

bioinformatorek

#11 (2014)

Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego

Polish_Bioinformatics_Society_News

<http://ptbi.org.pl/>

red. nac. Wiesław Nowak IF UMK,
zespół: Aleksandra Gruca PŚI,
Małgorzata Kotulska, PWR,
Marta Szachniuk, PP



Koleżanki i Koledzy,

dobiegł końca rok 2014, co jest dobrą okazją do podsumowania aktywności bioinformatycznej w 2014 roku w 11 numerze naszego biuletynu. Na kolejnych stronach mamy zatem relacje z organizowanych przez Towarzystwo: kolejnej edycji BiTu, nietypowego Sympozjum PTBI przeprowadzonego w ramach kongresu BIO 2014, konkursów na najlepsze prace magisterskie i doktorskie, a także wspomaganych przez PTBI konferencji CBBM 2014 i NETTAB 2014. Zapowiadamy wydarzenia przyszłoroczne - konferencję RECOMB w Warszawie, konferencję BiT, którą nietypowo organizujemy w kwietniu, tuż po RECOMBie oraz Sympozjum PTBI, które odbędzie się w Lublinie i będzie zorganizowane wspólnie z Polskim Towarzystwem Chemii Medycznej. Chwalimy się sukcesami naszych członków zarówno zupełnie już dojrzałych (naszego byłego prezesa) jak i stojących dopiero u progu kariery naukowej (studenci z koła naukowego). Chwalimy się również „Naturalnymi” sukcesami publikacyjnymi. Od poprzedniego wydania Bioinformatorka minęło dużo czasu, ale mam nadzieję, że zawartość tego numeru wynagrodzi tak długie oczekiwanie.

W imieniu Zarządu PTBI, życzę wszystkim PT Koleżankom i Kolegom sukcesów w Nowym Roku 2015.

Witold Rudnicki - Prezes PTBI



Zarząd:

Witold Rudnicki (prezes)
Wiesław Nowak (wiceprezes)
Marta Szachniuk (wiceprezes)
Aleksandra Gruca (skarbnik)
Małgorzata Kotulska (sekretarz)

Komisja Rewizyjna:

Anna Gambin (przewodnicząca)
Piotr Łukasiak
Andrzej Polański

Polskie Towarzystwo Bioinformatyczne

Adres do korespondencji:

Dr hab. Witold Rudnicki (PTBI)

ICM, Uniwersytet Warszawski

ul. Prosta 69, piętro 2

00-838 Warszawa

REGON 141348225

NIP 7010118646

Nr Konta 85 1240 1053 1111 0010 1724 1817

Składki członkowskie za rok 2014 wynoszą: 80 zł,
studenci i doktoranci – 40 zł

W dniu 22.12.2014 liczba członków wynosiła 178.

Informacje o zjazdach i konferencjach

W 2015 roku pod patronatem PTBI odbędą się trzy konferencje RECOMB 2015, BiT 2015 i nasze coroczne Sympozjum PTBI.

RECOMB to jedna z głównych konferencji biologii obliczeniowej, odbywa się od 1997 roku, corocznie w innej lokalizacji. W 2015 roku odbędzie się w Warszawie w hotelu Victoria od 12 do 15 kwietnia. Program naukowy zawiera między innymi 6 zaproszonych wykładów w tym m.in. wykład laureata nagrody Nobla z 2013 roku Michaela Levitta. Termin zgłaszania referatów już minął, ale do 15 lutego można zgłaszać plakaty a do 15 stycznia można zgłaszać do prezentacji prace już opublikowane lub przyjęte do druku – tzw. "highlights". Zachęcamy gorąco do wysyłania plakatów i zgłoszeń do prezentacji ustnych, a także do uczestnictwa w konferencji. PTBI ufundowało stypendia w postaci znaczącej zniżki opłat konferencyjnych dla doktorantów/studentów prezentujących plakaty. <http://www.recomb2015.pl/>

Tuż po RECOMBie odbędzie się konferencja BIT15 – przesunięta w tym roku na kwiecień (16-18.04.2015) i skoncentrowana na zastosowaniach kart GPU w bioinformatyce. Więcej informacji o tej konferencji na kolejnych stronach. <http://www.bit.edu.pl/>

Nasza coroczne Sympozjum PTBI połączone z Walnym Zebraniem odbędzie się w tym roku w Lublinie – kolejne miejsce na bioinformatycznej mapie Polski. Konferencja będzie organizowana wspólnie z Polskim Towarzystwem Chemii Medycznej i odbędzie się w dniach 17-19 września na kampusie Uniwersytetu Medycznego. Tym razem format konferencji będzie dużo bardziej zbliżony do naszego zwykłego schematu – jeden dzień będzie wspólny z chemikami, drugi będzie podzielony na dwie równoległe sesje. Mamy nadzieję, że będzie to dobra okazja to nawiązania interesujących kontaktów naukowych!

Kongres BIO 2014

Nasze coroczne Sympozjum PTBI i Walne Zebranie członków Towarzystwa miały w roku 2014 charakter odmienny od tradycyjnego. Zorganizowane były w ramach dużego kongresu organizowanego wspólnie przez cztery towarzystwa naukowe – Polskie Towarzystwo Biochemiczne, Polskie Towarzystwo Biologii Komórki, Polskie Towarzystwo Biofizyczne i PTBI.

W ramach kongresu odbyło się 6 wykładów i prezentacji plenarnych oraz 15 sesji tematycznych, które odbywały się równolegle w pięciu ścieżkach. Tematyka interesująca dla bioinformatyków była mocno widoczna w trakcie kongresu, poza naszą Sesją Bioinformatyczną, występowała na sesjach poświęconych genomice i epigenomice, sygnalizacji komórkowej, biotechnologii, a także w trakcie Sympozjum EMBO. Członkowie towarzystwa wygłosili co najmniej cztery referaty na innych sesjach. Jeden z wykładów plenarnych – wykład dr. Ewana Birneya z Europejskiego Instytutu Bioinformatycznego (UK) – też był poświęcony zagadnieniom bioinformatycznym.

Na zdjęciach – sesja bioinformatyczna i prof. I. Makułowska w czasie wykładu, przerwa w obradach a w tłumie, m.in., nasz I Prezes–założyciel.



Kongres BIO 2014 (2)

Sesja bioinformatyczna była najbardziej intensywną ze wszystkich części kongresu – jako jedyna sesja w czasie Kongresu składała się z czterech części. W ramach sesji wygłoszono 20 referatów – 4 zaproszone, 12 zgłoszonych oraz 4 prezentacje laureatów nagród PTBI. Odbędzie się również sesja plakatowa do której zgłoszono 46 plakatów bioinformatycznych.

Kongres dał nam okazję wysłuchać wykładów plenarnych wykraczających daleko poza bioinformatykę, prezentowanych przez wykładowców z ogromnym dorobkiem i międzynarodowym uznaniem – z nagrodą Nobla włącznie. Jest to oczywista korzyść z organizacji dużego kongresu wspólnie z dużymi i starszymi od naszego towarzystwami – takimi jak PTBioch.



Zdjęcia – noblista prof. John Gurdon sesja planarna, 4
dr Bartek Wilczyński i mgr Joanna Gienza – sesja genomiczna

Kongres BIO 2014 (3)

Z drugiej strony formuła Kongresu wymagała z naszej strony dużych ograniczeń – w szczególności wymusiła nadzwyczajne ścieśnienie prezentacji w jeden dzień i bardzo utrudniła nam bardzo cenny element naszych corocznych spotkań – czyli integrację środowiska.

Kongres teoretycznie dał nam możliwość zaprezentowania dorobku polskiej bioinformatyki na szerszym forum, ale koleżanki i koledzy z innych dziedzin nie korzystali z tej możliwości zbyt intensywnie – na sali naszej sesji nie widać było zbyt wielu twarzy nieznanych z wcześniejszych konferencji.

W zamieszczonej na stronie kongresu wspomnieniowej relacji fotograficznej nasza sesja niestety również ma marginalny oddźwięk – wśród 266 zdjęć jest jedno z naszej sesji.

Kongres był na pewno ciekawym doświadczeniem - zapraszamy do dyskusji czy warto było podjąć tą próbę i jakie wnioski wyciągnąć z niej na przyszłość.



Kongres z przymrużeniem oka:

uroczyste otwarcie,
publiczność,
prezentacja zespołu,
sesja wokalna,
uroczyste zakończenie.

Kongres BIO 2014

Kongres z przymrużeniem oka.

Konkurs dla czytelników Bioinformatorka –

Kto był na Kongresie najpopularniejszym bioinformatykiem i ile razy pojawił się na zdjęciach?

Nagroda w konkursie – dla autora pierwszej poprawnej odpowiedzi koszulka PTBI.



Odbiór nagrody
osobście na
Symposium PTBI w
Lublinie.



Spotkanie z Ewanem Birneyem

Na zaproszenie PTB wykład plenarny otwierający obrady w środę 10 września wygłosił dr Ewan Birney, wicedyrektor Europejskiego Instytutu Bioinformatycznego a wcześniej, m.in., lider projektu ENCODE. Wykład był poświęcony wyzwaniom informatycznym związanym z niesłychanym tempem przyrostu ilości danych biologicznych. Tempo to, mierzone czasem podwajania się objętości danych, jest większe niż tempo wzrostu pojemności nośników i tempo wzrostu mocy obliczeniowej. Stanowi to wyzwanie zarówno dla technik przechowywania, przesyłania, kompresji i przetwarzania danych.

Po wykładzie plenarnym dr Birney był gościem PTBI na sesji bioinformatycznej. Wziął również udział w spotkaniu Zarządu z zaproszonymi wykładowcami w ramach roboczego lunchu. W trakcie spotkania poruszano m.in. możliwości zorganizowania wyjazdowego szkolenia EBI w ramach konferencji organizowanych przez PTBI oraz możliwość przyłączenia Polski do projektu ELIXIR.

Na zdjęciach – prof. Urszula Wojda zapowiadająca wykład plenarny, prof. Janusz Bujnicki wprowadzający gościa i dr Ewan Birney w czasie wykładu



BIT14 za nami

W dniach 12-14 czerwca (czwartek-sobota) 2014 odbyła się tradycyjna (14 raz) doroczna konferencja międzynarodowa z serii „BioInformatics in Torun „ – BIT14. Konferencje organizowali Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej UMK (kierownik Komitetu Programowego prof. W. Nowak) oraz PTBI. W tym roku uczestniczyło w niej ponad 60 osób, m.in. z Wielkiej Brytanii, USA, Japonii, Nowej Zelandii. Obrady i tutoriale miały miejsce w Instytucie Fizyki Uniwersytetu M.Kopernika w Toruniu. Wzorem wcześniejszych wydarzeń w tym roku dwie sesje poświęcone były pokrewnej dziedzinie – chemoinformatyce. Wygłoszono 14 referatów „na zaproszenie”, 7 referatów „contributed”, 3 tutoriale (też „na zaproszenie”). Z konieczności wspomnianych w tym sprawozdaniu jest tylko kilka z nich. Konferencje BIT14 otworzył referat prof. **Haruki Nakamury** z Uniwersytetu w Osace, szefa organizacji PDB-Japan i wieloletniego prezesa Japan Protein Society. Prof. **Emmanuele Paci** (University of Leeds) ciekawie zreferował problemy wyznaczania kształtu hiperpowierzchni energii swobodnej w białkach. Prof. **Chandra Pareek** (UMK) zarysował program badań genomicznych polskich ras bydła. Dr **Michał Boniecki** (MIBMK,Wwa) zaprezentował program SimRNA do przewidywania struktur 3D RNA ale i do symulacji kwasów rybonukleinowych. Spora część wykładów była poświęcona szeroko rozumianemu projektowaniu leków: Prof. **Andrzej Bojarski** (Inst. Farmakologii PAN, Kraków) przedstawił zaawansowany projekt wirtualnego skringu w kierunku poszukiwania ligandów ważnych medycznie receptorów GPCR, zaś prof. **Krzysztof Józwiak** (UMCS) opowiadał o poszukiwaniu specyficznych agonistów receptora adrenergicznego. Nawet weteran BITów prof. **Jarek Meller** (Cincinnati, USA) przygotował referat oraz tutorial poświęcony „drug design”. Bardzo duże zainteresowanie wywołało dynamiczne wystąpienie prof. **Marcina Drąga** (Politechnika Wrocławska), który przedstawił pomysły i nowatorskie podejście do konstrukcji znaczników i badania właściwości enzymów proteolitycznych. Uczestnicy BIT14 mieli okazję dowiedzieć się od dr **Piotra Urbasza** (Uniw. Gdański) nowych faktów na temat nanotoksyczności i możliwości oceny zagrożeń metodami QSAR. Odbyły się dwie sesje posterowe, na których zaprezentowano kilkadziesiąt prac. Z braku czasu sesje posterowe były dość krótkie, ale bardzo intensywne i widać było wiele ostrych dyskusji komentarzy. Materiały konferencji wydano w postaci opracowania w formacie PDF nagranych na pendrive, są dostępne w internecie. Konferencję zamknął „oczekiwany z ciekawością” referat dr **Marty Łuksza** (Columbia Univ., USA), która przybliżyła wyniki analizy swoich modeli rozprzestrzeniania grypy opublikowane wiosną 2014 w „Nature”.

Odbyło się również zebranie Zarządu PTBI w pełnym składzie, oraz posiedzenie kulinarne w restauracji „Molus”.

W sobotnich tutorialach uczestniczyło kilkanaście osób, m.in. koledzy z Cyfronetu w Krakowie (**K. Żukowski, T. Waller**) zaprezentowali możliwości swojego nowego oprogramowania i wykorzystania struktury obliczeniowej PL-GRID w bioinformatyce.

Dzięki solidnemu sponsorowi: Urzędowi Marszałkowskiemu województwa kujawsko-pomorskiego (6000 PLN) możliwe było zorganizowanie wypadu do Obserwatorium Astronomicznego UMK w Piwnicach, zwiedzania Torunia i zorganizowanie ilustrowanego „Małą Orkiestrą” spotkania przy grillu w patio Instytutu Matematyki. Silne wsparcie z MNiSZW (20 000) pozwoliło sfinansować zaproszonych wykładowców, przygotować materiały BIT14 oraz znacząco obniżyć opłatę rejestracyjną dla młodych badaczy do dość symbolicznego poziomu. Efekt finansowy BIT14 jest dzięki temu lekko dodatni.

Wydaje się, że zgodnie z założeniami BIT14 przyczynił się do wymiany informacji nt. najnowszych trendów z bioinformatyce, przybliżył do siebie środowiska chemo- i bioinformatyków, dał okazję do wielu nieformalnych rozmów i może zainicjował nowe projekty naukowe.

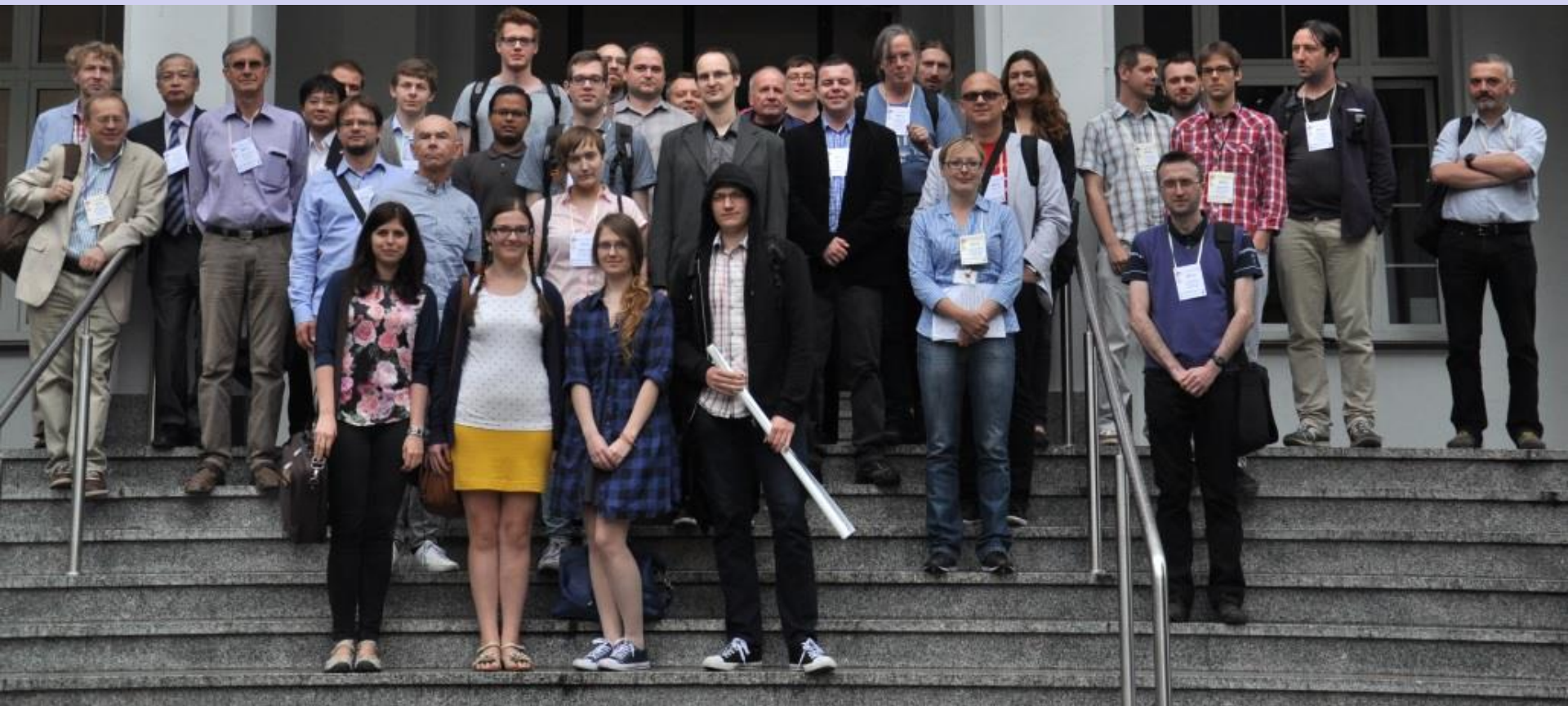
Wiesław Nowak

Prof. Haruki NAKAMURA,
dyrektor Protein Science
Institute, Osaka, Japonia
PDB-Japan



Fot. Marcin Dąbrowski

BioInformatics in Torun, 12-14.06.2014, dominująca próbka uczestników.



Fot. Marcin Dąbrowski

BioInformatics in Torun, 12-14.06.2014,
„Mała orkiestra” gra dla najmłodszych (bioinformatyków in spe).





A BIT15 przed nami ...

Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej UMK oraz PTBI zapraszają na 15-ste doroczne warsztaty BioInformatics in Torun BIT15. Tematem przewodnim (ale nie jedynym) tegorocznej konferencji będzie wykorzystanie kart graficznych (GPU) w obliczeniach o charakterze bioinformatycznym. W tym roku BIT15 jest afiliowany przy wielkiej konferencji międzynarodowej RECOMB15, i dlatego odbędzie się tuż po zakończeniu konferencji warszawskiej.

BIT15-BIO+GPU odbędzie się tym razem na terenie Liceum i Gimnazjum Akademickiego w Toruniu, mamy tam zarezerwowanych wiele miejsc noclegowych – zachęcamy by z tego skorzystać. Rozpocznie się od lunchu (czw 16 04) i zakończy w porze południowej sobotnimi tutorialami. Zaproszone wykłady wygłoszą, m.in. Sam Prezes PTBI dr hab. Witold Rudnicki, dr Ross C. Walker z UC San Diego - twórca wersji GPU znanego programu Amber, prof. Bertild Schmidt z Uniwersytetu w Moguncji.

<http://www.bit.edu.pl/>

Uwaga: **Important dates**

ORAL presentations:

Submission opens: **January 10, 2015**

Submission deadline: **February 10, 2015**

Acceptance notification: **February 15, 2015**

POSTER presentations:

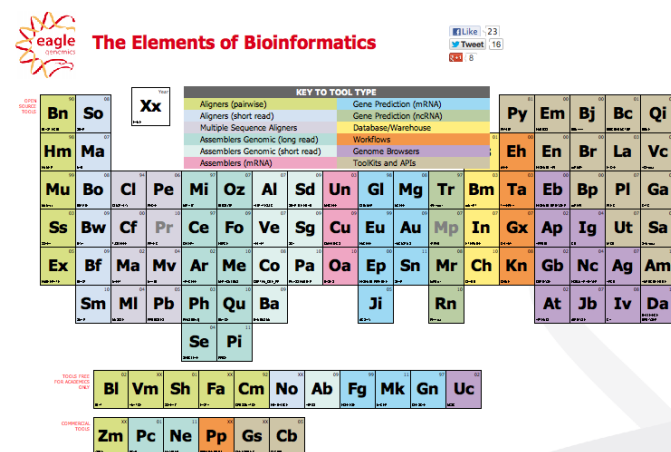
Submission opens: **January 10, 2015**

Submission deadline: **March 10, 2015**

Acceptance notification: **March 15, 2015**

Registration opens: **January 10, 2015**

Early Registration ends: March 22, 2015



Źródło: internet

Wyróżnione na VII zjeździe PTBI

W trakcie VII zjazdu PTBI, odbywającego się w ramach kongresu BIO 2014, rozstrzygnięto konkursy PTBI na najlepszy plakat i najlepszy referat. Nagroda w konkursie na najlepszy plakat przypadła **Monice Kurczyńskiej** (fot. 1) z Politechniki Wrocławskiej za plakat "Energy terms of the mirror images in protein structure prediction" (autorzy: Monika Kurczyńska, Ewa Kania, Bogumił Konopka, Małgorzata Kotulska). Nagrodę za najlepszy referat otrzymała **Natalia Szóstak** (fot. 2) z Politechniki Poznańskiej za pracę "Sorting Signal targeting mRNA into hepatic extracellular vesicles" (autorzy: Natalia Szóstak, Felix Royo, Agnieszka Rybarczyk, Marta Szachniuk, Jacek Błazewicz, Antonio del Sol, Juan M. Falcon-Perez). Jury przewodniczył prof. J. Tiuryn (fot.1 i 2). Nagrody wręczył Prezes PTBI dr hab. W. Rudnicki.



Laureatkom gratulujemy!

Najlepszy doktorat z bioinformatyki w 2013 r.

W trakcie VII zjazdu PTBI (Kongres BIO 2014 w W-wie) wręczono nagrodę za najlepszą pracę doktorską obronioną w 2013 roku. Do konkursu zgłoszono 10 prac, poziom zgłoszonych prac był bardzo wysoki, a laureatką nagrody w wysokości 6 000 PLN za najlepszą pracę doktorską z szeroko rozumianej bioinformatyki została **dr Anna Philips** z Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. Tytuł nagrodzonej pracy to *"Nowe metody bioinformatyczne służące do przewidywania miejsc wiązania jonów metali i niskocząsteczkowych ligandów w strukturach RNA"*. Promotorem pracy był prof. Janusz M. Bujnicki. Przeprowadzenie konkursu i ufundowanie wysokiej nagrody było możliwe dzięki wsparciu Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (DUN). Serdeczne gratulacje i podziękowania dla sponsora!



...i najlepsza praca magisterska z bioinformatyki w 2013 r.

Prof. Marta Kasprzak, przewodnicząca Jury ogłasza, iż nagrodę PTBI za najlepszą pracę magisterską obronioną w 2013 roku zdobyła mgr Anna Górską z Uniwersytetu Warszawskiego (promotor prof. Joanna Trylska)



Wyróżnienia zdobyli: Joanna Giemza i Witold Januszewski. Gratulacje!



CBBM 2014 odbyła się!

IV EURO WG Conference on Operational Research in Computational Biology, Bioinformatics and Medicine
26 – 28 czerwca 2014
Poznań – Biedrusko, Polska

Organizatorz



WYDZIAŁ
INFORMATYKI
POLITECHNIKI POZNAŃSKIEJ

EURO

The Association of European
Operational Research Societies

EURO WG CBBM (grupa robocza
EURO zajmująca się badaniami
operacyjnymi w biologii
obliczeniowej, bioinformatyce i
medycynie)

Przewodniczący komitetu programowego



prof. Metin Turkey

prof. Jacek
Błażewicz

Przewodniczący komitetu organizacyjnego



dr inż.
Marta Szachniuk

dr inż.
Piotr Łukasiak

CBBM w liczbach

- 78 uczestników z 11 krajów w tym 27 doktorantów
- 7 stypendiów CBBM
- 7 stypendiów PUT
- 40 referatów
- 2 równoległe sesje

Zaproszeni mówcy



prof. Giuseppe
Lancia
Uniwersytet w Udine
(Włochy)



prof. Eric Westhof
Uniwersytet w
Strasburgu
(Francja)



prof. Marek
Figlerowicz
Instytut Chemii
Bioorganicznej PAN
(Poznań)



dr Katarzyna J.
Purzycka
Instytut Chemii
Bioorganicznej PAN
(Poznań)

***Constraints and Limits
Due to Base Tautomerism
in Ribosome Decoding
Fidelity***

***20 Years of
Haplotyping: an
Overview***

***Copy Number
Variations in Plant
Genomes***

***RNAComposer. Challenges
in Modelling Three-
Dimensional Structures of
Large RNAs***

Więcej na <http://cbbm2014.cs.put.poznan.pl/>

Infografikę o konferencji przygotowała Natalia Szóstak.

CBBM na pałacowych salonach



fot. Szymon Wąsik

Na tropach początków Państwa Polskiego



Wycieczka do Muzeum Pierwszych Piastów na Lednicy

fot. Szymon Wąsik

Podróży w czasie ciąg dalszy



fot. Szymon Wąsik

Wycieczka do Wielkopolskiego Parku Etnograficznego z typowymi wielkopolskimi zabudowaniami pochodzącymi z XVII-XX wieku

Wieczorne atrakcje czyli „po”



fot. Aleksandra Świercz

W poszukiwaniu artystycznej



fot. Aleksandra Świercz

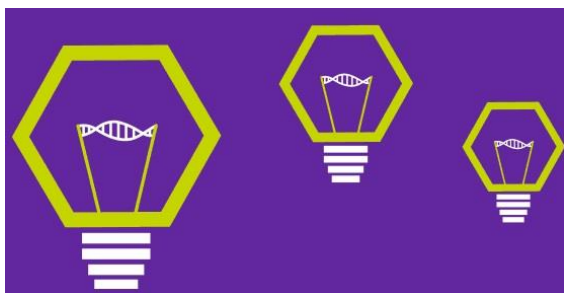


fot. Szymon Wąs

Uczestnicy konferencji CBBM 2014 w Biedrusku, 26 – 28.06.2014 r.

Cenne przypomnienie: The 19th Annual International Conference on Research in Computational Molecular Biology

- Poster submission deadline: February 15, 2015
- Early registration deadline: February 27, 2015
- RECOMB 2015 Conference: **April 12-15, 2015**
- Affiliated meeting: BIT15 – BIO+GPU, 16-18 April 2015, Torun www.bit.edu.pl



Grafika: <http://www.recomb2015.pl/>

Zarząd PTBI podjął decyzję o ufundowaniu 5 stypendiów po 1000 zł na obniżenie opłaty zjazdowej na RECOMB 2015 w Warszawie.

Zasady aplikowania będą podane w stronach [www PTBI](http://www.ptbi.pl) i rozesłane do członków w formie e-maila.

Warunkiem ubiegania się o stypendium będzie przyjęcie posteru na RECOMB.

Ogłoszenie wyników kwalifikacji – ok. połowy lutego 2015.

Dublin CAMDA 2015 zaprasza

Dear Colleagues,

We announce a Call for Contributions to the CAMDA Satellite Meeting of ISMB/ECCB: Researchers world-wide take the CAMDA Challenge (www.camda.info) - compete with the best in an open-ended data analysis contest!

For 2015, the FDA SEQC consortium offers two challenges:

- (i) the response of over 100 rat livers to 27 drugs representing 9 different chemical modes of action, as characterized by matched RNA-Seq and microarray expression profiles, and
 - (ii) a multi-site cross-platform RNA-Seq benchmark covering 3 next-generation sequencing, 5 microarray, and 2 qPCR platforms.
- By popular request, we also repeat the challenge of an integrated analysis of hundreds of cancer patients with matched profiles of mRNA and miRNA expression, methylation, copy number variation, and SNPs.

Join us and keynote speakers Des Higgins and Gad Getz (tbc) for a stimulating scientific meeting and lively discussions over a Guinness in Dublin 10-11 July 2015!

Please follow us on twitter @CAMDA_conf!

Background:

CAMDA was founded in 2000 (Nature 411, 885. Nature 424, 610) to provide a forum for the critical assessment of different techniques used in large-scale data analysis in the life-sciences, including but not limited to high-dimensional gene expression profiling. It aims to establish the state-of-the-art in analysis methods for Big Data in the Life Sciences, as well as identify progress and highlight promising directions for future efforts. To this end, CAMDA adopted the approach of a community-wide contest, with the scientific community analysing the same data sets. Researchers worldwide are invited to take the CAMDA challenge, which has become a prominent fixture (cf. Nature Methods 5, 569).

Accepted contributions are presented through talks and posters, and the results and methods of the different analyses are discussed and compared at the conference, with selected presentations published in a special Open Access proceedings issue in collaboration with the Systems Biomedicine journal (Taylor & Francis).

Running as an official Satellite meeting of ISMB/ECCB (established since 2011) provides further opportunities for interaction with colleagues.

Keynotes by leading researchers in the field provide further focus points for discussion at the meeting.

We hope to see you in Dublin!

Best Regards,

CAMDA 2015 organizing committee: Walter Kolch, Dublin, Ireland

Joaquin Dopazo, Valencia, Spain; Lan Hu, Boston, USA; Okko Clevert, Berlin, Germany;

David Kreil, Vienna, Austria

Ogłoszenie o konkursach ptbi

Polskie Towarzystwo Bioinformatyczne ogłasza konkurs na najlepsze prace magisterskie i doktorskie z zakresu bioinformatyki i biologii obliczeniowej. Konkurs dotyczy prac magisterskich i doktorskich obronionych w Polsce, w roku kalendarzowym 2014. Termin zgłaszania prac: 15 marca 2015 r.

Dzięki dofinansowaniu przyznanemu zwykle przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego w tegorocznych edycjach konkursów przewiduje się następujące nagrody pieniężne: 6000 zł dla zwycięzcy konkursu na najlepszą pracę doktorską, 3000 zł dla zwycięzcy oraz po 1500 zł dla autorów dwóch wyróżnionych prac w konkursie na najlepszą pracę magisterską. Uwaga: podane kwoty są kwotami brutto.

Sposób nadsyłania prac (pdfy) precyzuje regulamin konkursu:

www.ptbi.org.pl (aktualności)



Sukcesy członków i sympatyków PTBI



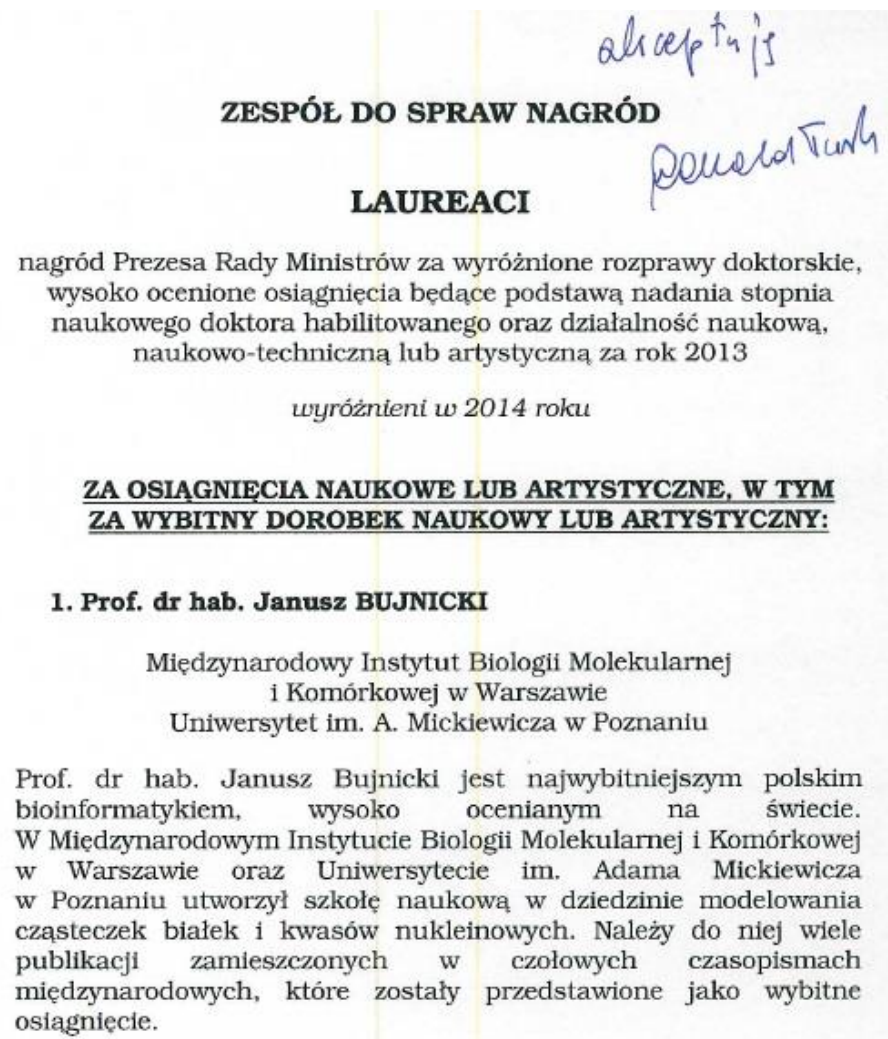
Od lewej: JMB, M. Milkowski, M.Horodecki

Fot: <http://ncn.gov.pl/o-ncn/nagroda-ncn/laureaci-2014>

Nasz długoletni Prezes PTBI **prof. Janusz Bujnicki** (fot.) został jednym z 3 laureatów Nagrody NCN w 2014 roku. Nagrodę uzyskał za **osiągnięcie naukowe**: 1) Stworzenie nowych narzędzi do modelowania struktur. 2) Opracowanie nowatorskich metod bioinformatycznych do badań kompleksów białek z RNA oraz ustalenie struktury i mechanizmu działania ludzkich enzymów odpowiedzialnych za biosyntezę RNA (17 publikacji w latach 2011-13, 6xNAR). Co więcej, nasz Kolega został też wyróżniony Nagrodą Prezesa Rady Ministrów (*see the next slide*). Warto dodać, że prof. Janusz Bujnicki jest jednym z 8 laureatów programu „Mistrz” FNP w konkursie rozstrzygniętym w 2014 roku.

Serdecznie gratulujemy
i życzymy dalszych sukcesów 😊

Mamy autograf ☺:





Naturalnie „Nature” (Biotechnology)

Dr Paweł Łabaj, absolwent Politechniki Śląskiej w Gliwicach, członek PTBI, uczestnik BITów, opublikował niedawno 3 prace w **Nature Biotechnology**, na temat jakości RNA-seq. Gratulujemy!

- *A comprehensive assessment of RNA-seq accuracy, reproducibility and information content by the Sequencing Quality Control Consortium*
<http://www.nature.com/nbt/journal/vaop/ncurrent/full/nbt.2957.html>
- *Detecting and correcting systematic variation in large-scale RNA sequencing data* <http://www.nature.com/nbt/journal/vaop/ncurrent/full/nbt.3000.html>
- *The concordance between RNA-seq and microarray data depends on chemical treatment and transcript abundance*
<http://www.nature.com/nbt/journal/vaop/ncurrent/full/nbt.3001.html>

Prace mają duże znaczenie, były nawet komentowane w News& Views:

<http://www.nature.com/nbt/journal/v32/n9/full/nbt.3015.html>

Ładnie rozwija się działalność **Sequencing Quality Control Consortium (150 osob, 12 krajów)** oraz konsorcjum ABRF: Multi-platform assessment of transcriptome profiling using RNA-seq in the ABRF next-generation sequencing study,

<http://www.nature.com/nbt/journal/vaop/ncurrent/full/nbt.2972.html>

Z kolei genetyk z Gdańska dr **A. Piotrowski** z bioinformatykiem dr **A. Madeneckim** są współautorami pracy wyjaśniającej związek mutacji genu LZTR1 z nowotworami opublikowanej w **Nature Genetics** 46, 182–187 (2014) doi:10.1038/ng.2855

<http://www.nature.com/ng/journal/v46/n2/ng.2855/metrics>

STRUNA pięknie brzmi...

Z podstrony www.nauka.gov.pl: Termin „StRuNa” to akronim utworzony z pierwszych liter słów „studencki”, „ruch”, „naukowy”. W konkursie „StRuNa 2013” nagradzane są najlepsze koła naukowe i ich opiekunowie. Konkurs StRuNa 2013 to jeden z trzech elementów Programu StRuNa, który motywuje studentów i doktorantów do odejmowania działań naukowych wykraczających poza standardowy program studiów. Patronat nad konkursem objęła prof. Barbara Kudrycka - minister nauki i szkolnictwa wyższego, organizatorem była fundacja „Fundusz Pomocy Studentom”.

W konkursie brało udział **245 projektów** ze wszystkich typów uczelni z całej Polski. Oceniało je 21-osobowe jury złożone z przedstawicieli różnych dyscyplin nauki. W siedmiu kategoriach zostały nagrodzone projekty zrealizowane między 1 X 2012 r. a 30 IX 2013 roku. Łącznie przyznano 22 nagrody w 7 kategoriach: *Projekt roku*, **Koło roku**, *Wyprawa roku*, *Publikacja roku*, *Konferencja roku*, *Sponsor roku*, *Opiekun roku*.

W kategorii „Koło roku 2013” wygrało Akademickie Koło Naukowe BioNanopor z Politechniki Wrocławskiej exequo z Kołem Naukowym Studentów Fizyki z Politechniki Gdańskiej.

AKN BioNanopor

Uczestnicy:

Koło działa od 6 lat, są w nim studenci Politechniki Wrocławskiej - głównie z Inżynierii Biomedycznej (Wydział Podstawowych Problemów Techniki) oraz Biotechnologii (Wydział Chemii). Zwycięski zarząd koła to: Paweł Woźniak, Monika Kurczyńska, Ewa Kania, opiekunem jest dr hab. inż. Małgorzata Kotulska.

Dziedzina:

BioNanopor prowadzi badania naukowe oraz popularyzację nauki w zakresie bioinformatyki strukturalnej oraz elektrochemioterapii nowotworów.

Współpraca:

Członkowie AKN BioNanopor współpracowali z ośrodkami z Wielkiej Brytanii, Niemiec, Holandii i Francji. Współpraca często skutkowałą wyjazdami na praktyki zagraniczne. Bardzo ważnym partnerem w Polsce jest Katedra i Zakład Biochemii Lekarskiej z Uniwersytetu Medycznego we Wrocławiu.

Aktywność:

W roku akademickim 2012/2013 członkowie koła opublikowali 4 artykuły w czasopismach z listy filadelfijskiej i 4 rozdziały książek. Mieli 18 wystąpień ustnych na 9 konferencjach w Polsce i za granicą. Niektóre wystąpienia były wyróżnione.

Koło angażuje się w popularyzowanie nauki w społeczności akademickiej. Na przykład w ramach Dolnośląskiego Festiwalu Nauki cyklicznie przygotowuje warsztaty „*Molekularna Joga - jak zwinąć białko na 102 sposoby*”. W tym roku w zajęciach wzięło udział ponad 200 osób. Stale uczestniczy w Dniach Otwartych Politechniki Wrocławskiej, Dniach Aktywności Studenckiej. Studenci z AKN BioNanopor mocno wspomagali Komitet Organizacyjny Zjazdu Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego, który odbył się we Wrocławiu we wrześniu 2013.

AKN BioNanopor (2)

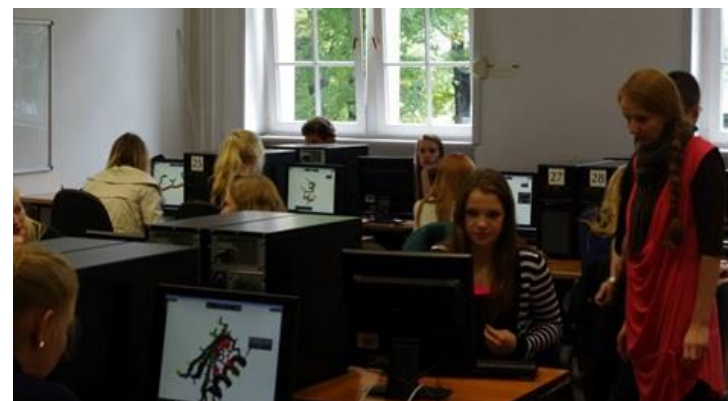


Laureaci odbierają nagrodę...



pracują nad zjazdem PTBI...

i popularyzują bioinformatykę... →



- **Strona koła:** <http://www.ibp.pwr.wroc.pl/KotulskaLab/bionanopor.php>
- **Fanpage:** <https://www.facebook.com/AknBionanopor>

Ciekawostka informatyczna: 20 X 2014 podpisano umowę na instalację w Cyfronecie na AGH superkomputera Prometheus , 42 mln PLN

SUPERKOMPUTER PROMETHEUS W LICZBACH:

1728 serwerów, 41 472 rdzeni obliczeniowych,
216 000 000 000 000 B sumarycznej pamięci operacyjnej DDR4
(216 TeraBajtów), 1 658 880 000 000 000 operacji zmiennoprzecinkowych na sekundę (1.658 Petaflopsów),
#1 w Polsce, #12 w Europie według obecnej listy TOP500,
#30 na świecie według obecnej listy TOP500,
największa na świecie instalacja komputera Apollo 8000 firmy HP,
jeden z najbardziej energooszczędnych komputerów tej klasy na świecie,
odpowiada liczbie ponad 40 000 komputerów klasy PC,
masa całkowita ponad 30 ton



najmocniejszy superkomputer w Polsce o mocy około 1,7 Pflops, czyli 1700 bilionów operacji zmiennoprzecinkowych na sekundę, ponad 4 razy więcej od Zeusa,

bardzo duża gęstość mocy obliczeniowej na metr kwadratowy – ponad 41 tys. rdzeni obliczeniowych i ponad 215 TB pamięci operacyjnej RAM na powierzchni jedynie 13 m²,

bardzo nowoczesne, innowacyjne i energooszczędne chłodzenie cieczą; superkomputer będzie zużywał ok. 650 kW, czyli tylko o 25% więcej niż cztery razy słabszy Zeus,

bardzo szybka sieć komunikacyjna o przepustowości większej o ok. 30% niż w Zeusie

Źródło: <http://www.chip.pl/news/sprzet/desktopy/2014/10/prometeusz-najmocniejszy-superkomputer-w-polsce-stanie-w-krakowskiej-agh>

Jak zwykle przypominamy adresy z informacjami o konferencjach bioinformatycznych:

- <http://www.conference-service.com/conferences/bioinformatics.html>
- <http://www.conferencealerts.com/bioinform.htm>
- <http://www.iscb.org/iscb-conferences>
- <http://www.socbin.org/conferences.shtml>

Dodając ciekawą listę książek bioinformatycznych ISCB:

<http://www.iscb.org/iscb-publications-bioinformatics-review/35-ISCB%20Publications/ISCB%20Publications/125-booklistaikchoontan>

Dawno nie było linku do zbioru zasobów do modelowania białek, można zajrzeć tu:

http://www.rcsb.org/pdb/static.do?p=software/software_links/modeling_and_simulation.html

albo tu:

<http://www.bioinformatics-made-simple.com/2012/09/10-free-software-for-protein-3d.html>

lub nawet tu (protein-protein docking):

<http://www.vls3d.com/index.php/links/bioinformatics/protein-protein-interaction/protein-protein-docking>

Bussines news:

\$\$\$

Dr Janusz Dutkowski, absolwent UW, współautor NeXO, jest współzałożycielem firmy bioinformatycznej Data4Cure w USA, warto śledzić do czego może się przydać bioinformatyka:

<http://www.data4cure.com/>

€ € € €

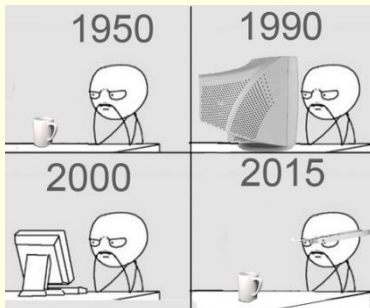
W Poznaniu pojawił się też nowy podmiot gospodarczy oferujący m.in. szkolenia bioinformatyczne, co nas cieszy ☺:

<http://ideas4biology.com/index.php>

(WLW) = Wtórne Lanie Wody czyli (RE SOURCES)

- Nowe możliwości starania się o granty, bioinformatyka Horizon 2020:
<http://ec.europa.eu/research/participants/portal/desktop/en/opportunities/h2020/topics/2599-biotech-2-2015.html>
- Ciekawa strona, cenne listy dyskusyjne, są też oferty pracy w US:
<https://www.biostars.org/t/Jobs/>
- A tutaj staże i posady w Europie:
- <http://jobs.newscientist.com/en-gb/jobs/bioinformatics/europe/>
- BIBa w Barcelonie. Może warto śledzić rozwój i naśladować? (Catalonia houses around 800 researchers with expertise in Bioinformatics and other related scientific fields):
<http://bioinformaticsbarcelona.eu/index.html#titol1>
- Ciekawy ALLBIO projekt (FP7) stworzył być może pożyteczny spis „test cases” oraz bazę narzędzi: <http://bioinformatics.hgen.slu.se/ALLBIO-TOOLS/>
- Tak (niekiedy) popularyzuje się bioinformatykę, czy dobrze, oceńcie sami :
- <http://newtimes.pl/bioinformatyka-kopalnia-bez-dna-beda-precyzyjne-leki/>
- Bioinformatyka wkracza do Białegostoku
- http://www.umb.edu.pl/aktualnosci%286%29/buduje_sie_laboratorium_bioinformatyki_umb

PS. Zapraszamy do współpracy przy redagowaniu Bioinformatorka, kontakt: SRN Wiesław Nowak: [wiesiek \[*at*\] fizyka.umk.pl](mailto:wiesiek[*at*]fizyka.umk.pl)



**Zapraszamy wszystkie nie prezentowane
jeszcze polskie grupy bioinformatyczne do
nadsyłania materiałów do umieszczenia w
kolejnych numerach Bioinformatorka!**

Zalecenie # 2



*Zaleca się, by zgłosić
jak najwięcej posterów na
RECOMB2015 w Warszawie*

Zapraszamy do przysyłania
kolejnych zaleceń
bioinformatycznych oraz
materiałów do naszego
magazynu.



Merry Christmas and Happy New Year from PUT Bioinformatics Group!

Zarząd PTBI i..

1 ☺ ---- ✓ ■ ■
 y X ↗ X ↘ h
 ↗ "" ≠ ~ ■
 ↗ "" ± ~
 ☺ ↗ ■ ■ ♪
 ☺ ~ ---- X ■
 ☺ ↗
 ■ ☺ ♪ ☺
 ■
 ° "" ** ✓ ☺
 à ↗ ☺ ↘ ~
 ↘ X ~ §