

Новый метод позволяет учитывать все факторы, влияющие на этот процесс, что открывает путь к созданию более эффективных лекарств против ковида и других заболеваний.

В пресс-службе отметили, что разработанный алгоритм превзошел все существующие аналоги в мире по точности прогноза. По мнению авторов разработки, алгоритм можно использовать для оценки связывания белков в малоизученных комплексах.

По словам аспиранта Московского государственного университета имени М. В. Ломоносова Елизаветы Богдановой, новый метод поможет ускорить разработку лекарств.

Новый метод может стать важным инструментом в борьбе с COVID-19 и другими вирусными заболеваниями.