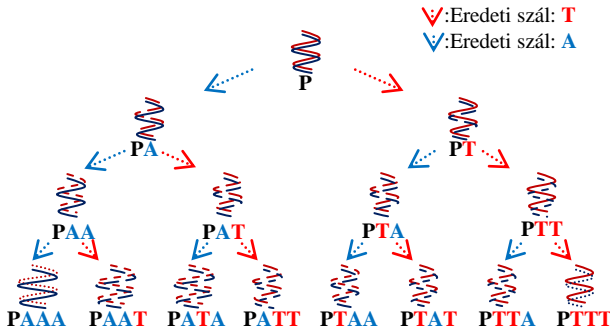
Autonóm módon replikálódó szekvencia (ARS) konszenzusos szála:

5'~**ATTTATGTTTT**~3'

így a hozzá illő komplementer szál a következő sorrendet tartalmazza:

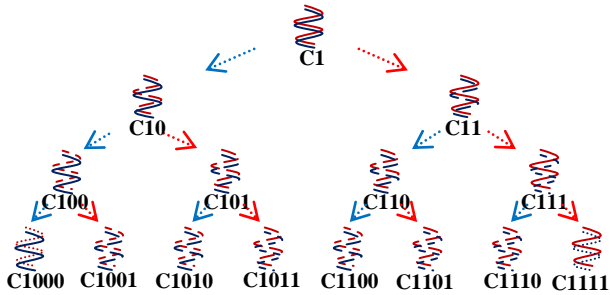
3'~**TAAATCAAAA**~5'

Azt a szálát, amelyik az első ARS- szekvenciát tartalmazza **T** szálnak hívhatjuk és az adeninben (A) gazdag komplementer szálát **A** szálnak.



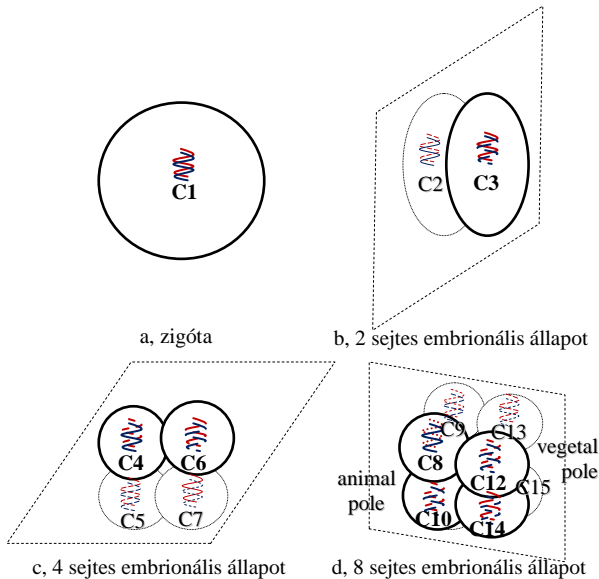
7. ábra. DNS-szál azonosítása

Egy többsejtű organizmus fejlődése a zigótától indul és a sejtosztódások bináris fa struktúrát követnek. Az egyszerűség kedvéért vegyünk példának egy élőlényt, aminek csak egyetlen kromoszómája van (mint például az ausztrál ugró hangya, *Myrmecia pilosula* a genomja egy pár kromoszómából áll, sőt a hímek haploidok, így csak egyetlen kromoszómájuk van). Meselson, M. és Stahl, FW (1958) bizonyította, hogy a sejtosztódás során minden kromoszóma DNS-szála szemi-konzervatíván másolódik. Egy bináris fát rajzolhatunk, ezen követhetünk minden egyes régi és újonnan szintetizált szálát, ahogy a 7. ábrán látható. A **P** sejt, az őst tartalmazza a két eredeti DNS-szálat és mindkét utódja egy régi és egy új szálát hordoz. Az **A** vagy **T** betű jelzi, hogy melyik szál az eredeti a kettő közül.



8. ábra. Az **A** és **T** betű cseréje 0 és 1-es számokra.

Egy sejtszámozási rendszer létrehozásához a betűket számokkal helyettesítjük, az azonosítószám utolsó számjegyének értéke legyen 0, ha az eredeti szál az **A** szál volt és 1-es szám a **T** betű esetében (8. ábra). Például a **C1000** számú sejt egy sejt a harmadik generációból (a harmadik sejtosztódási ciklus után), az eredeti zigóta (**C1**) **A** szálát tartalmazza, a **C1111** sejt a 3. generációból az eredeti **T** szálát tartalmazza, és így tovább.

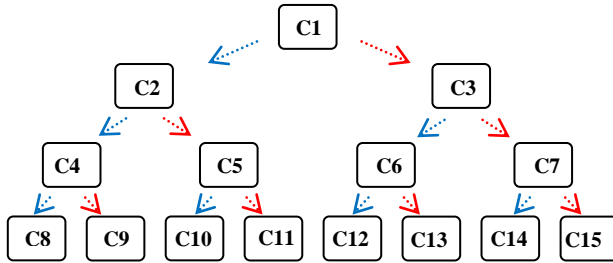


9. ábra. Embrionális fejlődés egymást követő sejtosztódással, a különböző orientáció síkok vannak jelölve

Jelenleg is folyik a fejtegetés a halhatatlan szál hipotéziséről, de azt nem vitatják, hogy magas fokú a korreláció szintje a sejt típusa és a kromoszóma

DNS szálának eredete között az utódokban. Ha azt mondhatjuk, hogy van korreláció a sejtvonala és a kromoszóma másolatok között \rightarrow replikált DNS-szálak, akkor jogosan hozhatjuk logikai kapcsolatba a két bináris fa struktúráját (lásd 6. ábra és 7. ábra).

A 9. ábra egyesíti a kettős entitást egy fejlődő embrión illusztrálva és azonosítja a sejteket ezekkel a hozzá tartozó sejt számokkal. Természetesen ez most még csak egy fiktív számozás, hiszen nem végeztek még ilyen kísérleteket a helyes azonosításra, de vannak kísérletek, amik ennek a létezésére utalnak. A sejt számok itt decimális számként jelennek meg (pl. $C1111_2$ bináris sejt szám megegyezik a $C15_{10}$ decimális sejt számmal).



10. ábra. Sejtosztódás bináris fa

Ezt a sejtosztódási fát szemlélve (7. ábra és 10. ábra) a legérdekesebb tény, amit megállapíthatunk, hogy két fő sejtosztódási irányt lehet kijelölni. Az eredeti **T** szál irányát követve vagy az **A**-kat követve. Gyakorlatilag az sem lenne lehetetlen, hogy két különböző lény genomja legyen elrejtve egy DNS kettősspirálban.

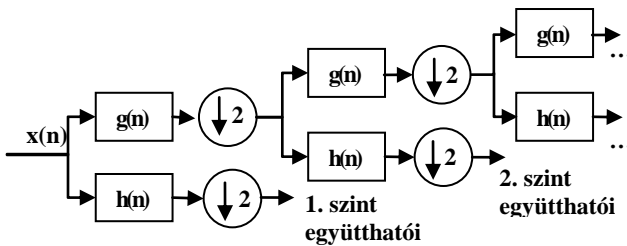
	$y_1=0; y_0=0$	$y_1=0; y_0=1$	$y_1=1; y_0=0$	$y_1=1; y_0=1$
$x_1=0;$ $x_0=0$	$C_{16}=a_{00,00}$	$C_{18}=a_{00,01}$	$C_{24}=a_{00,10}$	$C_{26}=a_{00,11}$
$x_1=0;$ $x_0=1$	$C_{17}=a_{01,00}$	$C_{19}=a_{01,01}$	$C_{25}=a_{01,10}$	$C_{27}=a_{01,11}$
$x_1=1;$ $x_0=0$	$C_{20}=a_{10,00}$	$C_{22}=a_{10,01}$	$C_{28}=a_{10,10}$	$C_{30}=a_{10,11}$
$x_1=1;$ $x_0=1$	$C_{21}=a_{11,00}$	$C_{23}=a_{11,01}$	$C_{29}=a_{11,10}$	$C_{31}=a_{11,11}$

11. ábra. Pixel számozás és a megfelelő bináris fa azonosító számai

Ebben az értekezésben az egyszerűség és a jobb megértés érdekében a minta organizmust úgy jelenítjük meg, mint egy 2D objektumot (11. ábra), aminek az elemei a lánysejtek. Minden ciklus után az elemek száma meg-

duplázódik, egyszer az x irányban, legközelebb az y irányban. Ha megnézzük az eredményként kapott elrendezést, az egy 2^n képpontos, n -edik ciklus utáni kétdimenziós képre hasonlít (példánkban ennek a képnek a 4. ciklus után 4×4 pixele van).

Nézzük ezt a képet más szemszögből, adott egy $M \times M$ pixel méretű kép, ahol $M = 2^m$. Az eljárást ellenkező irányban követve, mint ahogy a természetben láttuk, megfelelve az elemek számát minden ciklusban, egy képtranszformációs algoritmust hoztunk létre. A célunk az, hogy megtudjuk melyik ismert algoritmushoz hasonlít. Mivel minden ciklusban felére csökken a pixelek száma, ez azt jelenti, hogy átméretezzük a képet 2-es tényezővel (downscale). A diszkrét wavelet transzformáció (DWT) ugyanazt teszi (12. ábra), lebontja a képet egy felüláteresztő és egy aluláteresztő szűrő segítségével. A $h(n)$ felüláteresztő szűrő szolgáltatja a részlet együtthatókat, a $g(n)$ szűrő a becslési együtthatókat szolgáltatja. A kép nagyfrekvenciás együtthatóinak mintakonverziója után megkapjuk az első szint együtthatóit és az alacsony frekvenciájú együtthatók mintakonverziójával kaphatjuk a további (második és így tovább) szintű együtthatókat.



12. ábra. Általános DWT szemléltetése lépcsőzetes szűrősor segítségével

Összefoglalás

Egy sejt számozási rendszert javasolva képesek lehetünk megnevezni és azonosítani egy előd kromoszóma minden egyes leszármazott példányát (zigóta, gyakorlatilag az első sejt szexuális sejtosztódás vagy crossing over után). Feltételezhetjük, hogy a sejtosztódás (aszexuális) jól koreografált, így feltehető, hogy a DNS kettős láncának pontosan ugyanaz a fele marad mindig a régi sejtben és mindig a másik megy az új sejtbe (halhatatlan szál hipotézis). A sejtvonalak és ezen számozási rendszer összekapcsolása segíthet abban, hogy megértsük, hogyan lehet tárolva a genomban a test felépítésére vonatkozó információ. Minden sejt a néhány száz sejtípus egyikébe tartozik. A keletkező új sejtek új helyet, pozíciót foglalnak el a 3-dimenziós térben, úgy tekinthető, mintha egy kép lenne. Tekintve a sejtosztódást követő differenciálódás mintázatát, ezt a folyamatot a legjobban egyfajta wavelet transz-

formációként lehet meghatározni. A sejtosztódás és differenciálódás leírása közelebb visz ahhoz, hogy megértsük, hogyan vannak tömörítve a testi felépítésre vonatkozó adatok, mi a lehetséges struktúrája ennek az információnak. Ezek alapján kifejleszthető egy adathalmaz transzformáció és tömörítési algoritmus, tárolási és átviteli célokra.

4.2. 2. Tézis

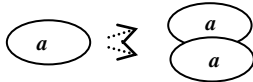
Sejtosztódások osztályozása.

Két típusa van a sejtosztódásnak: szimmetrikus és aszimmetrikus sejtosztódás, de mindkét esetben legalább az egyik leány sejtnek úgy kell kinéznie, mint amilyen az elődje volt.

Szimmetrikus sejtosztódás

Egy mitotikus sejtosztódási ciklus befejezése után egy eukarióta sejt két azonos leánysejtet hoz létre.

Egy „a” típusú sejt két „a” típusú sejtet eredményez.



Aszimmetrikus sejtosztódás

Ellentétben a szimmetrikus sejtosztódással, a kapott leány sejtek különböző típusúak. Az egyik ugyanaz lesz mint a prekursor, míg a másik sejt más típusúvá lesz.

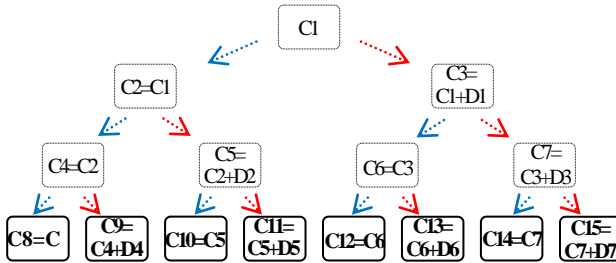


Valódi aszimmetria esetében egy „a” típusú sejt azonnal egy „a” és egy másik „b” típusú sejté fog osztódni és fejlődni. **Külső** (indukált) **aszimmetria** esetében, közvetlenül sejtosztódás után a leánysejtek hasonlóak, de később a környezet idézhet elő differenciálódást, mivel az egyik közülük kölcsönhatás, vagy a szomszédjai hatására másfajtvá változhat.

Nézzük az első sejtosztódási ciklust, függetlenül attól, hogy szimmetrikus vagy aszimmetrikus-e a sejtosztódás, mindenképpen az utódok egyike hasonló lesz az eredetihez, azaz $C2$ hasonló a $C1$ -hez, $C3$ lehet azonos vagy ettől eltérő, attól függően, hogyan van a sorsa kódolva a test tervében. $C3=C1 + D1$

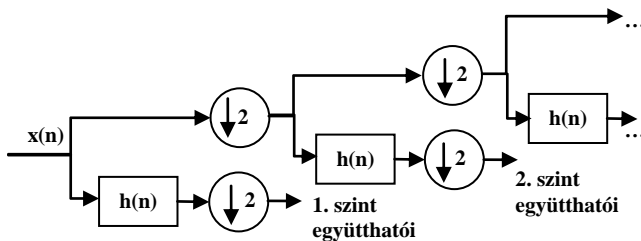
Szimmetrikus sejtosztódás esetében $C3=C1$, így $D1=0$, vagy abban az esetben, ha a sejtosztódás aszimmetrikus $C3 \neq C1$ és ezért $D1 \neq 0$. És így to-

vább ... a 13. ábrán szemléltetett pillanatban a $C8 \dots C15$ az aktuális sejtek, $C1 \dots C7$ sejtek a korábbi állapotokban léteztek. Ebben a példában $C8=C4=C2$ $C10=C5$, $C12=C6=C3$ és $C14$ is feltétlenül hasonló $C7$ -hez ($C14=C7$). A $C9$, $C11$, $C13$ és $C15$ sejtek értékei (sejtípus) $D4$, $D5$, $D6$ és $D7$ -től függenek.



13. ábra. Sejt differenciálódás.

Ha megnézzük a sejtosztódás, sejt differenciálódás biológiai folyamatot a kimeneti végétől, a „fordított sejtosztódás”-t lehet úgy elemezni és értelmezni, mint egy képtranzformációt. A 14. ábra mutatja, hogy mi a fő különbség a fordított biológiai progresszió és az általános diszkrét wavelet transzformáció között. Hogyha bármilyen típusú sejtosztódás után a leánysejtek egyike mindenképpen azonos kell hogy legyen a közös előddel, ez azt jelenti, hogy a fordított fejtegetésben az aluláteresztő szűrés egy egyszerű mintakonverzióvá fajul (downsampling). A megfelelő wavelet ábrázolása a 12. ábrán látható általános eset helyett olyan lesz, mint ami a 14. ábrán szerepel.

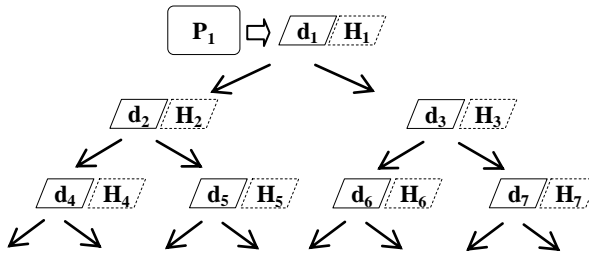


14. ábra. „Fordított sejtosztódás” reprezentálása kaszkád szűrőkkel

A 2. tézis képtranzformációja egy bináris fa szerkezetet eredményez és a részlet koeficiensnek lesznek a fa elemei. Függetlenül attól, hogy milyen dimenziójú volt az eredeti jel, kép vagy adatbázis, az eredmény egy bináris fa alakú részlet koeficiens „halom” lesz és az egyetlen megmaradt közelítés együttható (17. ábra). Ha az elemek száma az eredeti adatbázisban: 2^N , akkor

a lépések száma, hogy létrehozzuk a teljes bináris fát az: N , a részlet együtt-
hatók száma: $2^N - 1$ (szélsőséges eset ha: $N = 1 \rightarrow$ az egy részlet együttthatót és
egy közelítés együttthatót ad). Abban az esetben, ha az elemek száma nem
egyenlő 2-hatványával, akkor javasolt párnázó elemeket beilleszteni.

Számos részlet koefficiens, azaz a bináris fa több eleme 0, vagy 0-hoz
közeleli érték, amikor a képpontok szorosan korrelálnak a szomszédjaikkal.
Amennyiben valamelyik része a képnek egyenletes, vagy a minta kiszámít-
ható, akkor a részlet együtttható bináris fa megfelelő ága csak 0 értékeket tar-
talmaz.



15. ábra. P_1 az első közelítés elem és $d_1 \dots d_{2N-1}$ a transzformált kép
részlet koefficiensei. "H" változó utal az entrópia szintre a bináris fa
adott ágában.

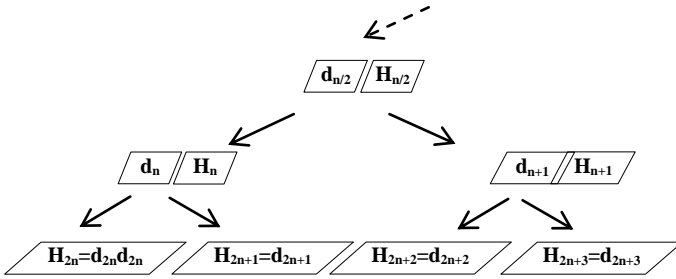
Ha biztosak vagyunk abban, hogy egy fa egy ága csak 0 értékeket tar-
talmaz, akkor elhagyhatjuk a fának azt az ágát. Vezessünk be egy belső H
változót, ez azt mutatja, hogy egy ágban a jel zavart vagy zavartalan. A H
egyfajta entrópia érték, legyen az entrópia $H = 0$, amikor a fa ága csak $d = 0$
értékeket tartalmaz és $H \geq 1$, ha valamelyik részlet együtttható nagyobb mint
0 ebben az ágban. A 15. ábra ábrázolja ezeket az entrópia értékeket a bináris
fa részlet koefficiensei mellett.

Hogyan lehet előállítani ezeket az entrópia-szerű koefficienseket? Ennek
értéke legyen egyenlő 0, ha a bináris fa adott ágának összes részlet együtttha-
tója nulla volt, és ezenfelül legyen hasonló értékű, mint a részlet koefficien-
sek, amikből generálódtak.

$$H_n = \frac{d_n + \frac{H_{2n} + H_{2n+1}}{2}}{2}$$

$$D_n = d_n - \frac{H_{2n} + H_{2n+1}}{2}$$

$$E_n = H_{2n+1} - H_{2n}$$



16. ábra. A "H" entrópia bináris fa egyik ágának végződése

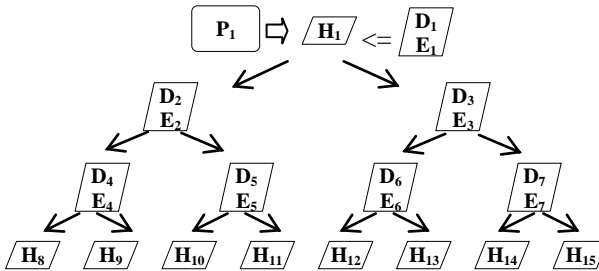
Kétfajta szélsőséges eset van: a fa tetején, d_1 és H_1 és a másik véglet, a legalacsonyabb szinten, a tömörítés legelején.

A legszó szinten legyen az H az entrópia értéke egyenlő a „d” részlet koefficienssel és a fa tetején H_1 legyen:

$$H_1 = \frac{d_1 + \frac{H_2 + H_3}{2}}{2}$$

$$D_1 = d_1 - \frac{H_2 + H_3}{2}$$

$$E_1 = H_3 - H_2$$



17. ábra. A tömörített kép D és E koefficienssei

A H változó az entrópia szintre utal a bináris fa adott ágában, lásd 16. ábra.

Összefoglalás

Ez a tézis egy algoritmus leírása diszkrét adathalmaz transzformálására és tömörítésére tárolási és átviteli célokra. A transzformáció ugyanazon az algoritmuson alapul, ahogy egy többsejtű élőlény kialakul egyetlen sejtből egymást követő sejtosztódásokon és differenciálódási lépéseken keresztül. Ez az algoritmus hatékony módszer korrelált vagy erősen korreláló diszkrét, kvantált analóg jel, kép vagy többdimenziós adathalmaz kezelésére. Ennek

az algoritmusnak egy speciális, fejlődésbiológia ihlette bináris fa struktúra az alapja, hasonlóan ahhoz, ahogy egy többsejtű szervezet kialakul egyetlen sejtből. Ez a természetben megfigyelhető folyamat tulajdonképpen egy inverz transzformáció, ami alapján egy ennek megfelelő wavelet transzformációs módszert is lehet készíteni.

Különböző módszerek léteznek digitális jelek, adatbázisok vagy képek tömörítésére, mindegyiknek van valamilyen különleges tulajdonsága. Az itt bevezetett eljárás egy entrópia alapú adaptív tömörítési módszer, fő jellemzője a hierarchikus felépítés és az entrópia alapú tömörítés. Egy adatbázis wavelet transzformáltját el lehet rendezni egy bináris fa alakú struktúrává, ami a kiindulási pontja ennek a tömörítésnek. Egy kép összetettségének foka változó, különböző részeinek különböző az információ tartalma. A részletekben gazdag régiók terjedelmesebb leírást igényelnek, mint a nyugodt, kiszámítható részekből állók. A feladat megoldására egy új típusú változó került bevezetésre, ami a kép egy adott területének entrópiáját testesíti meg. Minél magasabb az értéke ennek az entrópiára utaló változónak, annál nagyobb a terület részletgyűrűthetőségének jelentősége.

4.3. 3. Tézis

Bármely többsejtű élő organizmus egyetlen sejtből fejlődik egymást követő sejtosztódásokon keresztül. Sejtosztódás után a leánysejtek egyike megtartja a kezdeti sejt tulajdonságait, a másik lehet ezzel azonos vagy különböző is. Egy élőlény minden sejtje ugyanazt a genetikai információt tartalmazza. Egy sejt típusát a génexpressziós profilja határozza meg, egyes gének transzkripciója engedélyezve van, másoké represszált epigenetikus módosítások révén, mint például a DNS-metiláció és demetiláció. A 18. ábra egy adott gén állapotát reprezentálja. Az első generációban csak egy sejtünk van, ennek a génnek G_I az állapota (logikai 0 vagy 1). A második generációban a leánysejtek egyike megtartja ezt az állapotot,

$$G_{I0}=G_I$$

a másik testvérsejt hasonló génjének állapota vagy azonos vele vagy ellentétes.

$$G_{II}=G_I \text{ vagy } G_{II}=\sim G_I$$

*(\sim logikai negálás)

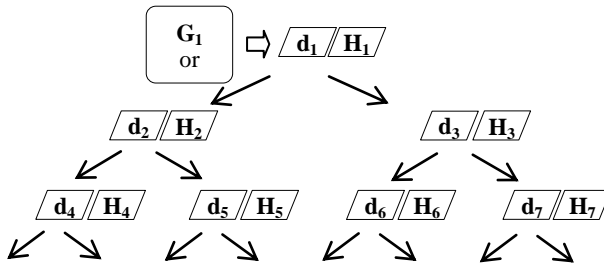
Hogyan lehet leírni a leánysejt ezen adott génjének differenciálódását? A d reprezentálja, hogy a gén expressziója a sejtosztódás után azonos-e vagy megváltozott.

A $d = 0$ jelenti az ugyanolyan állapotot, $d = 1$ a megváltozott állapotot.

ez valójában egy inverz képtranszformáció.

Ha van egy sor logikai változók és az elemei ennek az adatbázisnak korrelációban vannak egymással, akkor képesek vagyunk prognosztizálni bármelyik elemét több mint 50%-os valószínűséggel. A becslt érték meghatározásához általában a közvetlen szomszéd vagy szomszédjai értékéből indulunk ki. A wavelet transzformáció alapelve - és néhány más transzformáció is - az elemei közötti összehasonlítás. Az ilyen típusú transzformációk eredménye rendszerint egy tökéletes bináris fa. Minél magasabb az elemek kiszámíthatósága, annál nagyobb a nullák százalékos aránya a transzformált képben, az egyesekhez képest. Minden bináris képtranszformáció célja az, hogy csökkentsék a 1-ek számát a 0-khoz viszonyítva. Ez bármely tömörítési módszer hatékonyságát növeli. A 2. tézis kimutatta, hogy a sejtosztódás és differenciálódás egyfajta wavelet transzformációhoz hasonlít, nevezetesen egy inverz transzformációhoz. Ez a tézis egy elképzelést ad arról, hogy milyen bináris adathalmaz transzformációt és tömörítést használhat a természet, továbbá hogyan alkalmazható ez a módszer kép vagy adatbázis tömörítésére.

A 19. ábrán a G_1 lehet egy biológiai rendszerben egy gén állapota vagy lehet egy pixel értéke. Az egymást követő osztódásokkal jutunk el a teljesen kifejtett organizmushoz. Ha ez egy képfeldolgozási algoritmus, akkor ez valójában egy inverz transzformáció. Amikor a kép néhány része egyenletes, vagy a minta kiszámítható, akkor a részlet együtthatók bináris fájának megfelelő ága csak **0** értékeket tartalmaz.



20. ábra. "H" változó az entrópia szintet jelezi a bináris fa adott ágában

Ha biztosak vagyunk abban, hogy a fa egy ága csak logikai 0 értékeket tartalmaz, akkor elhagyhatjuk a fának ezt az ágát. Vezessünk be egy H logikai belső változót, ami megmutatja, hogy az adott ág tartalmaz-e bizonytalanságokat (20. ábra).

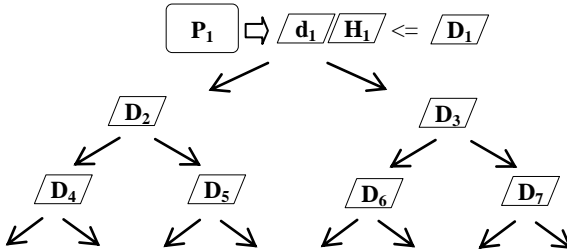
$$H=0$$

mikor az adott ág entrópiája 0 és

$H=1$

amikor az entrópia értéke magasabb mint 0.

A biológiailag inspirált wavelet transzformáció eredmény egy bináris fa, az újonnan bevezetett belső változó entrópia együttthatók is egy hasonló méretű fa alakban strukturáltak (21. ábra).



21. ábra. "d" részlet együtttható és a "H" entrópia együtttható helyébe lép a "D" többértékű változó

A d részlet koefficiens helyett vezessünk be egy másfajta együttthatót, nevezzük D -nek. A D értékeknek nyilván tartalmazniuk kell információt az adott d együttthatók aktuális értékéről és frissítenie kell a belső entrópia változó H értékét.

Többértékű logikai változó

A D változónak több mint két értékének kell lennie, nem csak az „igaz” vagy „hamis”. Amellett hogy a d részlet együttthatókat kódolja, további információt is meg kell adnia a H entrópia belső változó frissítésére. D egyfajta fuzzy változó.

Összefoglalás

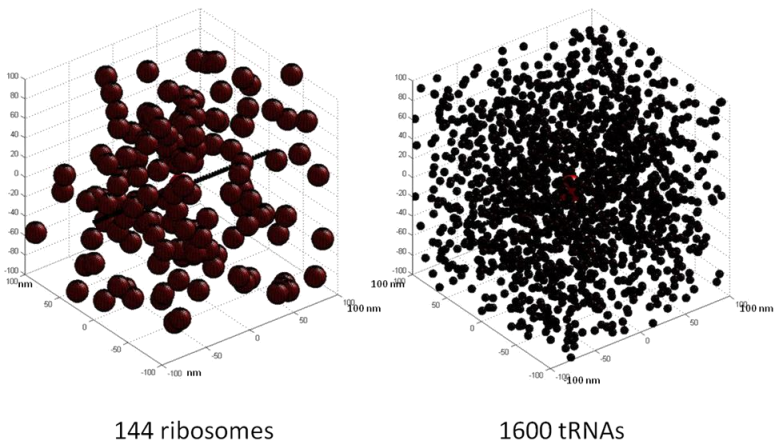
Bármely többsejtű élő organizmus egyetlen sejtből fejlődik ki, egymást követő sejtosztódásokon keresztül. Sejtosztódás után az egyik leánysejt megtartja a kiindulási sejt tulajdonságait, a másik lehet azonos vagy különböző. Egy élőlény minden sejtje ugyanazt a genetikai információt tartalmazza. Egy sejt típusát a génexpressziós profilja határozza meg, ami azt jelenti, hogy egyes gének transzkripciója engedélyezve van, míg másoké elhallgattatva epigenetikus módosítások által. Ez a tézis egy algoritmust ír le, ami logikai adatbázis transzformálására lett kifejlesztve tárolási és átviteli célokra. Ez az algoritmus hatékonyan kezel korrelált vagy erősen korreláló logikai adathalmazokat. Az algoritmus egy speciális fa struktúra segítségével alakít át egy többdimenziós adatbázist bináris fa szerkezetté, egy természetes algoritmust követve. A továbbiakban néhány lehetséges megközelítést is bemutat

a tézis arra, hogyan lehet tömöríteni ezt a fajta bittérképet. A legfőbb előnye ennek a veszteségmentes módszernek az, hogy a rekonstruált kép felbontása duplázódik minden egyes lépéssel.

4.4. 4. Tézis

A cél egy modell kidolgozása volt a tRNS molekulák mozgására vonatkozóan bakteriális citoplazmában és szimulációk futtatása különböző tRNS-koncentráció és sebesség feltételek mellett. A fehérjeszintézis fő kritériuma, hogy a szükséges aminosav a riboszóma közelében a kellő időben rendelkezésre álljon. Ezért megvizsgáltuk az aa-tRNS molekulák térbeli mozgását vagy elhelyezkedését a citoplazmában a kérdéses - az adott aminosavval töltött - aa-tRNS szemszögéből nézve.

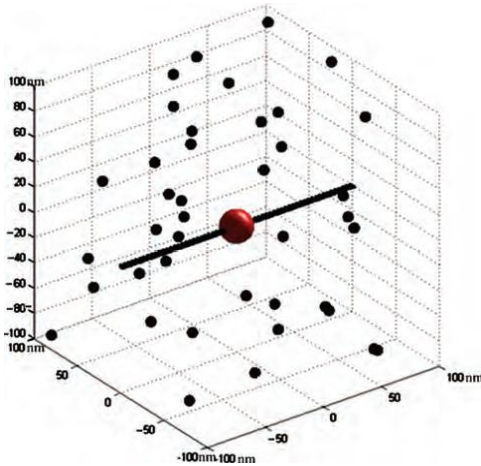
Egy 3-dimenziós modell és Matlab szimulációs program lett kifejlesztve, amiben a részecskék a Brown-mozgás szabályait követik. A különböző méretű részecskék sebessége az irodalomban (Project CyberCell *E.coli* Statistics) található adatok szerint lett közelítve. Az aminosavak összeállítási üteme átlagosan 20 ms bázisonként, tehát ha a szimulációs eredmények azt mutatnák, hogy az összeállítási sebesség illeszkedik a megadott időkeretbe, akkor lehetne arra következtetni, hogy a kiválasztási folyamat tisztán statisztikai vagy véletlenszerű.



22. ábra. Szimulációs tér az mRNS-el, 144 riboszóma, 1600 tRNS

A szimulációs eredmények azonban azt mutatják, hogy a leendő egymást követő kognáns tRNS-eknek nincs reális esélyük elérni a riboszómát elfogadható mértékben normál körülmények között. A szimuláció csak akkor eredményez egy vagy több célt érő tRNS-t, ha a kognáns tRNS-ek száma

vagy az időintervallum eltűzött. Szimulációs tér és a részecskék láthatók az 22 és 23-as ábrán.



23. ábra. Kognáns tRNS-ek mozgás szimulációja.

Mivel a bemutatott modell bebizonyította, hogy szinte lehetetlen a tRNS-nek elérnie a riboszóma 'A' helyét véletlenszerű mozgással, igyekeztünk lehetséges magyarázatokat találni erre a biológiai jelenségre. Három különböző forgatókönyvet javasoltunk, az 1. Táblázat foglalja ezeket össze.

Összefoglalás

Transzfer RNS-ek (tRNS-ek) képesek felismerni egy adott aminosavat a lehetséges 20-as halmazból. Ezek szállítják a fehérje építőköveit a riboszómához, a helyhez, ahol az aminosavak összeállnak fehérje láncokká. A sejtek túlélésének kritériuma, hogy a riboszóma pontosan és gyorsan válassza ki a tRNS-eket. A tézis célkitűzése, hogy kidolgozzon egy előzetes és egyszerű modellt a tRNS molekulák mozgására a baktérium (*Escherichia coli-E. Coli*) citoplazmájában. Az aminoacyl-tRNS-ek (aa-tRNS vagy töltött tRNS) térbeli mozgása/elhelyezkedése lett vizsgálva a citoplazmában, az adott aa-tRNS szemszögéből nézve. E cél elérése érdekében a hírvivő RNS, a riboszómák és a tRNS molekulák közötti kölcsönhatás vizsgálatára egy kinetikus modell született. A szimulációk célja volt megvizsgálni a szükséges feltételeit annak, hogy a tRNS egy adott aminosavat a riboszómához szállítson a biológiailag elégséges időkereten belül. A szimulációk eredményei azt mutatják, nem valószínű, hogy a tRNS-ek képesek elérni a riboszóma „A” helyét véletlenszerű mozgással.

Végül a tézis három potenciálisan lehetséges mechanizmust javasol a

tRNS kiválogatódás magyarázatára a prokariotákban (megkülönböztetésül az „initial selection”-től ebben az értekezésben „pre-selection”-nek nevezve).

1. **Táblázat.** Lehetséges magyarázatok összehasonlító táblázata

Hipotézis	Előny	Hátrány	Vélemény
1. A riboszómák tárolják tRNS-eket és előválogatják őket.	-	Az időkeret nem elegendő.	Nagyon valószínűtlen.
2. Jelátvitel van a riboszóma és a kognáns tRNS között.	Logikus magyarázat. Nincs ellentmondásban semmivel.	Nincs megfigyelés arra, hogy lenne jelátvitel vagy valamilyen speciális erő a tRNS és a riboszóma között. Nem ad magyarázatot a wobbling effektusra.	Lehetséges. Biológiai kísérletek elvégzésével és megfigyelésekkel lehetne igazolni vagy cáfolni.
3. A tRNS-ek a riboszómát előre kiválogatva érik el.	Logikus magyarázat. RNS-RNS kölcsönhatás ismert jelenség. Meg lehet vele magyarázni a wobbling effektust is.	Nincs semmilyen megfigyelés.	Lehetséges. Biológiai kísérletek elvégzésével és megfigyelésekkel lehetne igazolni vagy cáfolni. Új modellezésre és szimulációra van szükség.

5. Tézisek összefoglalása

5.1. 1. Tézis

Amennyiben egy többsejtű élőlényt egy háromdimenziós objektumnak tekintünk, úgy a sejtosztódás és differenciálódás progressziója leírható wavelet transzformációval. Ennek alátámasztására:

- 1.a. egy sejt számozási rendszert állítottam fel, amely megvalósítja a wavelet transzformáció alkalmazhatóságát,
- 1.b. igazoltam, hogy létezik olyan wavelet transzformáció, ami hasonló bináris fával ábrázolható, mint a sejtosztódás progressziója,
- 1.c. megmutattam, hogy a sejtosztódás térbeli irányultságához hasonlóan lehet a wavelet transzformációhoz szükséges „felbontás csökkentésnek” (downsampling) is különféle térbeli irányultsága.

Kapcsolódó publikációk: [5], [7], [10], [11], [13].

5.2. 2. Tézis

A tézisben ismertetett biológiai indíttatású többdimenziós kép, diszkrét adathalmaz wavelet transzformációjára és tömörítésére szolgáló eljárás megalkotása során:

- 2.a. Analógiát mutattam ki a sejtosztódás kromoszóma szintű bináris fája és egy többdimenziós kép vagy diszkrét adatbázis 1. tézis szerinti wavelet transzformációja között. Ez a transzformált adathalmaz lesz alkalmas az alább ismertetett tömörítésre.
- 2.b. Definiáltam egy képredezettségre vonatkozó entrópia jellegű fogalmat. Ezt felhasználva kidolgoztam egy hierarchikus diszkrét adathalmaz vagy képtömörítési módszert.

Kapcsolódó publikációk: [3], [4], [8], [10].

5.3. 3. Tézis

Egy gén állapota voltaképpen egy logikai változónak tekinthető, sejtsztódások közötti megváltozása bináris fa alakban ábrázolható, szintűgy egy bináris logikai adathalmaz, bittérkép vagy monokromatikus kép is, ezért:

- 3a. Kidolgoztam egy algoritmust, amellyel leírható a gén szintű sejtsztódás és differenciálódás, és amivel egy több dimenziós bitkép is bináris fa alakba transzformálható. Ez a logikai változós transzformáció strukturális hasonlóságot mutat a 2. tézisben ismertetett diszkrét wavelet transzformációval.
- 3b. Ezen bináris fa transzformációhoz olyan entrópia fogalmat alakítottam ki, mely alkalmas logikai adathalmazok, bináris képek tömörítésére. Ez alapján egy hierarchikus entrópia alapú képtömörítési módszert dolgoztam ki bittérképek vagy bináris képek tömörítésére Boole-algebra és többértékű logikai változók felhasználásával.

Kapcsolódó publikációk: [6], [9], [10], [12].

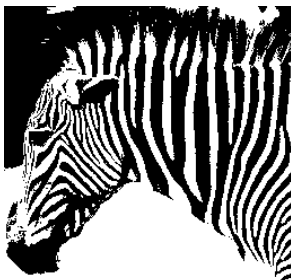
5.4. 4. Tézis

Egy előzetes kinetikai modellt állítottam fel a szállító RNS (tRNS) fizikai mozgásának modellezésére *Escherichia coli* baktérium citoplazmájában. A kapott szimulációs eredmények azt a hipotézist igazolják, hogy a tRNS molekulák véletlenszerű Brown-mozgással nem tudják olyan ütemben megközelíteni a riboszómát, ami elegendő lenne a fehérjeszintézis sebességének fenntartásához.

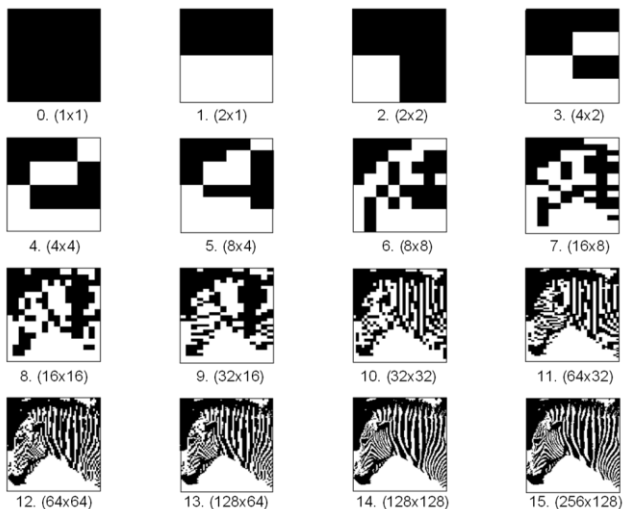
Kapcsolódó publikációk: [1], [2], [14].

6. Alkalmazási lehetőségek

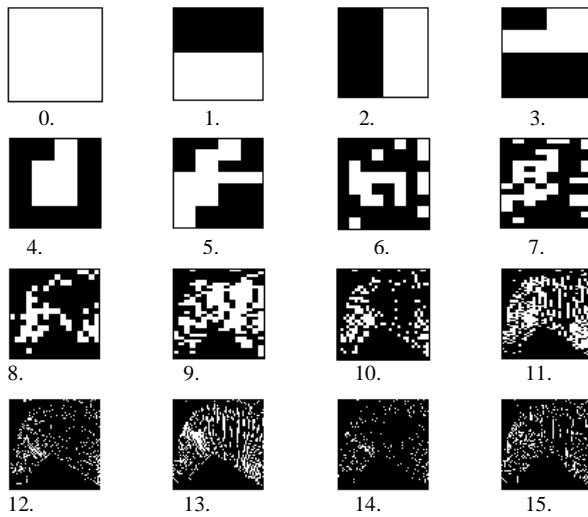
A 3. tézisre a 25. ábra mutat egy példát, (24. ábra az eredeti kép) 15-ös sorszámú részlet az első szintű szűrés utáni kép (256x128 pixel) és visszafelé 14 ... 0 vannak a közelítés koefficienssek (egyszerű felbontás csökkentés). A 26. ábra mutatja a megfelelő részlet koefficienseket, a legtöbb részlet koefficiens értéke 0 (fekete).



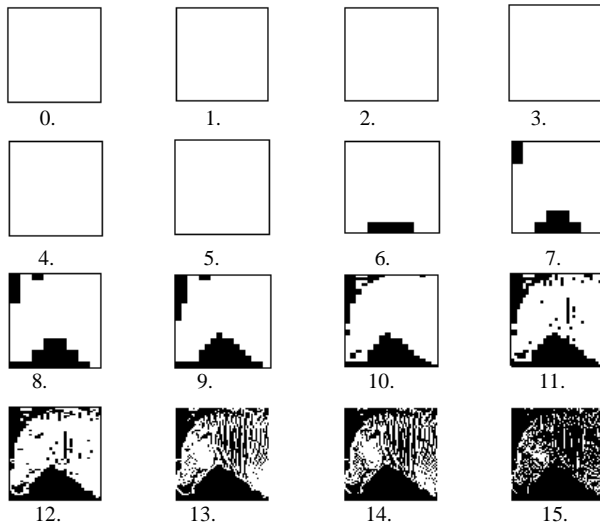
24. ábra. A tömörítendő kép, mérete 256x256 pixel



25. ábra. Képtranszformáció és inverz transzformáció, ahogy visszaáll az eredeti kép (logikai változó)



26. ábra. Az átalakított kép részlet koefficiensei.



27. ábra. A kép H entrópia értékei

A 27. ábra mutatja az előző példa esetében a kép entrópia értékeit mind a 16 szinten, a 3. tézisben ismertetett tömörítési módszer szerint számolva.

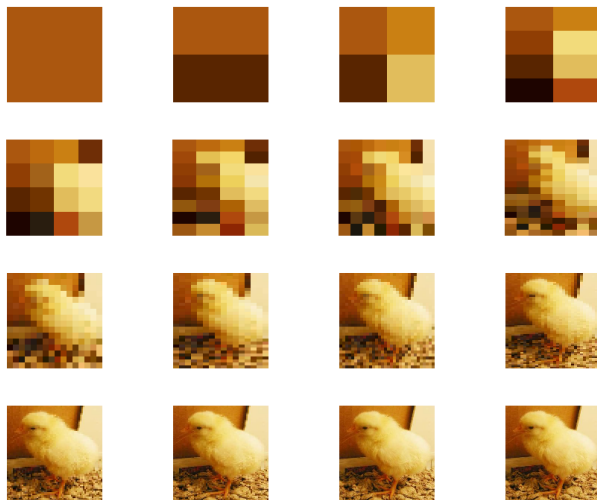
28. ábra a 2. tézis szerinti képtranzformációra mutat példát.



a, eredeti kép



b, a kép transzformáltja



c, inverz transzformált kép, koeficiens visszalakítása az eredeti képpé

28. ábra. Képtranzformáció

A leggyakoribb és nagyon egyszerű tömörítési módszer a futáshosszra kódolás. Ezek a sejtosztódás ihlette transzformációk párosítva ezekkel a tömörítési módszerekkel olyan módszert kapunk, ami által egyre közelebb és közelebb kerülünk az eredeti képhez, egy sorozat egyre nagyobb és nagyobb felbontású képeken keresztül.

Erősségei és gyengéi ennek a módszernek: ezzel a módszerrel hasonló tömörítési arányt lehet elérni, mint más módszerekkel, viszont ez lépésről lépésre visz minket közelebb a rekonstruált képhez, minden lépésben valószínű képet kapunk, csak kisebb felbontásban. Az egyik hasznos felhasználása a robotikában lehetne, az objektumok helyének kódolása az intelligens térben.

7. Tézisekhez kapcsolódó publikációk

7.1. Nemzetközi impakt faktoros folyóiratcikkek

- [1] Piros S., Husseini G.A. *Preliminary Modeling of Transfer RNA Kinetics in the Cytoplasm of Escherichia coli Bacteria*, Advanced Science Letters 3:(1) pp. 28-36. (2010) Independent citations: 2, IF: 1.253
- [2] Piros S., Husseini G.A. *Possible Physical Mechanisms of tRNA Pre-Selection in the Cytoplasm of Escherichia coli Bacteria*, Advanced Science Letters 3:(1) pp. 37-42. (2010) Independent citations: 1, IF: 1.253

7.2. Idegen nyelvű lektorált folyóiratcikkek

- [3] Piros S., Korondi P. *Practical Implementation of Second Generation Wavelet Transformation on 2D Images by Transformation Matrixes*; Recent Innovations in Mechatronics, (közlésre elfogadva)
- [4] Piros S., Korondi P., *Entropy Based Adaptive Image Compression Procedure* (közlésre benyújtva)

7.3. Cikknek nemzetközi konferencia kiadványban

- [5] Sandor J Piros, *Tracing the Immortal Strand: Cell Numbering and Lineage Representation as Wavelet Transformation*, Proceedings of the IASTED International Conference: Computational Bioscience (CompBio 2011). Cambridge: Acta Press, 2011. pp. 414-419. (ISBN:978-0-88986-889-2)
- [6] Piros Sandor J, Korondi Peter, *Compression Method for Binary Tree Like Bitmaps*, Eighth International Symposium on Mechatronics and its Applications, ISMA'12: American University of Sharjah (AUS) & Emirates Aluminum (EMAL). New York: IEEE Press, 2012. pp. 1-5. Paper 6215197. (ISBN:978-1-4673-0860-1)

7.4. Cikknek magyarországi nemzetközi konferencia kiadványban

- [7] Piros S, Korondi P, *Developmental Biology from Informatics Point of View*, 11th IEEE International Symposium on Computational Intelligence and Informatics CINTI 2010: Proceedings. Budapest: IEEE Hungary Section, 2010. pp. 225-228 (ISBN:978-1-4244-9279-4)
- [8] Piros SJ, Korondi P, *Biologically Inspired Informatics; Algorithm for Discrete Data and Signal Processing*, Proceedings IEEE/ASME International Conference on Advanced Intelligent Mechatronics. Piscataway: IEEE, 2011. pp. 972-977. (ISBN:978-145770838-1)

- [9] Piros S. J., Korondi P, *Biologically inspired informatics; algorithm for logical data processing*, 2nd International Conference on Cognitive Infocommunications: CogInfoCom 2011. New York: IEEE Computer Society Press, 2011. pp. 1-4. (ISBN:9781457718069)
- [10] Sandor J. Piros, Peter Korondi, *Who said that pixels should be squares?* Proceedings of CERiS'13 - Workshop on Cognitive and Eto-Robotics in iSpace. Budapest: BME, 2013. pp. 40-45. (ISBN:978-963-313-086-5)

7.5. Cikk magyar konferencia kiadványban

- [11] Piros Sándor, Korondi Péter, *Informatika a biológiában, biológia az informatikában*, Informatika a felsőoktatásban 2011 konferencia. Debrecen: Debreceni Egyetem Informatikai Kar, 2011. pp. 262-268. (ISBN:978-963-473-461-1)

7.6. Konferencia részvétel

- [12] Sándor Piros, *Biologically Inspired Algorithm for Logical Data Processing*, Proceedings of CERiS'13 - Workshop on Cognitive and Eto-Robotics in iSpace. Budapest: BME, 2013. pp. 46-49. (ISBN:978-963-313-086-5)
- [13] Piros Sándor, Korondi Péter, *Sejtvonal és sejtdifferenciálódás reprezentálása wavelet transzformációval*, Kutatói hálózatok kapcsolatépítése - Debrecen az élettudományi kutatásokért konferencia. Konferencia helye, ideje: Debrecen, Magyarország, 2014.05.29, poszter
- [14] Sandor Piros, Peter Korondi, *Modeling of Transfer RNA Kinetics in the Cytoplasm of Escherichia coli Bacteria*, I. Innovation in Science - Doctoral Student Conference 2014. 207 p. Konferencia helye, ideje: Szeged, Magyarország, 2014.05.02-2014.05.03. (Doktoranduszok Országos Szövetsége, Biológiai és Kémiai Tudományok Osztálya) Szeged: Magyar Kémikusok Egyesülete, 2014. pp. 108-019. (ISBN:978-963-9970-52-6)

7.7. Egyéb publikációk Cikk nemzetközi folyóiratban

- [15] Piros S., *Autonomous Cleaning Robot For Intelligent Building*, Analele Universitatii Din Oradea Fasciola Management Si Inginerie Tehnologica / Annals Of The University Of Oradea Fascicle Of Management And Technological Engineering X (Xx):(3) Pp. 2.35-2.41. (2011)