DOKTORANTŪROS STUDIJŲ DALYKO SANDAS

Dalyko pavadinimas	Mokslo kryptis kodas	Kamieninis padalinys	
Baltymų struktūrinė bioinformatika	Biologija 01B	VU Biotechnologijos institutas	
Studijų būdas	Kreditų (ECTS) skaičius	Studijų būdas	Kreditų (ECTS) skaičius
Paskaitos		konsultacijos	**2**
Individualus	**6**	seminarai	

Dalyko anotacija
Kurso tikslas – pagilinti esamas ir įgyti naujų žinių apie kompiuterinių metodų taikymą baltymų sekų, struktūrų, sąveikų ir funkcijos analizei bei struktūros ir funkcijos prognozavimui. Pagrindiniai biologinių sekų ir struktūrų duomenų bankai. Amino rūgščių tarpusavio panašumo samprata. Baltymų homologijos samprata. Giminingų baltymų paieška. Informacijos apie baltymų sekų šeimą apibendrinimas naudojant sekų profilius ir paslėptus Markovo modelius. Antrinė ir tretinė baltymų struktūra. Baltymo sekos - molekulės erdvinės struktūros - baltymo biologinės funkcijos sąryšio tyrimai pasitelkiant *in silico* metodus. Baltymų tarpusavio sąveikos ir jų kompleksai. Eksperimentinių erdvinių struktūrų duomenų bazė – PDB. Baltymų ir jų kompleksų struktūrų prognozavimas kompiuteriniais metodais.
Pagrindiniai šaltiniai
A.Lesk. Introduction to Bioinformatics, 4th editition // Oxford University Press, 2014, ISBN-13 978-0199651566. O.S.D.Gopakumar. Bioinformatics: Sequence and Structural Analysis // Alpha Science International Ltd, 2014, ISBN 1-84265-490-X. Homology modeling : methods and protocols / edited by Andrew J.W. Orry, Ruben Abagyan. Volume 857, 2012 // Humana Press, ISBN: 978-1-61779-587-9 (Print) 978-1-61779-588-6 (Online) D.W.Mount. Bioinformatics. Sequence and genome analysis // New York, CSHL press, 2004, ISBN 978-087969712-9. W.J.Ewens, G.Grant. Statistical Methods in Bioinformatics: An Introduction // Springer, 2005, ISBN 978-0-387-26648-0.

Konsultuojančiųjų dėstytojų vardas, pavardė	Mokslo laipsnis	Pedag. vardas	Svarbiausieji darbai mokslo kryptyje (šakoje) paskelbti per pastaruosius 5 metus
Česlovas Venclovas	Dr.		Olechnovič K., **Venclovas C**. The CAD-score web server: contact area-based comparison of structures and interfaces of proteins, nucleic acids and their complexes. *Nucleic Acids Res* 2014, 42(Web Server issue):W259-63. Tamulaitis G., Kazlauskiene M., Manakova E., **Venclovas Č.**, Nwokeoji A.O, Dickman M.J., Horvath P.and Siksnys V. Programmable RNA shredding by the Type III-A CRIPSR-Cas system of Streptococcus thermophilus. *Mol Cell* 2014, 56(4):506-17.
Albertas Timinskas	Dr.		Timinskas K., Balvociute M., **Timinskas A.**, Venclovas C. Comprehensive analysis of DNA polymerase III α subunits and their homologs in bacterial genomes. *Nucleic Acids Res* 2014, 42(3):1393-413.

Patvirtinta Chemijos inžinerijos krypties doktorantūros komitete 2016 m. kovo mėn. 30 d., protokolo Nr. 33
Komiteto pirmininkė A. Žvirblienė