

5. Биофизика сложных многокомпонентных систем. Математическое моделирование. Биоинформатика

Аудитория 131

Председатели: Финкельштейн Алексей Витальевич, Колтовая Наталия Алексеевна

15:00	15:40	Финкельштейн Алексей Витальевич	Как AlphaFold находит структуру белка: предсказывает он её на основе физики, или распознает по сходству последовательностей с помощью огромных баз данных?
15:40	16:00	Рошаль Сергей Бернардович	Скрытые симметрии белковых вирусных оболочек
16:00	16:20	Седов Игорь Алексеевич	Возможности дифференциальной сканирующей калориметрии для изучения белок-лигандных взаимодействий
16:20	16:40	Рагульская Мария Валерьевна	Пандемия SARS-Cov-2 как система «хищник-жертва»: биофизические, социальные и гелиофизические факторы развития локальных эпидемий
16:40	17:00	Коневцова Ольга Викторовна	Особенности морфологии и механизм структурного превращения оболочки флавивируса при созревании
17:00	17:20	Кофе-брейк	
17:20	17:40	Гурия Георгий Теодорович	Численное моделирование сдвиговой активации тромбоцитов в катетерах для гемодиализа
17:40	18:00	Голушко Иван Юрьевич	Как изменение электрических зарядов белков способствует их переупаковке в оболочках вирусов Зика и Денге при созревании
18:00	18:20	Колтовая Наталия Алексеевна	Мутационный анализ структуры транспортной молекулы аргинина
18:20	18:40	Пак Марина Алексеевна	Новый меганабор данных в сочетании с глубокой нейронной сетью позволил добиться прогресса в предсказании эффекта мутаций на стабильность белков
18:40	19:00	Колобов Андрей Владимирович	Агентная модель роста опухоли с учетом тканевого напряжения и поступления питательных веществ