

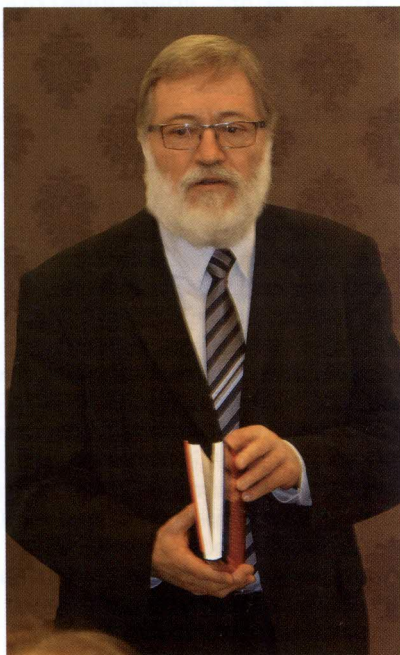
Informatyka: badania podstawą rozwoju



Instytut Podstaw Informatyki osiąga wyniki na światowym poziomie w wielu dziedzinach informatyki.

Zespół Kryptografii pod kierunkiem dr. Morawieckiego, w ramach grantu OPUS, opracował nowe algorytmy (szyfry) z uwierzytelnianiem w celu zapewnienia poufności przesyłanych danych i jednocześnie uzyskania mechanizmu uwierzytelniającego nadawcę. Pracownicy zespołu biorą udział w międzynarodowym konkursie CAESAR na najlepsze szyfry z uwierzytelnianiem, prezentując oryginalny algorytm ICEPOLE.

Zespół Podstaw Sztucznej Inteligencji pod kierunkiem prof. Kłopotka, w ramach Projektu POIG, opracował pierwszą polską semantyczną wielkoskalową wyszukiwarkę NEKST, której baza obejmuje prawie miliard dokumentów internetowych. NEKST wspiera powszechnie stosowany system antyplagiatowy dla uczelni. Innowacyjnym elementem wyszukiwarki jest wykorzystanie wiedzy semantycznej w wyszukiwaniu dokumentów oraz automatyczne ekstrakowanie tej wiedzy z dokumentów internetowych, np. wiedzy na temat emocjonalnego ładunku słów.

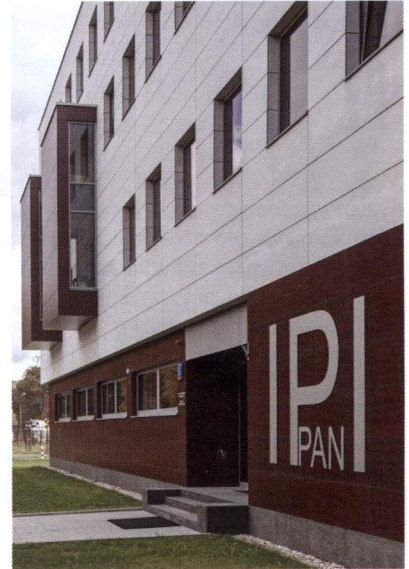


Dyrektor Instytutu prof. Jacek Koronacki

Zespół Inżynierii Lingwistycznej, kierowany przez prof. Przepiórkowskiego, jest autorem zasobów i narzędzi do przetwarzania języka polskiego. Flagowym produktem (zrealizowanym we współpracy z Instytutem Języka Polskiego PAN, Wydawnictwem PWN oraz Uniwersytetem Łódzkim) jest Narodowy Korpus Języka Polskiego, stanowiący podstawę nowego Wielkiego Słownika Języka Polskiego. Najnowszym osiągnięciem jest Jasnopis – aplikacja (dostępna pod adresem jasnopis.pl) do badania zrozumiałości tekstu w języku polskim, zrealizowana wspólnie z Uniwersytetem SWPS. Program analizuje tekst, oblicza stopień jego trudności w skali od 1 do 7, wskazuje trudne wyrazy i podpowiada ich synonimy.

Nowoczesna analiza danych ma liczne i niezwykle istotne zastosowania, np. w biologii molekularnej. Wiadomo, że kwas deoksyrybonukleinowy (DNA) pełni rolę nośnika informacji genetycznej. Wy różniamy w nim m.in. regiony kodujące, opisujące budowę danej cząsteczki oraz regiony regulatorowe, które regulują odczytanie i przepisanie (w procesie transkrypcji) informacji zawartej w genie na tworzony produkt. Wiadomo też, że mutacje DNA przyczyniają się do rozwoju nowotworów. Dotychczas koncentrowano się na wykrywaniu mutacji w kodujących regionach DNA. Zespół Biologii Obliczeniowej IPI PAN pod kierunkiem prof. Komorowskiego – stosując własne metody analizy danych – uczestniczył w stworzeniu strategii wykrywania mutacji w regionach regulatorowych. Znalaziono 1552 mutacje modyfikujące wiązanie różnych czynników transkrypcyjnych, w tym CTCF, dla nowotworów wątroby, przelyku, żołądka i trzustki.

Bardzo istotne wyniki dotyczące problemu selekcji zmiennych w statystycznych problemach regresyjnych i tak zwanego modelowania różnicowego osiąga Zespół Analizy i Modelowania Statystycznego, kierowany przez prof. Mielniczuka. Z problemem selekcji zmiennych mamy do czynienia przy przewidywaniu wartości pewnej zmiennej (np. wartości indeksu giełdo-



Siedziba IPI PAN

wego, ryzyka zapadalności na pewną chorobę) na podstawie dostępnych informacji, przy czym chodzi o odsianie istotnej informacji od nieistotnej. Osiągnięte wyniki mają bezpośrednie zastosowanie w spersonalizowanej medycynie.

Zespół Teorii Systemów Rozproszonych, kierowany przez prof. Penczką, w ramach projektu OPUS, wraz z partnerami z pięciu Uniwersytetów, opracował inteligentny hybrydowy system planowania i kompozycji usług sieciowych PlanICS. Zadaniem systemu jest znalezienie optymalnego planu złożonego z usług sieciowych, w celu zrealizowania zapytania użytkownika, opisującego stan początkowy i oczekiwany. Plan może dotyczyć realizacji skomplikowanego przedsięwzięcia jak np. budowy domu, serii zabiegów medycznych czy też podróży dookoła świata. Instytut na podstawie tych wyników ubiega się o tytuł JAKOŚĆ ROKU® 2015.

Ostatnio została utworzona spółka IPI COM, której zadaniem jest komercjalizacja wyników badań naukowych Instytutu Podstaw Informatyki.

www.ipipan.waw.pl