

Wsparcie aktywności naukowej doktorantów, studentów i
Studenckich Kół Naukowych- Wydział Biotechnologii,
Uniwersytet Wrocławski
01.08.2016-01.02.2017
Sprawozdanie

Michał Burdukiewicz, Przemysław Gagat

Dzięki środkom finansowym przyznanych przez Konsorcjum Wrocławskie Centrum Biotechnologii Doktoranckie Koło Naukowe Bioinformatyki zrealizowało projekt “Tworzenie skróconych alfabetów aminokwasowych dla białek amyloidogennych”.

W trakcie badań opracowano optymalny zredukowany alfabet opisujący białka amyloidowe. Prowadzone prace pomogły w dopracowaniu rozwijanego przez członków Koła programu AmyloGram rozpoznającego białka amyloidogenne (<http://www.smorfland.uni.wroc.pl/shiny/AmyloGram/>). Stworzony model stał się również przyczynkiem do poszukiwania optymalnego algorytmu generujące skrócone alfabety aminokwasowe.

Wstępne wyniki badań zostały również przedstawione w postaci wystąpienia podczas kongresu **German Conference on Bioinformatics** (12-15 września 2016) w Berlinie (Niemcy) opublikowane w **PeerJ Preprints**:

- Burdukiewicz M, Sobczyk P, Rödiger S, Duda-Madej A, Mackiewicz P, Kotulska M. (2016) Prediction of amyloidogenicity based on the n-gram analysis. PeerJ Preprints 4:e2390v1 <https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.2390v1>.

Pełny manuskrypt opisujący uzyskane rezultaty jest w recenzji.

Przeprowadzenie obliczeń, niezbędnych do realizacji tego zadania badawczego, nie byłoby możliwe, gdyby nie modernizacja istniejącej infrastruktury dzięki środkom finansowym przyznanych przez Konsorcjum. To dzięki uzyskanym funduszom zoptymalizowano wykorzystanie pracowni studenckich tworząc z dostępnych komputerów studencki klastery obliczeniowy, który pozwo-

lił na realizację czasochłonnych analiz. Klaster został udostępniony innym członkom Konsorcjum (<http://www.biotech.uni.wroc.pl/klaster/>).

Wyjazdy konferencyjne finansowane przez Konsorcjum umożliwiły przedyskutowanie naszych rezultatów z innymi naukowcami, co pozwoliło nam przeprowadzić znacznie ulepszyć stosowane metody badawcze, a także rozpocząć współpracę z Center for Biological Sequence Analysis (Politechnika Duńska).