

**Temat:** Narzędzia do identyfikacji oddziaływań

Zbiór i ocena jakości i aktualności narzędzi do identyfikacji oddziaływań wewnątrz i międzycząsteczkowych

Moja praca jest głównie narzędziowa, wynikiem będzie dokument zestawiający testowane metody.

**Cel projektu:** zidentyfikowanie i opisanie istniejących metod

**Metody:**

- protein-RNA:  
aaRNA, BindN, BindN+, bioCOMplexes COntact MAPS COCOMPAS, BIPA, catRAPID omics, catRAPID signature, CONS-COCOMPAS, DR\_bind1, dRNA-3D, HotSPRing, iONMF, ITScore-PR, KYG, IncPro, NAPS, NPInter, NDB, NPIDB, practip, Pprint, PRBP, PRBR, PRINTR, PRIPU, ProNIT, PDIdb, PiRaNhA, Prince, PRIDB, RBscore, RNA Bricks, RBRDetector, RISP, RNABindR, RNABindRPlus, RPI-Pred, RPISeq, RsiteDB, SNBRFinder, SPOT-Seq-RNA, SPOT-Struct-RNA, SVM-Prot, TeloPIN.
- RNA-RNA:  
AccessFold, bistaRNA, CopraRNA, GUUGle, GUUGle, IRBIS, NPInter, RactIP, RILogo, RIsearch, RAID, RNAcifold, RNAhybrid, RNAPlex, RNAup, ViennaRNA.

**Założenia:**

- czy jeszcze jest dostępna,
- kiedy została stworzona,
- kiedy ostatnio była aktualizowana,
- jakiego typu oddziaływania rozpoznaje,
- sposób dostępu (www, program instalowalny (wymagania systemowe)),
- ograniczenia (np. dotyczące długości sekwencji),
- szybkość działania,
- format wyniku,
- deklarowana skuteczność