**上海交通大学2014年结构生物信息学BI6005排课信息表**

Every Wednesday 16:00-17:40(9-10节)，东中院2-304,闵行校区

Lecture of 2\*45 Minutes for each professor.

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| 日期（month/date） | 单位(affiliation) | 授课教师（speaker） | 授课内容（title） | 备注（note） |
| 03/11 | 交大自然院 | 洪亮 | Protein dynamics，molecular dynamics simulations, modeling and neutron scattering experiments |  |
| 03/18 | 重庆医学院 | 张永红 | Computer-aided Analysis and Evaluation Drug Activity of ADME/T |  |
| 03/25 | 交大生命学院 | 魏冬青 | 蛋白质结构预测 |  |
| 04/01 | 中国科学院上海巴斯德研究所 | 陈 荣 | Combining Crystallography and EM for Bio-macromolecule Study |  |
| 04/08 | 交大自然科学研究院 | 胡丹 | Modeling and Simulation of Membrane Proteins- Rare Event Dynamics. |  |
| 04/15 | 交大生命学院 | 徐沁 | Molecular Dynamics Simulations on enzyme catalysis and protein-drug interactions |  |
| 04/22 | Concordia University, Canada | Gilles H. Peslherbe | Computer Simulations of Molecular and Reaction Dynamics:From Materials to Biological Chemistry to Fundamentals of Cluster Solvation |  |
| 04/29 | 复旦大学 | 连鹏 | 生物大分子结构与性质的结构生物信息学研究 |  |
| 05/06 | Concordia University, Canada | Gilles H. Peslherbe | Drug Designand Computational Structural Biochemistry |  |
| 05/13 | 交大生命学院 | 赵一雷 | Enzyme And Catalysis |  |
| 05/20 | 交大生命学院 | 陈海峰 | DNA、RNA Structure Prediction and Simulations |  |
| 05/27 | 交大医学院 | 张健 | 蛋白内别构通信的理论基础与应用 |  |
| 06/03 | 交大生命学院 | 熊毅 | Large scale comparison of protein global surface shapes. |  |
| 06/10 | 交大生命学院 | 徐沁 | Brief Introduction of Public Databases for Structural Bioinformatics |  |
| 06/17 |  | 徐沁 | Student reports |  |

**课程简介**

结构生物信息学是一门以数学模型、物理原理及计算方法为技术手段，结合分子生物学的实验方法研究生物大分子结构信息的获取和分析以及研究生物大分子的功能等相关的课程。其最终目的是理解生物大分子如何通过多样性的结构发挥有机体的独特功能的过程与机理。课程重点在介绍生物大分子的结构特点、结构获得的方法、基于结构的功能研究等的方法及原理。强调学生的动手能力，把最新的研究成果引入课堂教学案例，使得每个学生在完成本课程后可以把课程所学与自己的研究课题结合起来解决科研中遇到的生物大分子的结构功能相关的问题。此课程是针对生命科学相关专业的研究生专业课程,也可以作为生命科学类理工科专业本科高年级的通选课程。

在知识结构方面，帮助学生获得必要的生物大分子结构数据获取和分析的基本方法和知识，掌握结构分析的核心算法和基本的数学模型，其数学、统计学和分子生物学理论基础，了解最新的结构与功能研究的方法和系统，以及它们在生物、医药、能源以及其它工农业各方面的应用。

在能力培养方面，能够运用所学的理论和应用软件，通过数据采集，数据分析，选择合适的数学模型，建立结构的分析模型，对实验数据进行从结构到功能的分析，给出具有合理生物意义的分子机理。通过模型，算法和应用三条主线，培养学生发现问题，分析问题和解决问题的能力，为今后在科学研究和工程技术应用领域的继续学习和工作打下坚实的基础。在素质锻炼方面，引导学生了解生物大分子结构数据获取及研究方法等，使得学生广开思路，勤于思考；了解蛋白质和核酸的基本结构、方法和系统以及相应的研究方法发生发展的历史，培养学生的思维方式及研究方法。

**参考文献：**

**Structural Bioinformatics (Methods of Biochemical Analysis)**

[Philip E. Bourne](http://www.amazon.com/s/ref%3Dntt_athr_dp_sr_1/190-5972065-1118445/190-5972065-1118445?_encoding=UTF8&sort=relevancerank&search-alias=books&ie=UTF8&field-author=Philip%20E.%20Bourne) (Editor), [Helge Weissig](http://www.amazon.com/s/ref%3Dntt_athr_dp_sr_2/190-5972065-1118445/190-5972065-1118445?_encoding=UTF8&sort=relevancerank&search-alias=books&ie=UTF8&field-author=Helge%20Weissig) (Editor)

**课程成绩：**

1. 出勤（20%）：课堂签到；
2. 期末总结（40%）：包括1）课程内容总结，2）选取其中一个感兴趣的方向，具体阐述其特点，与自己的研究工作相结合，设计一个简单的研究方案；最后一节课之前发送到xuqin523@sjtu.edu.cn；
3. 文献报告（40%）：以课程内容相关的一个方向，搜索一篇文献，在课堂上进行简短介绍（ppt演示+答疑，共5分钟），要求内容完整、重点突出。