

Peptipedia 1.0

- Se tiene una DB con aprox 50 categorías o actividades biológicas (ver árbol de material suplementario). Aproximadamente se tienen 70.000 secuencias distintas.
- Los péptidos tienen la siguiente información:
 - Secuencia
 - Organismo
 - Familia
 - Patente
 - Valores de cada dataset por específico
 - Base de datos que la reporta
 - Medidas IC-50.
 - Medidas experimentales.
 - Orígenes (De dónde se sacó).
- Servicios:
 - ML para categorías
 - Entrenamiento (random forest y codificación).
 - Descripción de propiedades.
 - Descripción de frecuencias.
- Búsquedas avanzadas en la base de datos.
- Descargas.
- About us.
- Pelotudeces.
- How to cite.

Peptipedia 2.0 (Misiones, ideal para el 30 de marzo).

Benja y Gabriel (Base de datos y api):

- Actualizar las secuencias de las bases de datos ya incluidas (mejorar la BD). Incluir toda la info posible (importante incluir papers de las BD y de los péptidos).
- Incorporar bases de datos nuevas como Proyecto Atlas (reclasificar, ya que no se tiene información de las categorías de los péptidos).
- Incorporar caracterizaciones Pfam y gene ontology a todas las secuencias para obtener mas información.
- Alinear secuencias contra uniprot y obtener mas información sobre organismos, etc. Obtener códigos para buscar en AlphaFold 2 y obtener las estructuras.
- Evaluar cuanto pesan las estructuras pdb y descargarlas si es posible

Chicha (web Frontend):

- Mejorar servicios:
 - Frecuencias
 - Alineamientos 1 vs base de datos (usar blast)
 - Búsquedas.
 - Encoders.
 - Training.
 - Clasificar utilizando los modelos.
 - Mapear

- MSA (clustalo):
 - Secuencia vs actividad biológica
 - Secuencia vs filtro
 - Múltiples secuencias (input).
- Comparar secuencias a nivel numérico.
 - Distancias
 - Series de tiempo
- Predicción IC-50 (modelo David).
- Búsqueda avanzada.
- Generar una ficha por péptido.

Benja y Fran R (Documentación)

David (Paper).