

Аннотация

«Компьютерный анализ и моделирование биологических структур»

Данный курс является продолжением курса "Анализ структуры белка методами биоинформатики" и позволит слушателям получить практическое представление об основных технологиях структурной биоинформатики: сравнительное моделирование, молекулярная динамика и молекулярный докинг. Перечисленные технологии, будучи примененными совместно, позволяют сократить разрыв между огромным массивом накопленных данных о последовательностях биологических полимеров и нашими знаниями об их структуре и функциях.

Сравнительное моделирование предоставляет возможность построить пространственную структуру молекулы, только на основании сходства её последовательности с последовательностями биологических полимеров с уже известной структурой. Молекулярная динамика, для уже существующей структурной модели, позволяет оценить динамические характеристики и дать исследователю подсказку относительно возможного механизма функционирования. И, наконец, сервисы решающие задачи молекулярного докинга упрощают анализ уже на уровне белковых и нуклеопротеиновых комплексов.

Наполняемость группы: 2-25 человек

Разработчики: Стефанов В.Е., к.б.н., доцент кафедры биохимии, заведующий кафедрой биохимии, Мавропуло-Столяренко Григорий Ростиславович, старший преподаватель кафедры биохимии