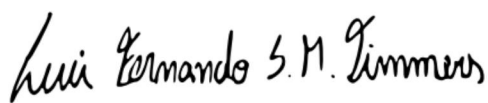


Certificamos que

Lucas Santos Chitolina

Participou do curso ***Dinâmica Molecular***, ministrado por Dr. Luis Fernando Timmers durante a 3ª Edição da "Escola Gaúcha de Bioinformática - EGB 2019" realizada em Porto Alegre - Rio Grande do Sul - Brasil, de 22 a 26 de julho de 2019, com carga horária de 15 horas/aula.



Dr. Luis Fernando Timmers  
Ministrante



Prof. Dr. Márcio Dorn  
Organização

AGRADECIMENTO E APOIO



REALIZAÇÃO



LOCAL

Centro de Eventos  
Instituto de Informática da UFRGS  
Avenida Bento Gonçalves 9500  
Porto Alegre - RS

INFORMAÇÕES

egb@inf.ufrgs.br  
www.ufrgs.br/egb  
facebook.com/egb2019

## I - CARACTERIZAÇÃO

Título: Dinâmica Molecular

Professor: Dr. Luis Fernando Timmers

Súmula: Conceitos gerais sobre dinâmica molecular clássica. Montagem e simulação de sistemas proteicos. Importância da flexibilidade proteica em processos biológicos. Métodos de análises de proteínas por meio de dinâmica molecular clássica.

## II - OBJETIVOS

O curso tem como objetivo apresentar aos estudantes área de biofísica molecular computacional, por meio da dinâmica molecular clássica. Serão abordados temas como flexibilidade proteica, interação proteína-proteína, proteína-ligante, os quais normalmente estão envolvidos em processos biológicos. Desta forma, espera-se que ao concluir o mini-curso o estudante seja capaz de compreender a importância da técnica de dinâmica molecular clássica para uma melhor compreensão dos processos biológicos.

## III - CONTEÚDO

Parte teórica: conceitos gerais sobre biologia estrutural, aminoácidos, níveis organizacionais de proteínas, flexibilidade proteica e interação proteína-ligante. Conceitos gerais sobre dinâmica molecular clássica, preparação de sistemas biológicos para simulações, métodos simples de análises. Parte prática: Montagem de sistemas de biológicos para simulação, simulação dos sistemas biológicos, análises básicas por meio do pacote de programas GROMACS.

## IV - METODOLOGIA

Aulas expositivas com uso de projeções digitais intercalada com partes práticas, além de discussão de textos pré-selecionados.

## V - REFERÊNCIAS

Verli, H (org.), Bioinformática: da Biologia Molecular à Flexibilidade Molecular. E- book, 2014 (disponível em <http://www.ufrgs.br/bioinfo/ebook>)

Rapaport, D. (2004). Frontmatter. In The Art of Molecular Dynamics Simulation (pp. I-IV). Cambridge: Cambridge University Press.

Field, M. (2007). Frontmatter. In A Practical Introduction to the Simulation of Molecular Systems (pp. I-IV). Cambridge: Cambridge University Press.

Schlick, T. (2002). Molecular Modeling and Simulation. Springer. ISBN 0-387-95404-X. McCammon, S. C. Harvey (1987) Dynamics of Proteins and Nucleic Acids. Cambridge University Press. ISBN 0521307503

## AGRADECIMENTO E APOIO



### REALIZAÇÃO



### LOCAL

Centro de Eventos  
Instituto de Informática da UFRGS  
Avenida Bento Gonçalves 9500  
Porto Alegre - RS

### INFORMAÇÕES

[egb@inf.ufrgs.br](mailto:egb@inf.ufrgs.br)  
[www.ufrgs.br/egb](http://www.ufrgs.br/egb)  
[facebook.com/egb2019](https://facebook.com/egb2019)