



信息科学与工程學院
College of Information Science and Engineering



华侨大学系统科学研究所
Institute of Systems Science, Huaqiao University

学术报告

蛋白质复杂性简化：序列简化表征

王炜 教授

南京大学物理学院
固体微结构物理国家重点实验室

报告摘要：

蛋白质分子是生物体组织和生命活动的基础，其生物功能结构由氨基酸序列编码。怎样的编码规则，一直是人们面临的难题，有时被称为第二遗传密码。20种氨基酸的排列表现出系统的序列复杂性，如果对相似的氨基酸进行合并分类，则系统的复杂性大大降低，从而可能读出序列的一些编码规则。本报告从物理学视角研究蛋白质分子序列复杂性及其简化表征，探讨蛋白质分子体系的生物信息和功能特性。



个人简介：

南京大学物理学院教授（1992年），博士生导师（1995年），长江计划特聘教授（1999年度，理论物理）。1996年度获国家杰出青年基金，1997年获香港求是基金会-杰出青年研究奖(物理学)，科技部973项目“非线性科学及其重要应用”首席科学家（2007-2011），科技部973项目“与激光聚变、自然灾害和深空探测等相关的非线性动力学斑图和轨道稳定性研究”首席科学家（2013-2017）。现任《Proteins》，《Chinese Physics Letters》等杂志编委。

科研工作主要涉及凝聚态物理与生物交叉学科的研究：蛋白质折叠、聚集动力学以及复杂相互作用下生物分子组装微结构特性；生物网络系统信息过程的物理机制和动力学特性。在Nature子刊、PNAS、PRL和JACS等期刊上发表学术论文200多篇。

时间：2019年12月5日（周四），下午3:00-4:00

地点：机电信息实验大楼B521会议室