

Organizacja

Proszę przejść samouczek (*tutorial*) gry [EteRNA](#) oraz poziomy początkowe (*intro*) w grze [Foldit](#) (16/32)

Opis

[EteRNA](#):

- Wykorzystuje informacje o naturalnym parowaniu nukleotydów
- Zadany kształt (strukturę drugorzędową) należy odtworzyć mając na uwadze kilka zasad/ograniczeń
- *Challenge puzzles*: zadania potencjalnie rozwiązywalne algorytmicznie, ale można na nich trenować a jeśli odkryje się optymalny wzorzec postępowania można opublikować bota na stronie projektu
- *Lab puzzles*: zadania trudne, ale których rozwiązania mogą zostać zsyntetyzowane w praktycznych celach

[Foldit](#):

- Celem gry jest złożenie struktury trzeciorzędowej białka
- W naturze białko podczas powstawania zawsze zwiija się do takiej samej postaci -- najbardziej stabilnej
- Można wyszczególnić pewne reguły tej stabilności: czy są obecne wiązania wodorowe, czy białko jest dostatecznie zwarte, ale też nie za mocno, gdzie występują fragmenty hydrofobowe, itp.
- Dlaczego to jest ważne? Funkcja białka jest determinowana przez jego strukturę. Białko poprzez odpowiedni kształt reaguje z wybranym fragmentem innej cząsteczki i tylko z tym fragmentem (tzw. mechanizm klucza i zamka)
- Mimo, że w naturze składanie białka jest powtarzalne i unikalny kształt jest zawsze zachowany, dzisiejsze algorytmy nie zawsze są w stanie odtworzyć kształt na podstawie sekwencji aminokwasów. Jest to obecnie dość obszerna i cały czas rozwijająca się część biologii obliczeniowej
- Z gry Foldit pobierane są wzorce działania najlepszych graczy celem wyekstrahowania optymalnych metod. Z drugiej strony, nierozwiązane, trudne zadania okazywały się rozwiązywalne dla graczy np. [\[Khatib2011\]](#), gdzie współautorami są poznańscy krytalografowie

[Khatib2011] <http://www.cs.washington.edu/homes/zoran/NSMBfoldit-2011.pdf>