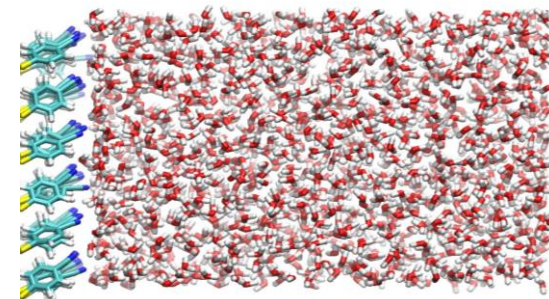
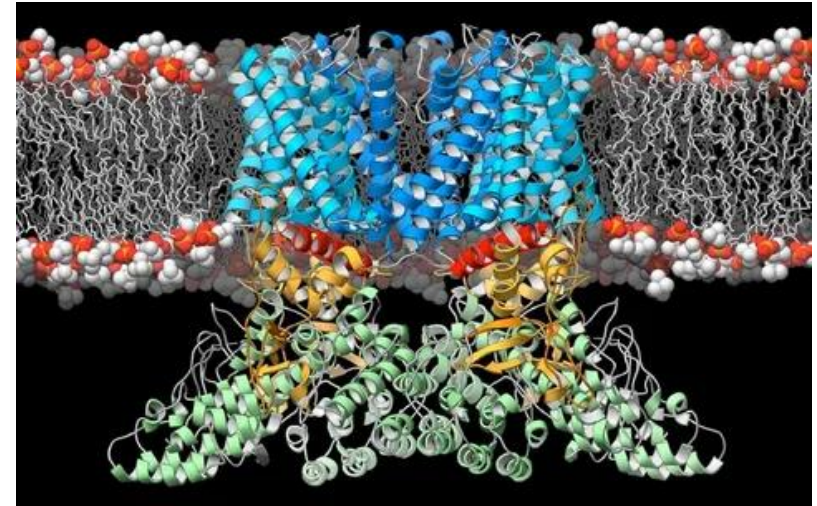


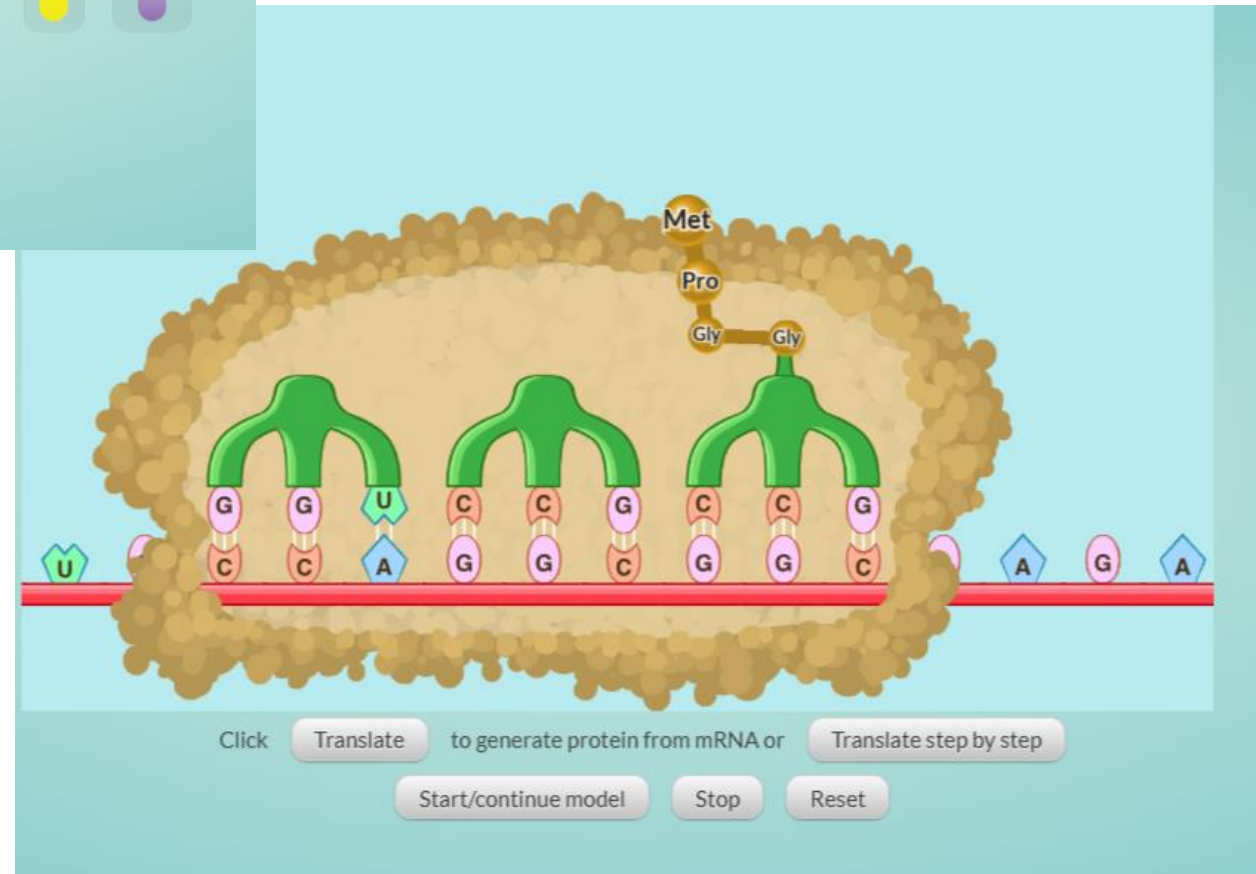
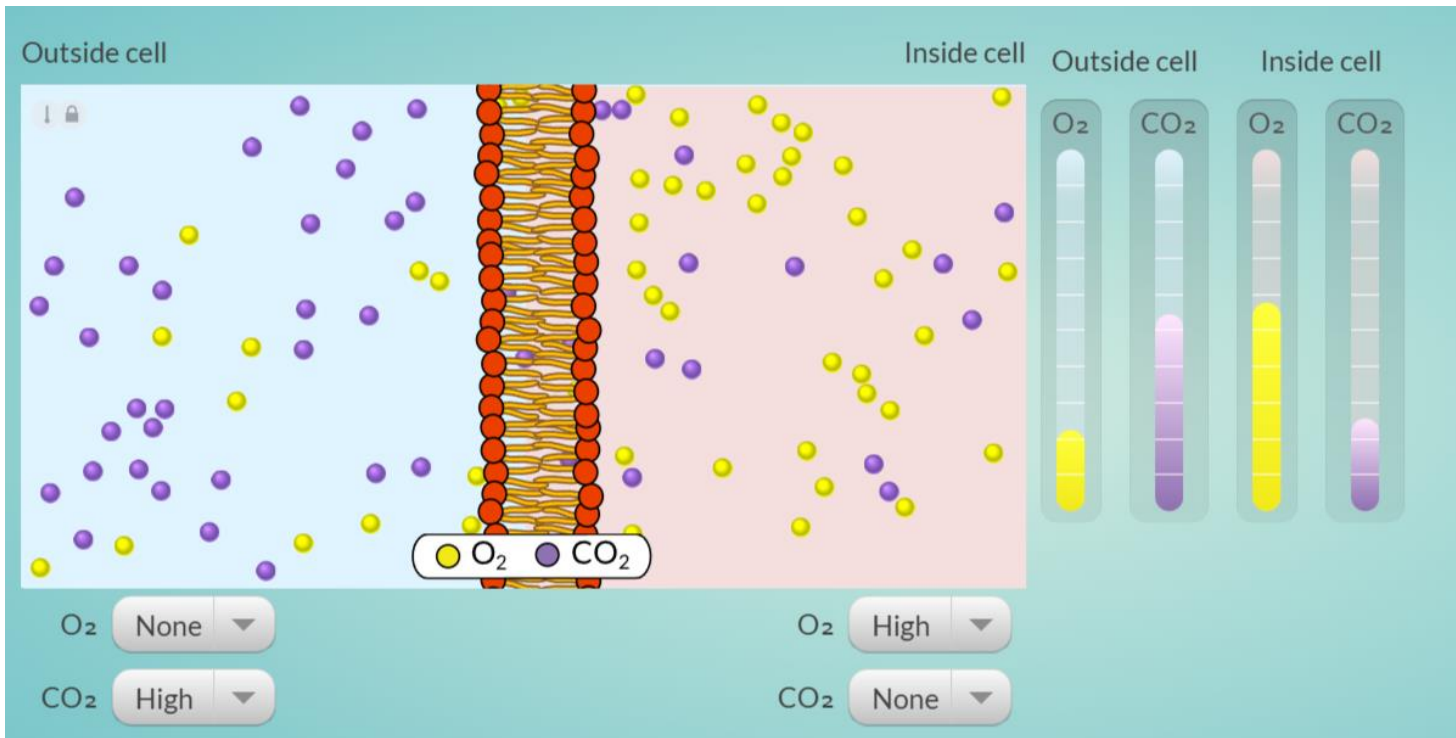
Использование баз данных, онлайн-программ и виртуальных лабораторий для практических работ в курсе общей биологии, а также элективных курсах по молекулярной биологии.

Воронина Е.Н.

Мир молекул это не вакуум

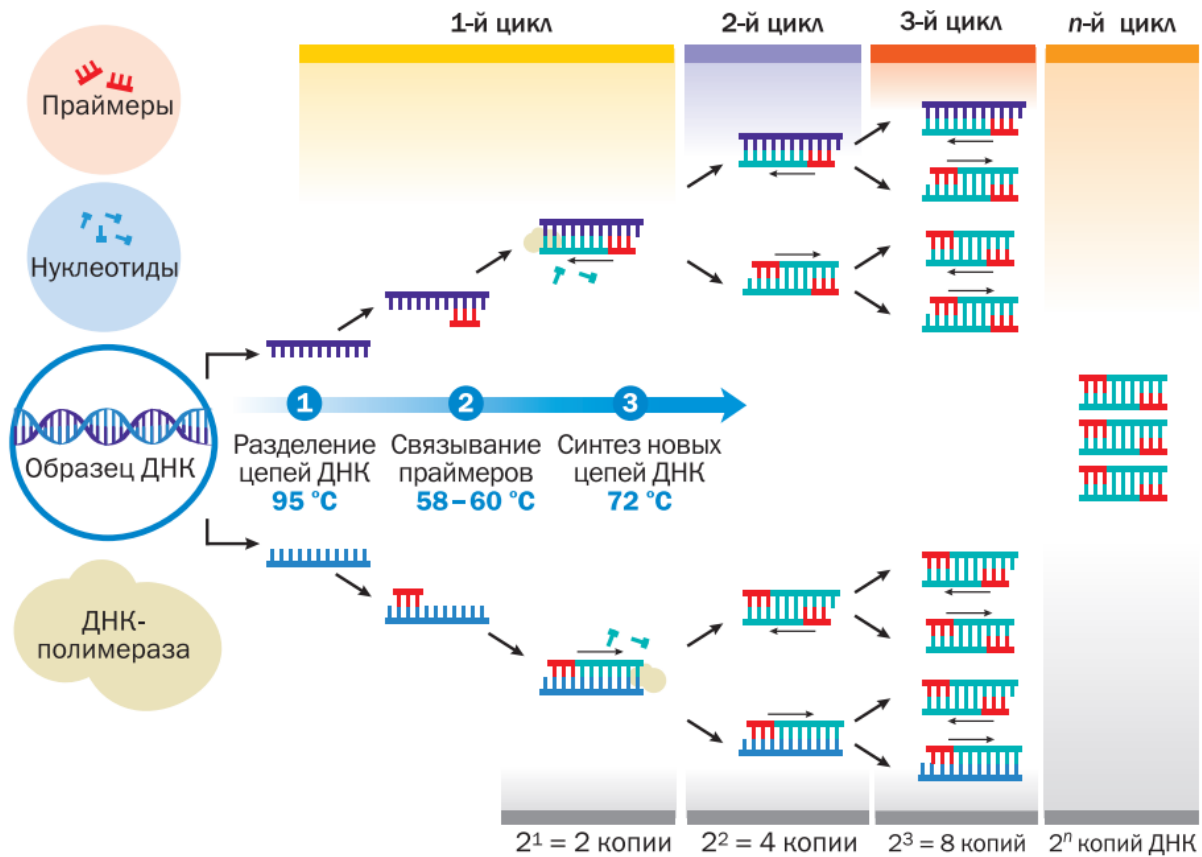
- Часто мы представляем себе мир молекул, которые как будто плавают в пустом пространстве. Этому способствуют рисунки в учебниках, фильмы, и даже модели молекул, которые мы используем для наглядности.
- Но в реальности биомолекулы находятся среди молекул воды.



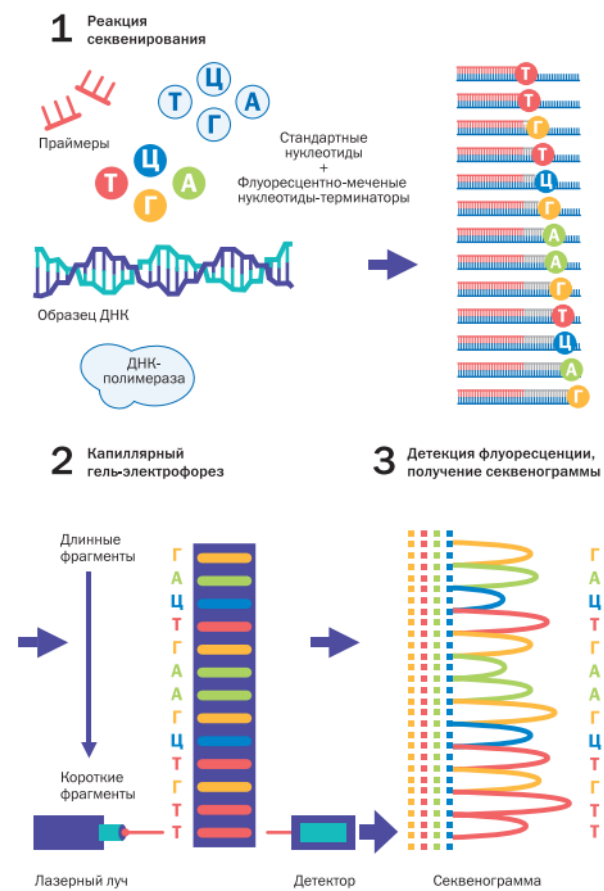


<https://www.labxchange.org/>

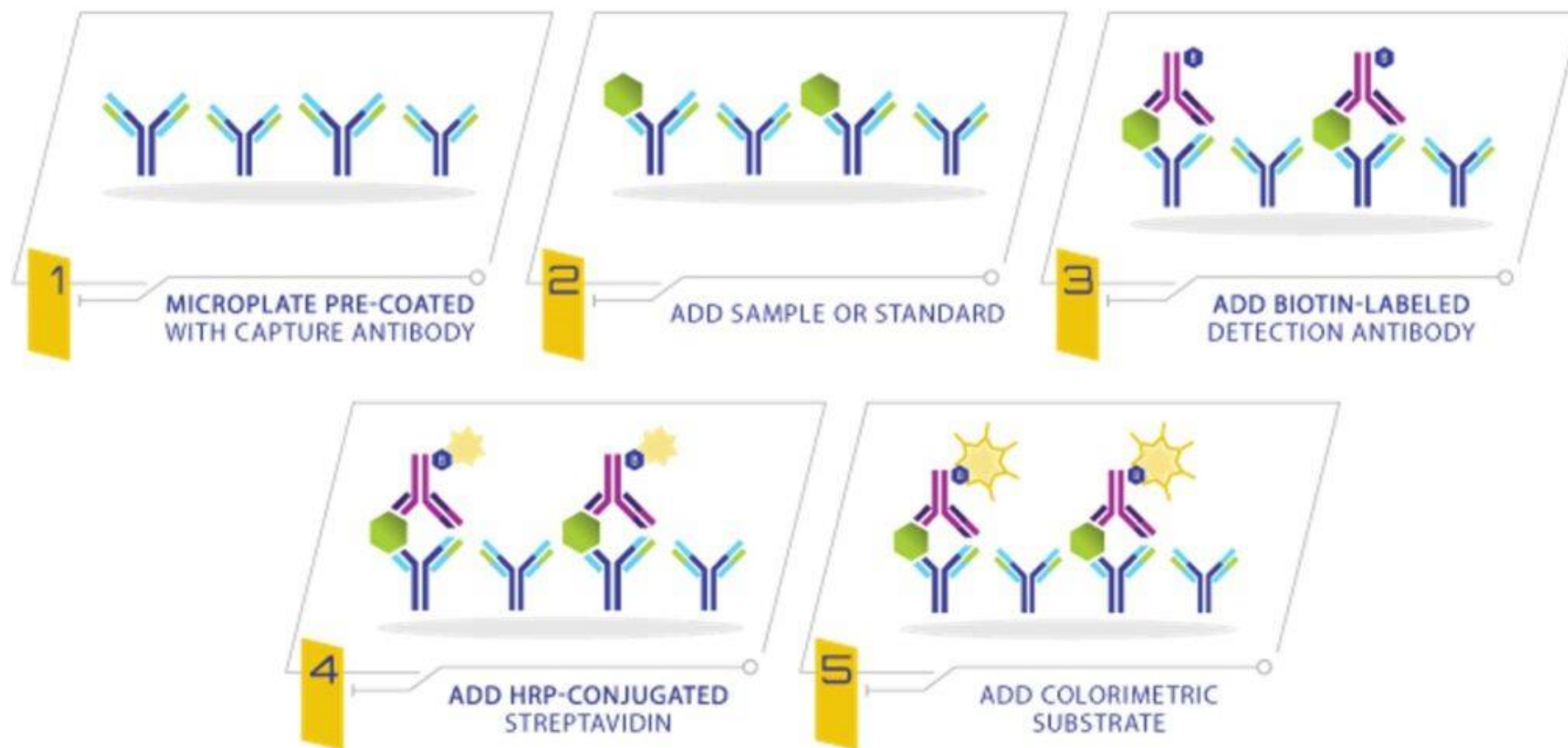
ПЦР



Секвенирование



ИФА

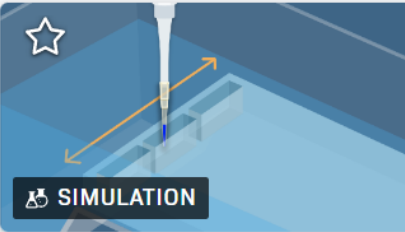


Имитация лабораторных работ

- <https://www.labxchange.org/library>

710 results


Simulations Sort by Relevance ▾



☆

SIMULATION


Gel Electrophoresis
LabXchange
This simulation introduces gel electrophoresis, a technique used to separate biological molecules. In this simulation, gel electrophoresis is used to separate dyes and visualize them in an agarose gel.



☆

SIMULATION

Transforming Bacteria
LabXchange
In this simulation, users will practice transforming bacterial cells with a recombinant plasmid using the heat shock method.



☆

SIMULATION

Restriction Enzyme Digest
LabXchange
This simulation provides an opportunity to practice a restriction digest in a virtual lab setting. Restriction enzymes are used to cut the DNA strands of two plasmids, producing DNA fragments with...



LAB NOTEBOOK
Running a protein gel

4 PROTOCOL

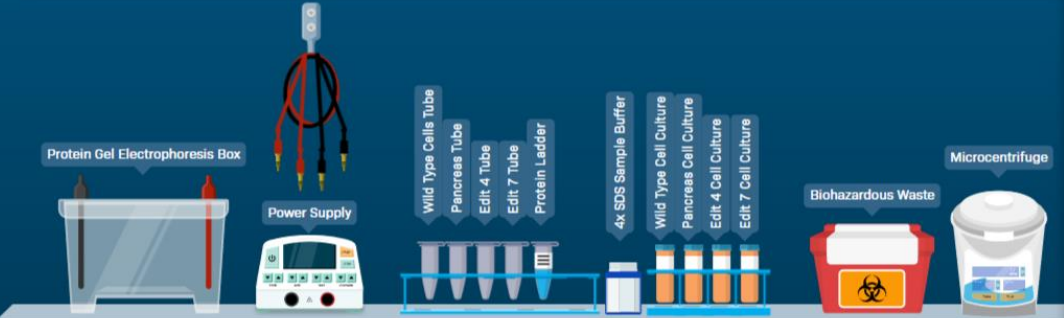
Notes

1/6

1. Collect cells.

- a Set the temperature of the heat block to 95°C.
- b Set the P200 micropipette to 30µl.
- c Attach a P...
- d Move the... the wild ty...
- e Draw up th... pressing t...

P2 P20 P200 P1000



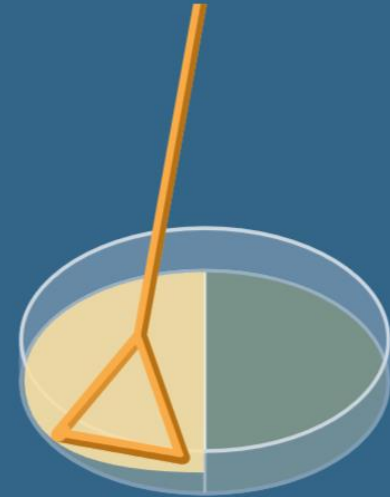
Restart step

Need help?

100%

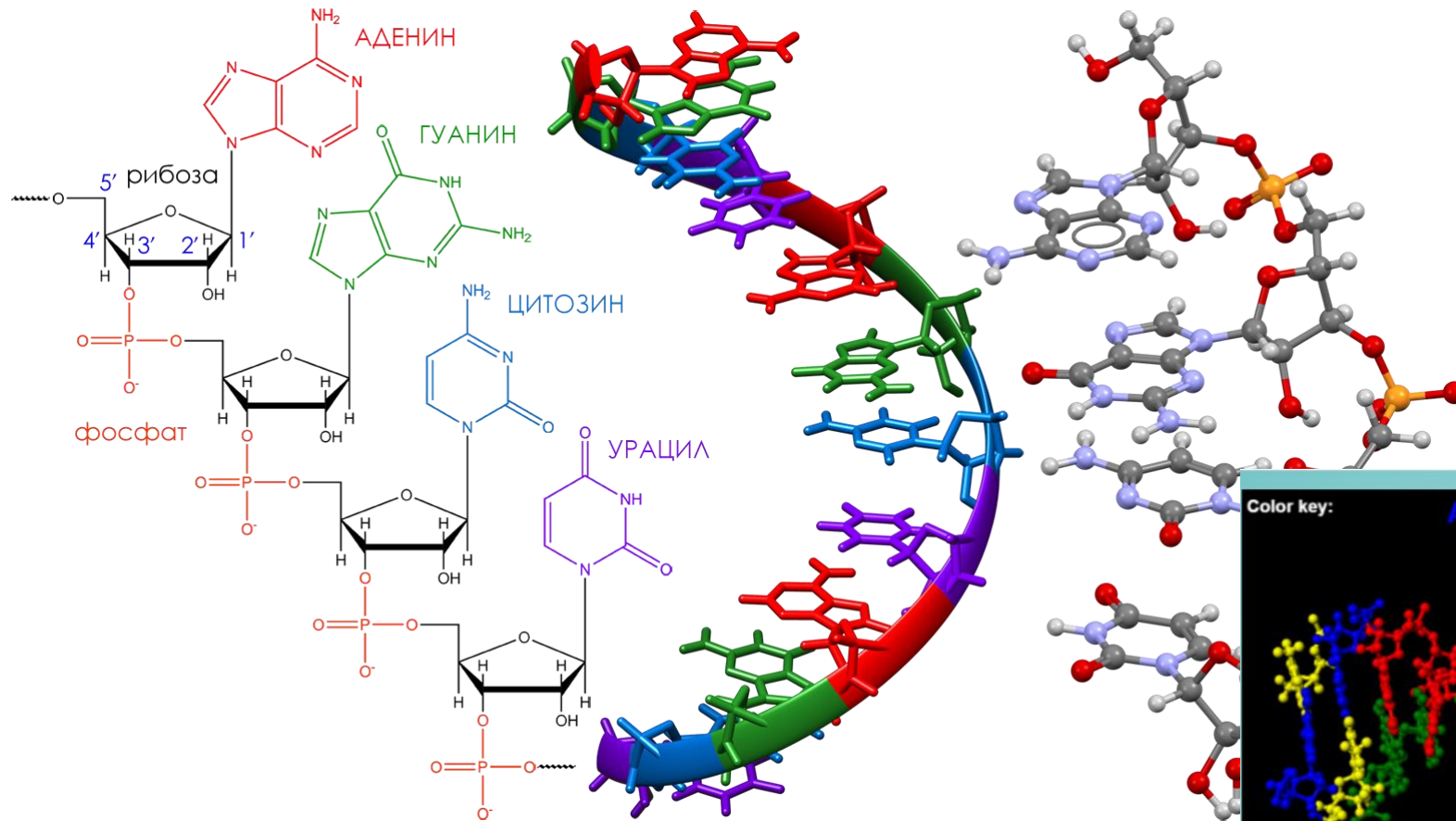
SPREADING THE BACTERIA

Close



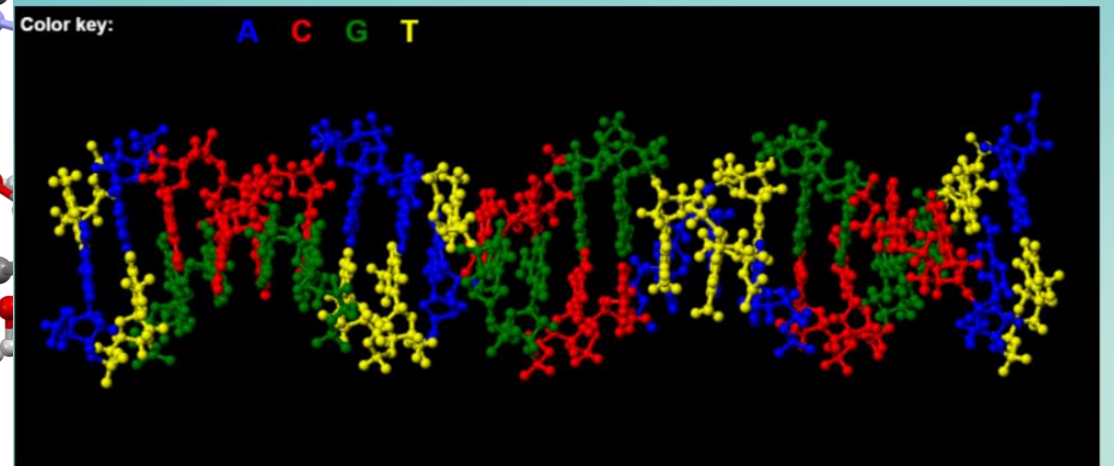
Need help?

Мир молекул не плоский.



Color key:


A C G T



To zoom in or out, SHIFT-click or pinch while you drag on the DNA

https://en.vectorbuilder.com/

← en.vectorbuilder.com DNA Secondary Structure Prediction Tool | VectorBuilder

VectorBuilder  [Перейти к VectorB](#)

[Главная](#) > [Инструменты](#) > [Вторичная структура ДНК](#)

Обзор инструментов

- Разработка последовательности действий**
 - Целевой дизайн shRNA
 - Дизайн Грунтовки
- Анализ последовательности**
 - Выравнивание последовательности
 - Точечный график последовательности
 - Калькулятор Содержания GC
 - Вторичная структура ДНК**
 - Обратный Комплемент ДНК
- Анализ последовательности кодирования**
 - Таблица Кодонов

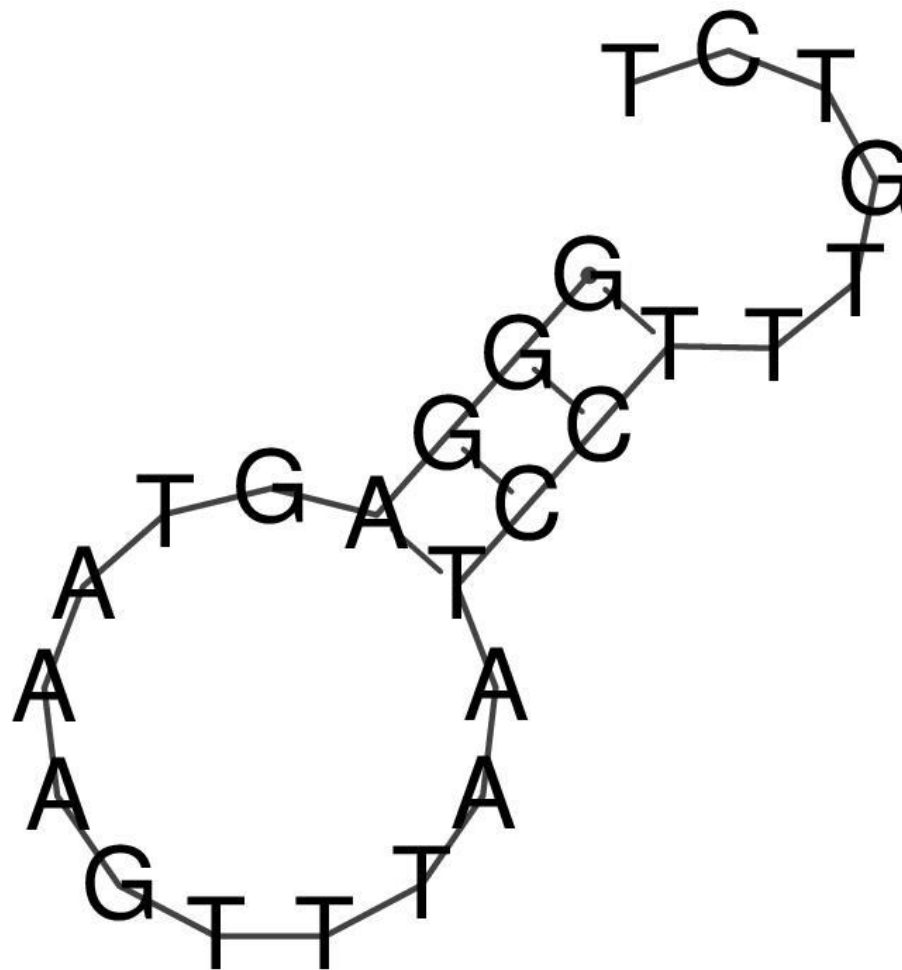
Вторична

Прогнозирование вторичных структур, образующихся из транскрипта, включая проектирование малых интерферирующих РНК и оптимизацию. Графическое представление прогнозируемых вторичных структур и взаимодействий между парами оснований, выявляя потенциально стабильные структуры.

Предиктор вторичной структуры

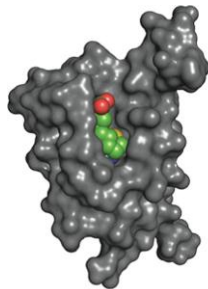
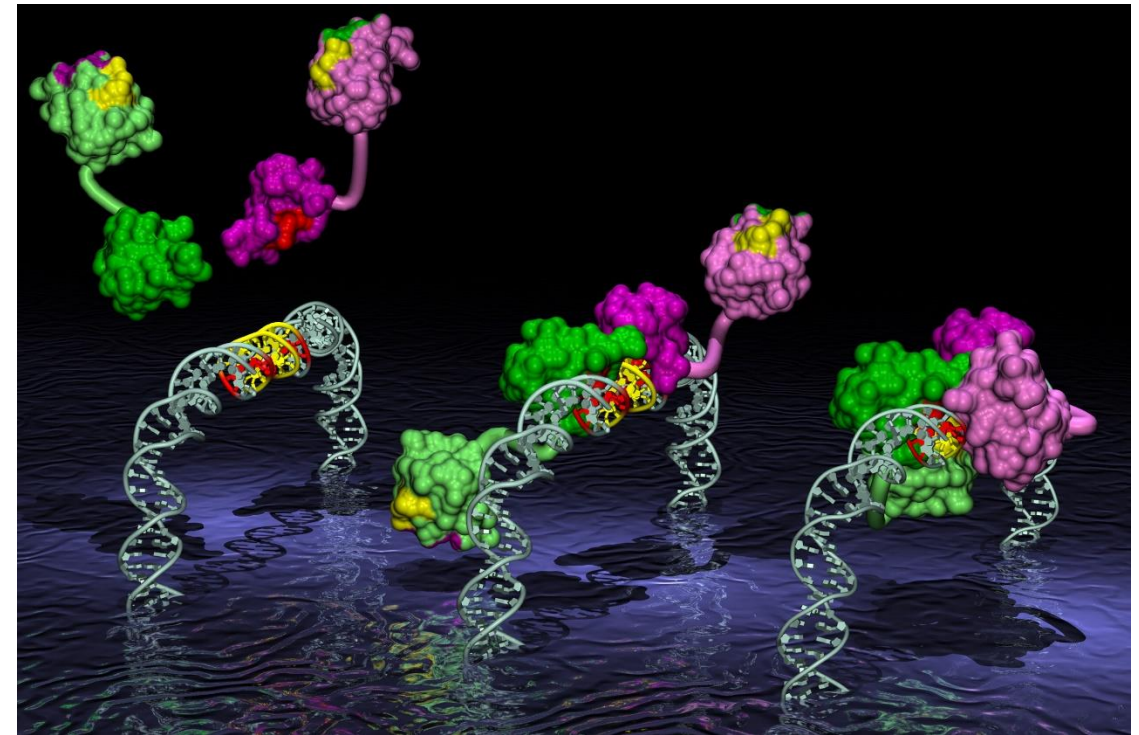
Последовательность (вставьте необработанную последовательность)
Полная длина: 25 Остаток: 1

```
1 GGGAGTAAAG TTTAATCCTT TGTCT
```

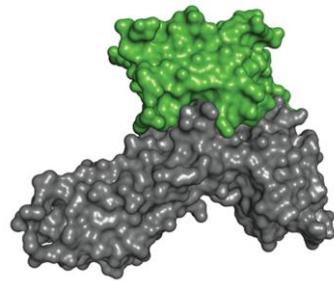
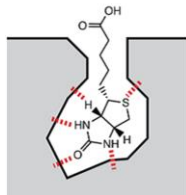


Конформация белков

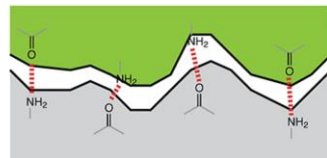
- Последовательная сборка одного стабильного комплекса влечет за собой сборку другого.



Biotin:avidin



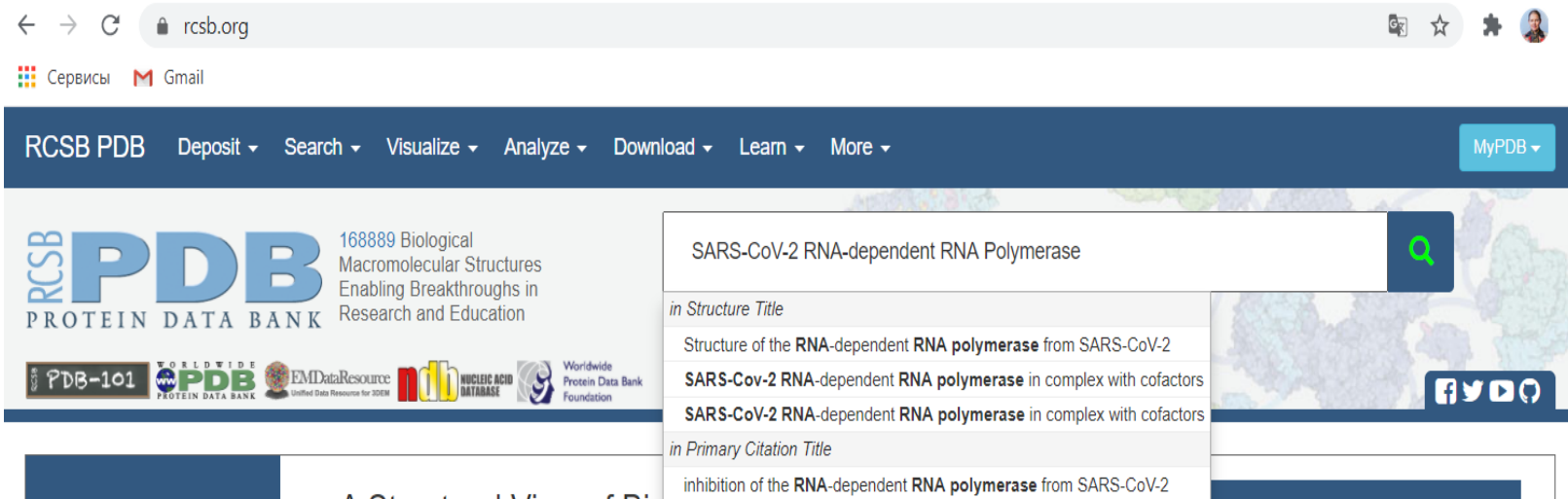
hGH:hGHR



- Взаимодействие молекул осуществляется за счет пространственной состыковки и образования связей

Практикум на компьютерах "Базы данных структуры белков и генов"

1. Зайдите в базу данных белковых структур www.rcsb.org



RCSB PDB Deposit Search Visualize Analyze Download Learn More MyPDB

RCSB PDB PROTEIN DATA BANK 168889 Biological Macromolecular Structures Enabling Breakthroughs in Research and Education

PDB-101 GOLDSTANDARD PDB PROTEIN DATA BANK EMDataResource Unified Data Resource for 2020 NUCLEIC ACID DATABASE Worldwide Protein Data Bank Foundation

SARS-CoV-2 RNA-dependent RNA Polymerase

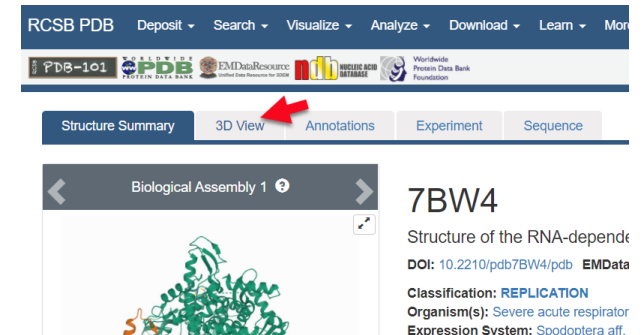
in Structure Title

- Structure of the RNA-dependent RNA polymerase from SARS-CoV-2
- SARS-Cov-2 RNA-dependent RNA polymerase in complex with cofactors
- SARS-CoV-2 RNA-dependent RNA polymerase in complex with cofactors

in Primary Citation Title

- inhibition of the RNA-dependent RNA polymerase from SARS-CoV-2

На главной странице вы можете изучить общее описание данного белка. Для рассмотрения пространственной структуры перейдите на вкладку "3D"



RCSB PDB Deposit Search Visualize Analyze Download Learn More

PDB-101 GOLDSTANDARD PDB PROTEIN DATA BANK EMDataResource Unified Data Resource for 2020 NUCLEIC ACID DATABASE Worldwide Protein Data Bank Foundation

Structure Summary 3D View Annotations Experiment Sequence

Biological Assembly 1

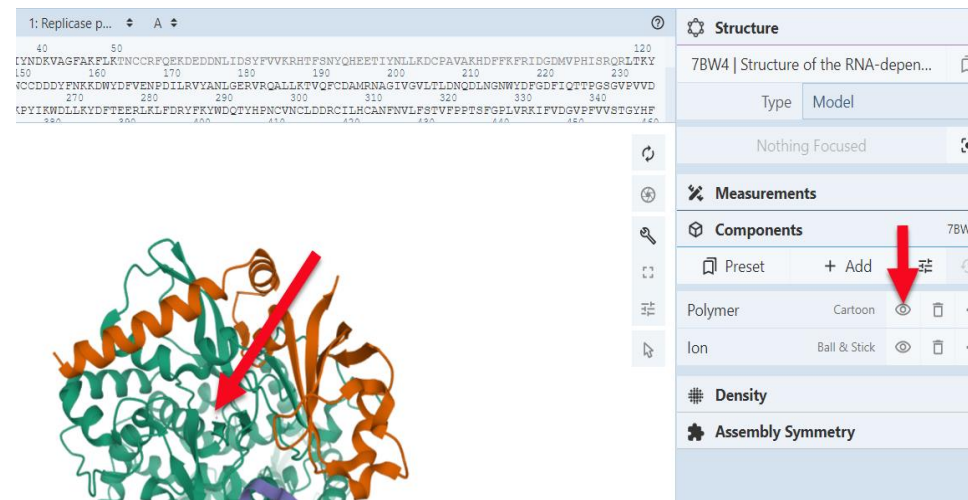
7BW4

Structure of the RNA-depende
DOI: 10.2210/pdb7BW4/pdb EMDData
Classification: REPLICATION
Organism(s): Severe acute respirator
Expression System: Spodoptera aff.



В открывшемся окне вы увидите последовательность аминокислот и пространственную структуру белка. Если навести курсор на аминокислоту, то она подкрасится в структуре и наоборот. Также движением курсора вы можете вращать эту молекулу, чтобы лучше рассмотреть его структуру со всех сторон. Кстати, если белок состоит из нескольких полипептидов, то над строкой АК-последовательности вы можете выбрать активный полипептид (обычно обозначаются буквами A-B-C).

На панели справа вы можете увидеть компоненты отраженные на данной структуре. Нажав, на «глаз», вы отключите показ данного компонента. Так в приведенном белке, если отключить показ самого белка, вы увидите два иона цинка внутри полипептидной структуры (указан красной стрелкой).



All Databases ▾

Search

NCBI Home

Resource List (A-Z)

All Resources

Chemicals & Bioassays

Data & Software

DNA & RNA

Domains & Structures

Welcome to NCBI

The National Center for Biotechnology Information advances science and health by providing access to biomedical and genomic information.

[About the NCBI](#) | [Mission](#) | [Organization](#) | [NCBI News & Blog](#)

Submit

Deposit data or manuscripts

Download

Transfer NCBI data to your

Learn

Find help documents, attend a

Popular Resources

[PubMed](#)

[Bookshelf](#)

[PubMed Central](#)

[BLAST](#)

[Nucleotide](#)

[Genome](#)

Поиск по
нуклеотидным
последовательностям
“Узнай, что это за
бактерия по ДНК”

Задание.

1. Введите в строке браузера адрес <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
2. Выберите “Nucleotide BLAST”
3. Введите в окно «Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s)» последовательность *ГГГАГТAAАГТТААТАЦЦТТТГЦТЦ*.
4. Нажмите кнопку BLAST внизу страницы.
5. По результатам сравнения с известными геномами определите, представитель какого вида бактерий содержат такую последовательность в своём геноме.

Descriptions	Graphic Summary	Alignments	Taxonomy
Sequences producing significant alignments			
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected GenB			
Description	Scientific Name		
<input checked="" type="checkbox"/> Escherichia fergusonii strain NBRC 102419 16S ribosomal RNA, partial sequence	Escherichia fergusonii		
<input checked="" type="checkbox"/> Escherichia coli strain NBRC 102203 16S ribosomal RNA, partial sequence	Escherichia coli		
<input checked="" type="checkbox"/> Escherichia fergusonii ATCC 35469 16S ribosomal RNA, complete sequence	Escherichia fergusonii ATCC 35469		
<input checked="" type="checkbox"/> Shigella boydii strain P288 16S ribosomal RNA, partial sequence	Shigella boydii		
<input checked="" type="checkbox"/> Escherichia albertii strain Albert 19982 16S ribosomal RNA, partial sequence	Escherichia albertii		

Использование информационных технологий в практических работах позволяет

Развитие навыков работы с реальными научными данными.

Улучшение визуального понимания биологических процессов.

Возможность проведения экспериментов без риска и необходимости дорогостоящего оборудования.

Доступ к актуальной информации и современным методам исследования.