



Koleżanki i Koledzy,

W tym roku mieliśmy okazję gościć w Warszawie prestiżową konferencję z biologii obliczeniowej - RECOMB. Wśród zaproszonych wykładowców był m.in. laureat nagrody Nobla Michael Levitt, wśród prowadzących sesję m.in. Michael Waterman – od którego sławnego algorytmu dla bardzo wielu z nas zaczęła się przygoda z bioinformatyką. Nasze Towarzystwo było współorganizatorem konferencji, sponosorowaliśmy z naszych środków udział 5 osób, dla kolejnych 20 osób pomogliśmy znaleźć finansowanie u sponsorów.

Za nami również bardzo udana, choć w tym roku dość kameralna, konferencja BIT. Relacje z obu konferencji zajmują większość dzisiejszego numeru Bioinformatorka. Poza tym dużo zdjęć, bioinformatyka na śpiewająco, informacja o czekającym nas we wrześniu Sympozjum PTBI połączonym z Walnym Zebraniem Towarzystwa, użyteczne linki, doniesienia medialne o bioinformatyce oraz *last but not least* – ogłoszenie wyników konkursu na najlepszą pracę magisterską obronioną w 2014 roku.

Zapraszam do lektury

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 2015 wynoszą: 80 zł,
studenci i doktoranci – 40 zł

W dniu 22.05.2015 liczba członków wynosiła **180**.

Informacje o zjazdach i konferencjach

Nasze 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 do nawiązania interesujących kontaktów naukowych!

Adres WWW: <http://ptbi.org.pl/zjazd2015/>

Uwaga: Abstrakty należy nadsyłać do 7 czerwca 2015 !!!

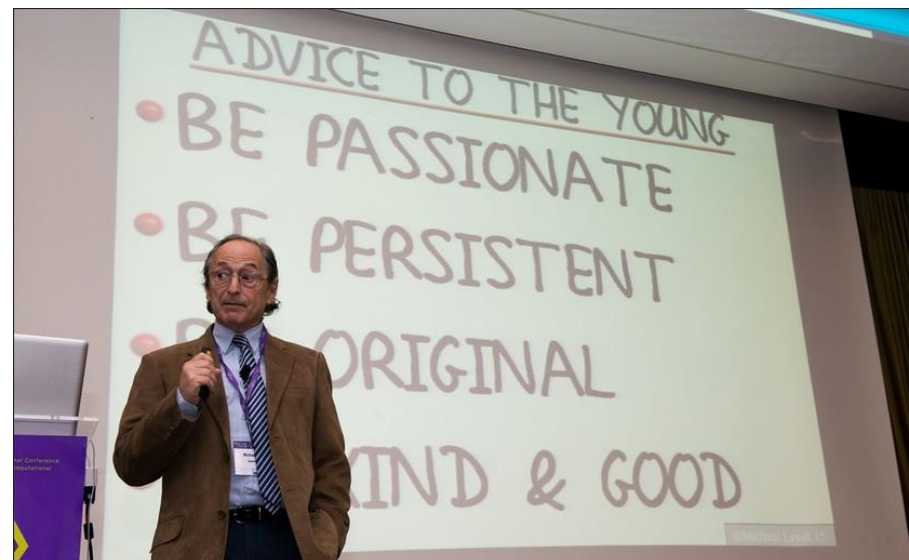


Rys. wiki

Konferencja RECOMB 2015 w Wwie

W dniach 12-15 kwietnia 2015 Hotel Sofitel Victoria w Warszawie gościł **RECOMB 2015** - *19th Annual International Conference on Research in Computational Molecular Biology*. RECOMB ma celu łączyć metody obliczeniowe, matematyczne i statystyczne z naukami biologicznymi. Wśród organizatorów konferencji prym wiodli prof. Jerzy Tiurny i dr Bartek Wilczyński z Uniwersytetu Warszawskiego. RECOMB poprzedziły 2 satelitarne warsztaty: RECOMB-SEQ (Massively Parallel Sequencing) i RECOMB-CCB (Computational Cancer Biology). Główną konferencję w niedzielny poranek rozpoczął „mocnym uderzeniem” wykład prof. Michaela Levitta ze Stanford University - laureata pierwszej nagrody Nobla przyznanej za metody bioinformatyczne - *Birth and future of multiscale modeling of macromolecules*. Wykład poprzedziło wprowadzenie Michaela Watermana – również bardzo znanej postaci w świecie bioinformatyków. (n.b. Prof. M.Waterman, wspólnie z Dr C.Clothią i prof. D.Hausslerem jest laureatem tegorocznej nagrody Dan David Prize w kategorii Future za „Biomechanics” (1 mln \$) .

Na zdjęciach – Laureat Nagrody Nobla Michael Levitt;
Poniżej Michael Waterman (fot. Paweł Górecki)



RECOMB 2015 (2)

Po wykładzie nastąpiły sesje tematyczne, których było 14 i obejmowały różne aspekty analizy sekwencji i drzew filogenetycznych, genów, a także modelowania struktur molekularnych i sieci oddziaływań.



Fot. Paweł Górecki



Poszczególne dni otwierały wystąpienia zaproszone. Usłyszeliśmy wykłady **Bonnie Berger** *Computational biology in the 21st century: Algorithms that scale*, **M. Madana Babu** *The contribution of intrinsically disordered regions to protein function, cellular complexity and human diseases*, **Bas van Steensel** *Mapping genome – nuclear lamina interactions in single cells* i **Magdaleny Konarskiej** *Analysis of spliceosome function: from the mechanisms of catalysis to interconnections within global networks of gene expression*

Szczególnym zainteresowaniem cieszył się wykład specjalny (im. Stanisława Ulama) sędziwego prof. **Wacława Szybalskiego (fot. dalej)**, ilustrowany filmem o jego życiu *The Essence of Life*.

Spotkanie z prof. Wacławem Szybalskim

(University of Wisconsin-Madison, USA)

Ze strony www RECOMB:

„Born in 1921 in Lwow, Poland, to a family of intelligentsia (his father was an electrical engineer; his mother used crystallography to study the structure of molecules), Szybalski survived World War II and serial invasions by the Soviet Union, Germany and then the U.S.S.R. once again. In 1949, after earning a Ph.D. in chemistry from the Institute of Technology in Gdansk, he moved to Copenhagen. In 1950, recommendations from eminent Danish scientists, including the physicist Niels Bohr, helped Szybalski move to a genetics lab at Cold Spring Harbor on Long Island, N.Y. At Cold Spring Harbor, which was already a capital of the emerging science of molecular biology, he plunged into the study of antibiotic resistance. In 1960, after a few years at Rutgers University, Szybalski joined the McArdle Laboratory at UW-Madison and started pioneering studies on a virus that infects bacteria. The virus, called lambda phage, became a mainstay in Szybalski's career-long interest in how genes are transferred, modified and regulated. At McArdle, he also learned to alter DNA so cancer cells would be more susceptible to radiation. In 1962, Szybalski became the first to insert DNA into human cells, and the next year, the first to create functional DNA in a glass dish. Szybalski invented HAT selection, a technique for separating those cells that had been genetically modified.

RECOMB 2015 keynote talk: **The Essence of Life**

Just as Stanislaw M. Ulam (1909-1984), I also was born and educated (1921-1944) as Ch.E. in the multinational, but very Polish and dearly loved by us city of Lwów (Leopolis, Lvov, Lemberg, and Lviv). Therefore, I will start my Ulam's Lecture by sketching his life as the Leopoldian mathematical genius, creator of the Monte Carlo method and hydrogen bomb, through the years of still lasting tragedy of our pre-WWII Lwów, as imposed upon us by terror, murders and finally by practically total deportations of citizenry, as carried by Soviet Russians, Nazi Germans and their henchmen, secretly assisted by shameless approval by signatories of the Teheran, Crimea (Yalta) and Potsdam WWII treaties. Then, I will stress how my exposure to Lwów scientific life (Viva Profesores Leopoliensis !) has lead to our successes in USA, while contributing to the physical genetics of DNA as the basis of life, followed by creating new fields of gene therapy and synthetic biology. Finally, I will introduce the documentary film, "The Essence of Life", in which the director, Anna Ferens, takes her artist's look at my scientist's life, whereas I will try to add more of the scientist's perspective”.

Na zdjęciach – prof. Wacław Szybalski
W otoczeniu Zarządu PTBI -1 (W. Rudnicki,
A. Gruca, M. Szachniuk, M. Kotulski)



Fot. P.Górecki

RECOMB 2015 (3)

Prosto po wykładzie prof. Szybalskiego uczestnicy pobiegli na wybraną wycieczkę poznając wybrane, często dość nietypowe, aspekty Warszawy. Dużym powodzeniem wśród uczestników konferencji cieszył się **Business Meeting**. To wówczas rozdawane były liczne stypendia konferencyjne dla młodych badaczy. Sponsorów było wielu i byli nadzwyczaj hojni – scena wypełniła się sporym tłumkiem obdarowanych szczęśliwców. Jednym ze sponsorów było też nasze Towarzystwo! PTBI przyznało 5 stypendiów (1000 PLN): M.Antczak, M.Borowski, B.Konopka, A.Rybarczyk, E.Szczurek. Dzięki sponsorom, za pośrednictwem PTBI wsparcie uzyskało też 20 studentów.



RECOMB 2015 (4)

Na zakończenie konferencji wręczono nagrody. W kategorii **artykuł** zwyciężyli **David Manescu** i **Uri Keich** za pracę "*A symmetric length-aware enrichment test*".

Nagroda za najlepszy **plakat** powędrowała do **Vladimira Shchura** i **Richarda Durbina** za poster "*Tree consistent PBWT and their application to reconstructing ancestral recombination graphs and demographic inference*".

Nagrodę „**test of time**” przyznano **Gene Yeo** i **Christopherowi B. Burge** za artykuł "*Maximum Entropy Modeling of Short Sequence Motifs with Applications to RNA Splicing Signals*" zaprezentowany podczas RECOMB 2003.

PTBI nagrodziło „firmowymi” koszulkami głównych organizatorów RECOMBu 2015 (fot.).

Była to bardzo udana konferencja na światowym poziomie - gratulujemy organizatorom !

Małgorzata Kotulska
Politechnika Wrocławska

J. Tiurny, T.Przytycka, B. Wilczyński, Prezes PTBI
Fot. Paweł Górecki,



BIT15, tym razem po RECOMBie

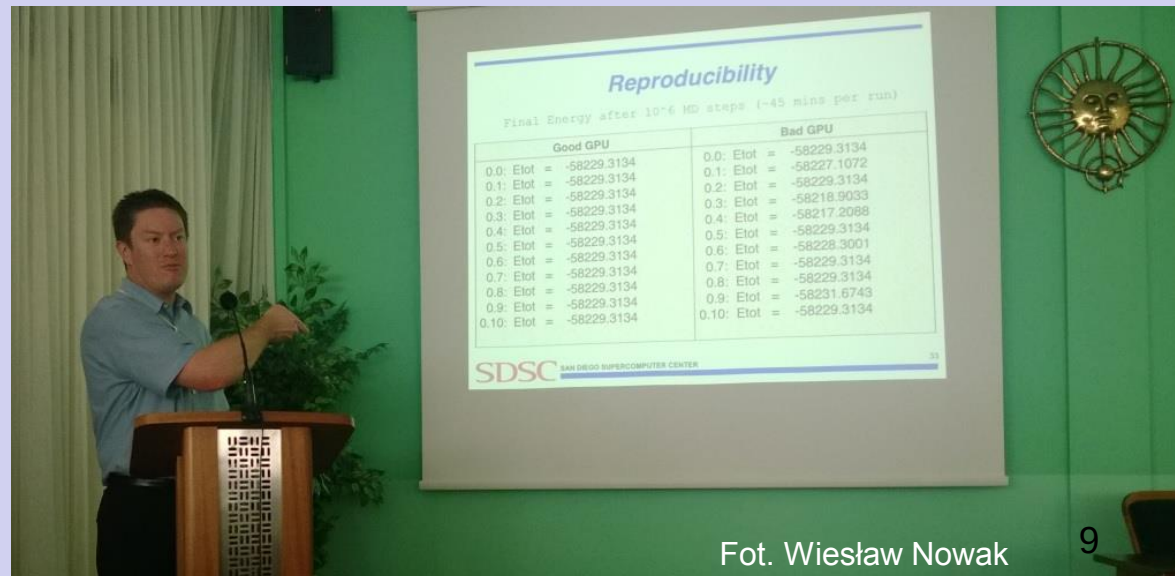
W dniach 16-18 kwietnia (czwartek-sobota) 2015, tuż po zakończeniu konferencji RECOMB15 w Warszawie, odbyła się tradycyjna (15 raz) doroczna konferencja międzynarodowa z serii „Bioinformatics in Torun” – BIT15.

Hasłem przewodnim było wykorzystanie GPU w bioinformatyce (BIOGPU), tym razem BIT miał status „affiliated workshop” do RECOMBu. Konferencję organizowali Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej UMK (kierownik Komitetu Programowego prof. W. Nowak) oraz PTBI. W tym roku uczestniczyło w niej blisko 50 osób, m.in. z Austrii, Danii, Niemiec, USA, Australii. Obrady miały miejsce w Gimnazjum i Liceum Akademickim w Toruniu (okazja do zwiedzenia jednej z najlepszych szkół średnich w Polsce), zaś tutoriale w Instytucie Fizyki Uniwersytetu M. Kopernika w Toruniu. Wsparcia udzielili: MNiSzW (grant DUN, pozwalający zaprosić wykładowców i obniżyć opłaty rejestracyjne dla młodzieży), Urząd Miasta Torunia, komitet organizacyjny RECOMBu (pendrivy). Podobnie jak na ostatnich BITach, w tym roku jedną sesję poświęcono pokrewnej dziedzinie – genomice zwierząt hodowlanych (organizowana przez prof. Ch. Pareeka). Wygłoszono 10 referatów „na zaproszenie”, 5 referatów „contributed”, 3 tutoriale (też „na zaproszenie”). Z konieczności w tym sprawozdaniu wymienimy tylko kilka z nich. Konferencję BIT15 otworzył referat wybitnego eksperta w dziedzinie GPU prof. **Rossa C. WALKERA** (Associate Professor & NVIDIA Fellow w San Diego Supercomputer Center & Department of Chemistry and Biochemistry, University of California San Diego, USA) pt. ***"Lights, Computer, Action: GPU Accelerated Molecular Dynamics, from Enzyme Activation to Membrane Dynamics"***. Prof. Walker jest jednym z autorów adaptacji programu AMBER na GPU. Na algorytmicznych aspektach obliczeń bioinformatycznych na GPU skupił się prof. **Bertil SCHMIDT** (University of Mainz, Niemcy; ***"Algorithms and Tools for Bioinformatics on GPUs"***). Bardzo ciekawe referaty, nieco luźniej związane z GPU, ale za to opublikowane w czasopiśmie z grupy Nature wygłosili reprezentanci Boku University z Wiednia – prof. **David P. KREIL** (Chair of Bioinformatics Research Group, Boku University Vienna, Austria), który zreferował obszerne wyniki badania wiarygodności technik sekwencjonowania RNA (***"Power and Limitations of RNA-Seq: findings from the SEQC (MAQC III) consortium"***) oraz dr **Paweł ŁABAJ**, który kontynuował tę tematykę (***"Detecting and Correcting Systematic Variation in Large-Scale NGS Data Sets"***). Jak wesprzeć analizy statystyczne w GWACS przy pomocy obliczeń wielkoskalowych, w tym na GPU opowiadał dr **Adam KOWALCZYK** z University of Melbourne (Australia).

Na sesji związanej z genetyką zwierząt doskonały obszerny przegląd problemów i ciekawych badań dał prof. **Haja KADARMIDEEN**, (Quantitative Genetics and Systems Biology group, University of Copenhagen, Dania) (**“Systems genetics using RNA-Sequencing methods: Application in Animals”**). W sesji tej prezentował się też prof. **Chandra PAREEK** z UMK. Z dużym zainteresowaniem zebrani wysłuchali referatu eksperta NVIDIA z Berlina, **Jacopo PANTALEONI** nt. **“Massive Parallelism in Bioinformatics”**. Jacoppo był też autorem tutorialu o bioinformatycznych możliwościach GPU dla zaawansowanych, prezentowanego w sesji sobotniej. Dwaj eksperci z Poznania (**Michał KIERZYNKA**, Instytut Informatyki, Politechnika Poznańska, **“GPU-accelerated whole genome assembly”** oraz **Adrian Paul SILESIAN**, Wydział Biologii UAM, **“Improvements in next-generation sequencing data analysis using inexpensive, desktop GPUs, user-grade SSDs, and Linux software RAID0”**) pokazali zarówno algorytmiczne jak i hardwarowe aspekty efektywnego wykorzystania GPU do zadań bioinformatycznych. Nie można w tym sprawozdaniu pominąć kluczowego referatu samego Prezesa PTBI, dr hab. **Witolda RUDNICKIEGO**, prof. UwB, który pokazał jak można zastosować technologię CUDA w zadaniach klasyfikacyjnych (**„Feature Selection @ CUDA”**). Sobotnie tutorial uzupełniło szkolenie (dr **K. Kubiak-Ossowska** - U.Strathclyde, dr **Ł. Peplowski** – UMK). Na sesjach posterowych wystawiono kilkanaście prac. W czasie BIT15 odbyło się również zebranie Zarządu PTBI w pełnym składzie, oraz posiedzenie „Pierogi party”. BIT15 BIOGPU pokazał, że technologie importowane z gier do nauki przydają się w bioinformatyce, obniżają koszty badań, ale nie są panaceum na wszystko.

Wiesław Nowak,
Instytut Fizyki UMK w Toruniu

Prof. Ross C. WALKER, →
NVIDIA Fellow, SD
Supercomputer Center, USA



Fot. Wiesław Nowak

BIOGPU BIT15



H.KADARMIDEEN, Copenhagen



M.Siwiek,
Bydgoszcz
BIT15, fot. WN



fot. W. Nowak

BIOGPU BIT15



D.P. Kreil, Vienna
BIT15, fot. WN



BIT15, J. Pataleoni,
NVIDIA, fot. WN



B. Schmidt, Mainz
BIT15, fot. WN



Prof.A.Strobel, UMK
fot. W.Nowak



In this Workshop...

- I was asked to talk about some of these topics:
 - Instruction Latency and Thread Parallelism vs Instruction Level Parallelism

BIOGPU BIT15





At „Pierogi PArtY”: J.Pantaleoni, R. Walker, W.Rudnicki, W.Nowak, A. Gruca; fot. Ł. Pełowski

BioInformatics in Torun, 15-18.04.2015

znacząca statystycznie próbka uczestników



Fot. Marcin Dąbrowski

Ogłoszenie o konkursach PTBI

Polskie Towarzystwo Bioinformatyczne ogłosiło wyniki konkursu na najlepszą pracę magisterską z zakresu bioinformatyki i biologii obliczeniowej. Konkurs dotyczy prac obronionych w Polsce, w roku kalendarzowym 2014. Finalistami konkursu zostali:

mgr Julia Herman-Iżycka

mgr Jakub Rydzewski

mgr Anita Sokołowska



Zwycięzca/Zwycięzcy Konkursu zostanie ogłoszony(a) na zjeździe PTBI w LUBLINIE! Warto śledzić www.ptbi.org.pl (aktualności).

Jaka to melodia? Bioinformatyczna...

W dniach 1,2,3 i 7 czerwca 2015 o godz. 17:20, w TVP 1 emitowana będzie specjalna edycja teleturnieju “Jaka To Melodia” w ramach cyklu Mistrzowie Nauki. Zachęcamy wszystkich do obejrzenia teleturnieju, a zwłaszcza jego 3-go odcinka, w którym jako zawodnik wystąpi dr inż. Szymon Wąsik – znany wielu z nas bioinformatyk z Instytutu Informatyki Politechniki Poznańskiej. Odcinek został nagrany w połowie kwietnia. Przeczytajcie, co Szymon opowiedział o swoim nietypowym doświadczeniu:

Celem turnieju Mistrzowie Nauki jest prezentacja osiągnięć młodych, polskich naukowców i promocja nauki, wykorzystujące wysoką oglądalność programu. Do wzięcia udziału w programie, jako jedna z 9 najlepszych uczelni w Polsce, wytypowana została Politechnika Poznańska, a jako jej reprezentant właśnie ja. Moja znajomość hitów muzycznych z pewnością nie dorównuje mojej znajomości algorytmiki i bioinformatyki, jednak po namowach dziekana Wydziału Informatyki PP zgodziłem się wystąpić w programie. W motywacji do błyskawicznego działania pomagał fakt, że terminy były niesamowicie krótkie. Kandydat uczelni musiał być zgłoszony w 24 godziny. W ciągu kolejnych 12 godzin musiałem wybrać osiągnięcia Politechniki, o których mogłem opowiedzieć oraz zdobyć jeden eksponat (reprezentujący całą uczelnię), który zaprezentuję w studio.

Mistrzowie Nauki cd.

Wybór padł na robota humanoidalnego zbudowanego na Wydziale Elektrycznym, który wygrał międzynarodowe zawody w sprincie robotów organizowane w Wiedniu oraz moje badania nad modelowaniem infekcji wirusowych, za które w zeszłym roku otrzymałem nagrodę Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego za osiągnięcia naukowe. W trakcie programu będzie można posłuchać jak opowiadam o tym, jak projektowanie modeli bioinformatycznych może przyczynić się do opracowania nowych leków, szczepionek i terapii. Mam nadzieję, że będę zrozumiały nie tylko dla grona czytelników Bioinformatorka, ale również dla reszty kilkumilionowej widowni. Od strony muzycznej wypadłem nienajgorzej (szczegóły na antenie), choć w drugiej rundzie trochę zjadła mnie trema związana z występem przed kamerami. Pomógł prawdopodobnie fakt, że pani wydająca program wybrała do niego łatwe piosenki, aby wspomóc naukowców, których głównym celem było zaprezentowanie nauki polskiej. Zapraszam wszystkich do oglądania całego cyklu, a szczególnie odcinka z moim udziałem!



Zostań edytorem nowego czasopisma bioinformatycznego :

<http://www.iscb.org/iscb-news-items/2440-2015apr30-f1000research-to-publish-new-iscb-community-journal>

Albo publikuj w dobrych czasopismach bioinformatycznych:

https://scholar.google.com/citations?view_op=top_venues&hl=en&vq=eng_bioinformatics

Bussines news:

TT walczy z nowotworami przy pomocy bioinformatyki:

http://funduszeue.wp.pl/informacje/bioinformatyczny-orez-w-walce-z-rakiem-powstal-w-warszawie_a157

Przykład jak EBI współpracuje z bussinesem:

<http://www.ebi.ac.uk/industry>

Przykład strony drobnej firmy:

<https://era7bioinformatics.com/en/page.cfm?id=308&title=team>

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

- W Tanzanii też jest bioinformatyka i znajome nazwiska:

<http://www.iscb.org/iscbafrica2015>

i w Nigerii:

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3998874/>

- W Chinach pierwsze centrum bioinformatyczne powstało w 1997 r w Pekinie. Obecnie czynnych jest 30 kierunków studiów bioinformatycznych w 16 miastach. W wielkim kursie bioinformatycznym typu MOOc uczestniczyło 30 000 studentów:

<http://journals.plos.org/ploscompbiol/article?id=10.1371/journal.pcbi.1003955>

- An explosion of bioinformatics careers (w 2014, w USA):

<http://www.sciencemag.org/content/344/6189/1303>

- Każdy się interesuje mikrobiomem, bioinformatycy też:

<http://journals.plos.org/ploscompbiol/article?id=10.1371/journal.pcbi.1002779>

- A to może być użyteczna książka (**Introduction to Bioinformatics Using Bacterial Genomics**; Authors: **Setubal**, Joao C., **Almeida**, Nalvo F

„First text book to present hands-on approach to teach bioinformatics using bacterial genomics as the platform”

<http://www.springer.com/gp/book/9780387767086>

:

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

Zalecenie # 3



*Zaleca się, by zjechać się
tłumnie w Lublinie na VIII
Zjeździe PTBI*

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