

# **Вычислительный анализ белковых последовательностей**

Лектор: к.б.н. И.И. Артамонова

## **Программа курса**

### **I. Базы данных и поиск информации**

- Поиск информации:
  - PubMed – подробно, Google Scholar, Molbiol, scihub
- Белковые и нуклеотидные последовательности – поиск и хранение:
  - Swiss-Prot/UniProt – подробно; GeneBank – подробно, RefSeq, UniGene
- Анализ целых геномов на различных уровнях:
  - Вирусные и бактериальные геномы, Genome Browser – подробно, Ensemble

### **II. Биоинформатический анализ белковых последовательностей**

- Поиск гомологов, первичный анализ, домены:
  - BLAST – подробно, InterPro - подробно
- Множественные выравнивания: ClustalW, Toffee- подробно
- Филогенетический анализ: MEGA
- Структура белка: предсказания, PDB

### **III. Биоинформатический анализ нуклеиновых кислот**

- Распознавание генов в нуклеотидных последовательностях
- Методы работы с РНК

### **IV. NGS – биоинформатические основы и основные методы**

### **Рекомендуемая литература:**

J.-M. Claverie, “Bioinformatics for Dummies”, 2003, Wiley, John & Sons, Incorporated

### **Дополнительно:**

Haubold & Wiehe, “Introduction to Computational Biology: an Evolutionary Approach”, Birkhäuser, 2006.