

bioinformatorek

Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego

Polish_BioInformatics_Society_News

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

#6 (2011)

red. W.Nowak IF UMK



Szanowni Państwo,

Pozdrawiam wszystkich członków i sympatyków Towarzystwa w imieniu Zarządu PTBI – tym razem z odbywającego się właśnie IV Zjazdu Towarzystwa w krakowskich Przegorzałach. Zarząd z zadowoleniem stwierdził, że poziom prezentacji przedstawianych przez doktorantów w ramach naszych konferencji wciąż rośnie, podobnie zresztą jak liczba członków Towarzystwa. Ze względu na zwiększający się kaliber naukowy naszych jesiennych spotkań, m.in. dzięki zapraszaniu doświadczonych naukowców do wygłoszenia wykładów plenarnych, postanowiliśmy nadać tej konferencji rangę Sympozjum. Przypominam, że w przyszłym roku wyjątkowo zamieniamy terminami nasze dwie konferencje: najbliższe Sympozjum i Zjazd Towarzystwa odbędą się 25-27 maja w Gdańsku, a toruński BIT - jesienią. W roku 2013 oba wydarzenia powrócą w tradycyjnych porach roku, przy czym planujemy dodatkowo uatrakcyjnić BIT poprzez połączenie go jednorazowo z konferencją Bioinformatics 2013 organizowaną przez Society for Bioinformatics in Northern Europe (SocBiN). Podobną konferencję organizowaliśmy już w Warszawie w r. 2008, była ona na bardzo wysokim poziomie naukowym. W tym roku PTBI wspiera również organizację innej, sporej konferencji, w której bioinformatycy spotkają się z biologami, fizykami, chemikami i informatykami – „Multi-Pole Approach to Structural Biology”, 16-19 listopada w Warszawie. Jesteśmy otwarci na możliwość udziału w takich inicjatywach w przyszłości i zachęcamy członków i sympatyków Towarzystwa do współpracy z PTBI przy organizacji wszelkich konferencji i warsztatów naukowych, w których pojawia się element bioinformatyki, także tych mających wymiar lokalny. Przede wszystkim chętnie wesprzemy inicjatywę studenckie.

Zachęcam do odwiedzania naszej strony internetowej (<http://ptbi.org.pl>) oraz naszych stron na portalach Facebook i LinkedIn – i do aktywnego uczestnictwa w ich współtworzeniu. Na dwóch pierwszych często pojawiają się ciekawe ogłoszenia, m.in. oferty pracy dla bioinformatyków, zachęcamy także poszukujących pracy związanej z bioinformatyką do zgłaszania swoich CV.

Janusz Bujnicki - Prezes PTBI



Zarząd:

Janusz M. Bujnicki (prezes)
Wiesław Nowak (wiceprezes)
Marta Szachniuk (wiceprezes)
Aleksandra Gruca (sekretarz)
Witold Rudnicki (skarbnik)

Komisja Rewizyjna:

Jacek Błazewicz (przewodniczący)
Marta Pasynekiewicz-Gierula
Anna Gambin

Polskie Towarzystwo Bioinformatyczne
ul. Banacha 2 02-097 Warszawa

REGON 141348225

NIP 7010118646

Nr Konta 85 1240 1053 1111 0010 1724 1817

Składki członkowskie za rok 2011 wynoszą: 80 zł,
studenci i doktoranci – 40 zł

W dniu 29.09.2011 liczba członków PTBI wynosiła 133.

Informacje o zjazdach i konferencjach

- **IV Zjazd PTBI** połączony z 9. warsztatami bioinformatycznymi dla doktorantów odbywa się w w Przegorzalach k. Krakowa (ośrodek UJ) w dniach 30.09-2.10. 2011 (piątek-niedziela). Przewodniczącą Komitetu Programowego jest Marta Pasenkiewicz-Gierula (UJ).
- W dniach 16-20 listopada 2011 odbędzie się w Warszawie międzynarodowa konferencja naukowa „**Multi-Pole Approach To Structural Biology**”, organizowana pod patronatem Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego oraz Ich Ekscelencji Ambasadorów RP w USA i USA w RP. Unikatowym założeniem jest zgromadzenie na tej konferencji naukowców polskiego pochodzenia pracujących od lat za granicą i specjalistów „krajowych”. Konferencja poświęcona jest głównie biologii strukturalnej i według tego klucza tematycznego zaproszonych zostało 35 wykładowców. Pozostała część programu zawiera wykłady wybrane z nadesłanych streszczeń obejmujących szeroko rozumiane „nauki o życiu” - zarówno od strony badań doświadczalnych jak i teoretycznych, w tym bioinformatyki, prowadzonych pod kątem podstawowym i aplikacyjnym. Ważnym elementem konferencji będzie specjalna sesja dyskusyjna poświęcona przyszłości nauki w Polsce (i oczywiście przyszłości finansowania tej nauki), zorganizowana przez Fundację na Rzecz Nauki Polskiej.

<http://iimcb.genesilico.pl/multipole/>

PTBI sponsoruje wykład Dr Adama Godzika (USA)

<http://bioinformatics.burnham.org/pages/people/adam.html>



- Kolejny **V Zjazd PTBI** połączony z 10. warsztatami bioinformatycznymi dla doktorantów, odbędzie się w Gdańsku (hotel AMBER), wyjątkowo wiosną, w dniach 25.05-27.05. 2012 (piątek-niedziela). Przewodniczącym Komitetu Programowego jest Borys Wróbel (PAN). Rozważana jest zamiana nazwy warsztatów na np. „Symposium” doktorantów.

- Coroczne warsztaty **BIT12 (BioInformatics in Toruń)**, organizowane przez Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej UMK oraz PTBI odbędą się w 2012 roku wyjątkowo jesienią, w dniach 27-29 września (czwartek-sobota) w Toruniu. Oprócz tradycyjnych wykładów zaproszonych gości z kraju i zagranicy przewidujemy sesję plakatową i sobotnie ćwiczenia praktyczne. Więcej informacji pojawi się na wiosnę na stronie <http://www.bit.edu.pl/> , ale już teraz można sobie rezerwować termin.

- Dobre źródła informacji 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.mgms.org/diary.htm>
<http://www.socbin.org/conferences.shtml>

O warsztatach BioInformatics in Torun, BIT11

Wiesław Nowak, UMK

W dniach 2–4 czerwca 2011 w Toruniu (woj. kujawsko-pomorskie) odbyły się po raz 11-ty warsztaty „BioInformatics in Toruń”, organizowane przez Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej UMK oraz Polskie Towarzystwo Bioinformatyczne. W spotkaniu wzięło udział ponad 80-ciu uczestników (rekordowa liczba) reprezentujących wiele ośrodków naukowych z całej Polski oraz z zagranicy (USA, Litwa, Japonia). W ciągu dwóch pierwszych dni uczestnicy wysłuchali 18 referatów prezentowanych (z założenia) przez ekspertów z dziedzin związanych w szeroko rozumianą bioinformatyką, oraz uczestniczyli w sesji plakatowej (ok. 30 plakatów). W sobotę z kolei można było uczestniczyć w kilkugodzinnych zajęciach praktycznych w pracowniach komputerowych (m.in. ModeRNA, BioShell). Ważną rolę warsztatów BiT jest stworzenie okazji do integracji środowiska bioinformatycznego w Polsce, zatem sporo czasu przeznaczono na przerwy kawowe i wieczorne spotkania przy włoskim jedzeniu. Niestety, wydaje się, że znów zadziałały w Toruniu siły zgoda niebioinformatyczne, bowiem posiłek w restauracji „Padre Direttore” uczestnicy BIT będą zapewne pamiętać niemal tak samo długo jak trwało oczekiwanie na ukochaną pizzę.

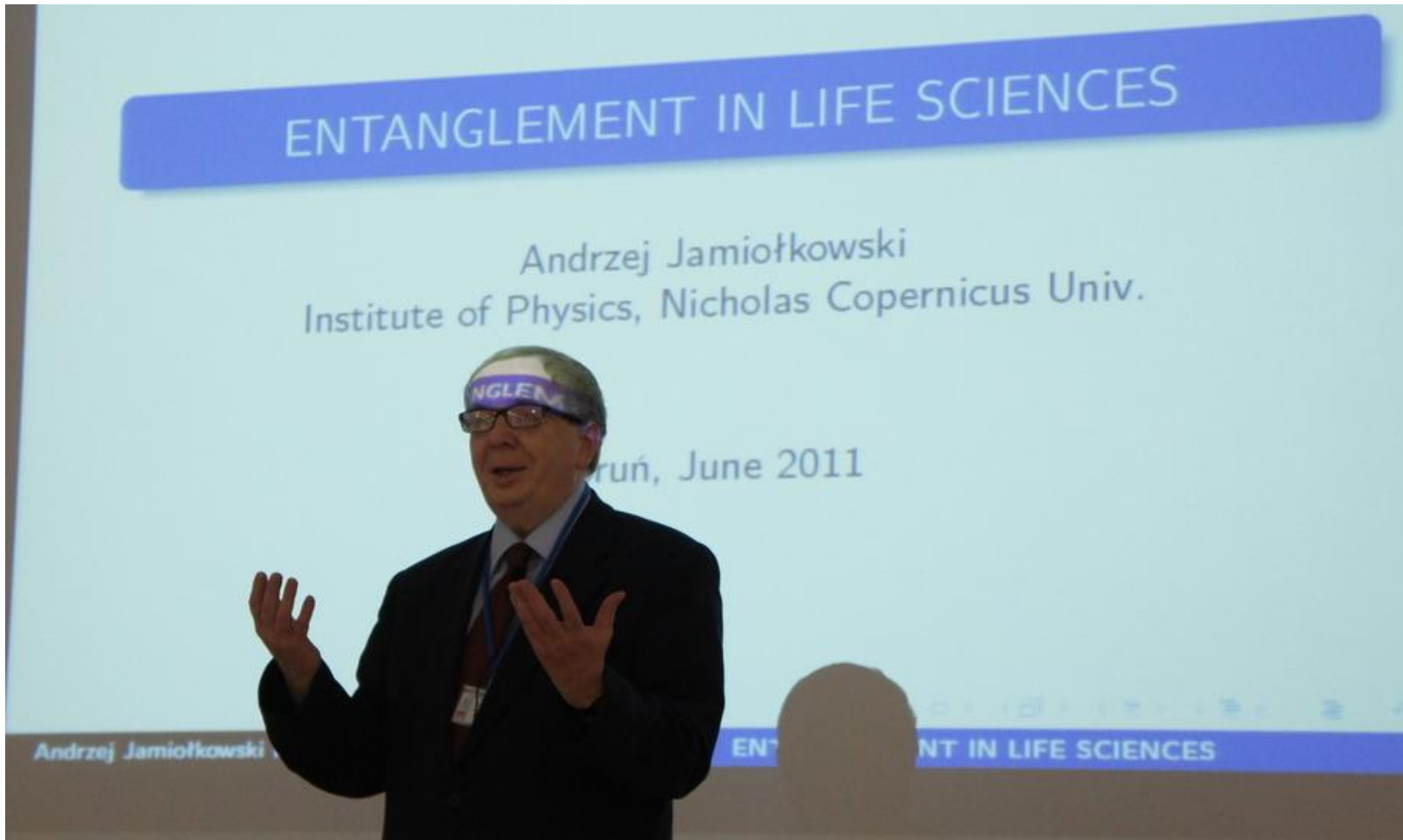
Referaty zaproszonych gości w znacznej części poświęcone były białkom: Ceslovas Venclovas (Vilnius University, Lithuania) mówił o wykorzystaniu kontaktów międzyatomowych do oceny trójwymiarowej struktury białek, Jens Meiler (Vanderbilt University, Nashville, TE, USA) przedstawił referat pt. „De novo prediction of complex and large protein topologies by assembly of secondary structure elements”, zaś Krzysztof Ginalski (UW) omawiał poszukiwanie nowych enzymów („Comprehensive classification of nucleotidyltransferase fold proteins”).



Nie zabrakło zagadnień związanych ze zwijaniem białek (K. Kuczer, Kansas, USA; A. Koliński – UW), analizą genomów (W. Karłowski – UAM, A. Polanski – Polif. Ś). Pojawiły się nawet sieci Petriego (P. Formanowicz – PP) i fotofizyka białek receptorowych w oku (J. Hasegawa, Kyoto). Sporo do myślenia dał uczestnikom BiTu referat A. Jamiołkowskiego nt. nowoczesnej dziedziny – informatyki kwantowej.

Nagrodę za najlepszą prezentację posterową zdobył Wojtek Potrzebowski. Jako jeden z organizatorów chciałbym na łamach naszego piśmka podziękować sponsorom za wsparcie finansowe (IF i KMK UMK, MNiSZW, Lab. Prof. Bujnickiego, PTBI), wykładowcom i autorom posterów z świetne wystąpienia, skarbnikowi PTBI za dzielne kolekcjonowanie przelewów i rozliczanie faktur, ekipie ochotników z UMK za czas i pomysły, zaś wszystkim uczestnikom BITu za aktywność, uśmiechy i dobre humory.

Referat na temat splątania w naukach przyrodniczych prezentuje fizyk, prof. Andrzej Jamiołkowski, wieloletni Rektor UMK w Toruniu



Wyniki konkursów:

W konkursie na najlepszą prezentację plakatową w ramach konferencji BIT2011, jury złożone z części zaproszonych wykładowców wyłoniło zwycięzców.

Najwyżej ocenione zostały plakaty zaprezentowane przez:

1. Wojciecha Potrzebowskiego z MIBMiK w Warszawie (tytuł: "MinkoFit3D: Modeling of macromolecular structures into density maps by 3D Minkowski sum analysis")
2. Sebastiana Kmiecika z Wydziału Chemii Uniwersytetu Warszawskiego (tytuł: "Simulation of chaperonin effect on protein folding: a shift from nucleation-condensation to framework mechanism") .

Nagrodą w konkursie, ufundowaną przez prof. Bujnickiego, była książka: Jin Xiong, "Podstawy Bioinformatyki", polskie tłumaczenie pod redakcją Janusza Bujnickiego, wydane nakładem Wydawnictw Uniwersytetu Warszawskiego. Otrzymał ją S. Kmiecik, bo WP już miał tę książkę ☺
[\[http://www.wuw.home.pl/ksiegarnia/product_info.php?products_id=4209\]](http://www.wuw.home.pl/ksiegarnia/product_info.php?products_id=4209)

Laureat konkursu na najlepszy plakat BiT11 Toruń 2011

- Wojtek Potrzebowski

Swoją bioinformatyczną przygodę rozpocząłem gdy jako doktorant dołączyłem do grupy prof. Janusza Bujnickiego. Wówczas jako świeżo upieczony fizyk z doświadczeniem w technikach eksperymentalnych pozyskiwania struktury molekuł biologicznych rozpocząłem projekt nad modelowaniem kompleksów białkowych z wykorzystaniem danych doświadczalnych o niskiej rozdzielczości. Wtedy też zrodził się pomysł wykorzystania algorytmu z robotyki do dopasowywania struktur atomowych do map gęstości elektronowej o niskiej rozdzielczości. Pomysł ten zaimplementowałem w metodzie MinkoFit3D, którą prezentowałem na konferencji BIT11.



Tak było w Toruniu
(więcej <http://bit.edu.pl/index.php/gallery>)



Fot. Ł. Peplowski

Nagrodę za najlepszą prezentację
(„ Spatially-resolved simulation of a rule-based model of
early events in B cell signaling”)

na IV Zjeździe PTBI (Przegorzały 2011) uzyskał

← Marek Kochańczyk
z IPPT PAN w Warszawie



Nagrodę PTBI za najlepszą pracę
magisterską obronioną w roku 2010
uzyskali: Wojciech Frohmberg i Michał
Kierzynka z Politechniki Poznańskiej →



Laureaci o sobie

Wojciech Frohberg:

Jestem studentem drugiego roku studiów doktoranckich. Dyplom magistra inżyniera informatyka otrzymałem w 2010 roku. Zawsze interesowały mnie przedmioty ścisłe, informatykę wybrałem jednak pewnym zbiegiem okoliczności, gdyż będąc w podstawówce i gimnazjum myślałem raczej o uczelni matematycznej. Moją przygodę z bioinformatyką zacząłem dopiero pracą magisterską. Szybko jednak uznałem ten obszar za godny uwagi. Teraz oprócz posady asystenta naukowego w grupie "bio" Instytutu Informatyki, zatrudniony jestem w Instytucie Genetyki Roślin PAN, gdzie poszerzam dotychczas zdobytą wiedzę z tej dziedziny. Współpracuję również z Instytutem Chemii Bioorganicznej PAN w zakresie dokowania ligandów do białek.

Michał Kierzyńska:

W ubiegłym roku (2010) ukończyłem studia magisterskie na Politechnice Poznańskiej, kierunek informatyka. Komputerami interesowałem się, można powiedzieć, już od dziecka. Jak każdy zaczynałem od gier, ale na tym się nie skończyło, a wybór kierunku studiów był tu raczej oczywisty. Pierwszą styczność z bioinformatyką miałem już na studiach inżynierskich. Zaczęło się od tego, że zostałem administratorem sieci w zespole "bio", a przy okazji prowadzonych dyskusji wyłonił się ciekawy temat na pracę magisterską. Obecnie, już jako doktorant, nadal rozwijam temat dopasowywania sekwencji na heterogenicznych architekturach obliczeniowych a ponadto zajmuję się analizą danych pochodzących z sekwencjonowania.

Temat naszej pracy magisterskiej pojawił się podczas nieformalnych rozmów w grupie "bio". Wcześniej obaj byliśmy na praktykach w PCSSie, gdzie zajmowaliśmy się technologią GPGPU, natomiast nasz przyszły opiekun zajmował się wtedy problemem Multiple Sequence Alignment (MSA). Oba tematy postanowiliśmy połączyć w pracę pt. "Development of sequence alignment methods on Graphics Processing Unit". Jako rezultat, powstał algorytm G-Coffee, rozwiązujący problem MSA na kartach graficznych. Jego tworzenie pochłaniało całkiem sporo czasu i energii, jednak dawało też wiele satysfakcji. Zebrane na tym etapie doświadczenia zachęciły nas do podjęcia studiów trzeciego stopnia.



A tak było w Przegorzałach (2011)



Centrum w Poznaniu

W dniu 6/10/ 2011 na Politechnice Poznańskiej została otwarta nowa siedziba **Europejskiego Centrum Bioinformatyki i Genomiki ECBiG** (<http://ecbig.pl/pl/jednostki-organizacyjne/europejskie-centrum-genomiki-i-bioinformatyki/>). Uruchomiono laboratoria sekwencjonowania i genomiki strukturalnej, proteomiki, genomiki funkcjonalnej oraz bioinformatyki. Centrum, wybudowane i wyposażone dzięki (m.in.) środkom z POIG 2.2 (fundusze europejskie, ok. 10 mln zł) jest efektem współpracy Politechniki Poznańskiej (PP) oraz Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu (ICHB PAN). Siedziba mieścić się w nowo wybudowanym Centrum Wykładowym PP. W Komitecie Koordynacyjnym zasiadają: prof. dr hab. inż. Jacek Błażewicz, dr hab. inż. Piotr Formanowicz, prof. PP, dr inż. Piotr Łukasiak, oraz prof. dr hab. Marek Figlerowicz z ICHB PAN. W centrum zgromadzono zestaw urządzeń i programów komputerowych potrzebnych do samodzielnego projektowania, wytwarzania i analizy mikromacierzy DNA, systemu do rozdziału analizy białek metodą elektroforezy dwukierunkowej oraz zestaw aparatów umożliwiających analizę wpływu ekspresji wybranych genów lub transgenów na metabolizm komórkowy. Głównym zadaniem ECBiG jest prowadzenie badań podstawowych w zakresie bioinformatyki, genomiki strukturalnej, genomiki funkcjonalnej i proteomiki, rozwój i wdrażanie nowych oraz już istniejących metod badawczych, jak i praktyczne wykorzystanie uzyskanych wyników w medycynie, biotechnologii oraz rolnictwie.

Obecnie w ramach ECBiG prowadzone są prace z następujących dziedzin: projektowanie, produkcja i praktyczne wykorzystanie mikromacierzy DNA i RNA; zastosowanie mikromacierzy DNA oraz technologii RNAi w badaniach genomu ludzkiego oraz wybranych genomów roślinnych; zastosowanie metod bioinformatycznych w analizie genomów; opracowanie i implementacja algorytmów umożliwiających projektowanie i analizę mikromacierzy DNA i RNA; obliczeniowa analiza strukturalna i sekwencyjna białek i RNA; algorytmiczna analiza sekwencjonowania i asemblacji DNA; identyfikacja nowych regulatorowych RNA, a szczególnie mikroRNA; masowa identyfikacja i analiza białek; terapeutyczne wykorzystanie technologii RNAi (siRNA, mikroRNA).

Tu znajduje się ECBiG (Poznań):



Obiecująca inicjatywa komercyjna!

- To nie jest reklama, ale informacja! Ekipa młodych bioinformatyków z Poznania, przy wsparciu akademickiego preinkubatora przedsiębiorczości PP założyła komercyjną firmę VitainSilica świadczącą usługi bioinformatyczne, m.in. szkolenia. Zapraszamy do dzielenia się informacjami o podobnych inicjatywach. Rynek usług bioinformatycznych, mimo pewnych tradycji, dopiero raczkuje w Polsce.
- Może pojawią się inne inicjatywy tego typu?



- Źródło: <http://www.vitainsilica.pl/pl/zespol.php>

Gdzie publikować?

Zwracamy uwagę, że znany kwartalnik „Biotechnologia” przechodzi proces „odnowy” i będzie publikował też prace z dziedziny biologii obliczeniowej:

<http://www.biotechnologia-journal.org/about/>



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

- Osoby poszukujące ciekawej pracy związanej z bioinformatyką zachęcamy do odwiedzenia strony JOBS European Bioinformatics Institute (Hinxton, Wlk Brytania).

<http://www.ebi.ac.uk/Information/Staff/jobs/jobs.php>

- Do czego może się przydać bioinformatyka? Do poszukiwania afrodyzjaków! Zaskakujące informacje na ten temat można znaleźć po przeczytaniu oryginalnego artykułu, link tutaj:

http://www.msnbc.msn.com/id/44703747/ns/technology_and_science-science/

- Coś na jesienne słoty ☺:

<http://www.bioinformaticsonline.com/Bioinformatics-Cartoons.php>