

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2015

➤ **Module 19 :** Analyse *in silico* de structures 3D de protéines. Modélisation par homologie de protéines homologues, arrimage de ligands et mutations d'acides aminés.

Public concerné

Personnel scientifique et technique

Pré requis

Aucun

Modalités pédagogiques

Théorie : 20%

Pratique : 80%

10 stagiaires par session

Chaque stagiaire disposera d'un poste informatique dédié.

Dates & horaires

Mardi 9 juin 2015 9H30 - 17H00

Durée

1 jour

Intervenant

Gwenaelle André-Leroux/Véronique Martin

Tarif

175 euros HT

Modalités de paiement

Bon de commande (+TVA 20 % pour non INRA, sans TVA pour INRA).

Conditions d'annulation

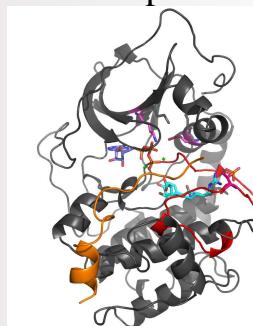
En l'absence d'annulation par mail avant le **26 mai 2015**, le paiement sera dû.

Objectifs

Connaître les bases de la modélisation moléculaire : homology modeling, mécanique et dynamique moléculaires, arrimage (docking) de ligands, mutations *in silico*. Applications à la modélisation de protéines d'intérêts.

Programme

- **Visualiser** : Connaître les bases de la visualisation des protéines en 3D avec pymol, coot etc ...
- **Comprendre** : Analyse des structures 3D de protéines (RX ou RMN). Recherche d'homologues avec HHpred, I-Tasser, *etc...* Modélisation par homologie avec Modeller, Phyre2. Principes et applications.
- **Prédire** : Docking de ligands. Prédiction des mutations *in silico*. Principes et applications.



L'accent sera mis sur les points forts et les limites des différents outils et la pratique avec de nombreux "hand-on tutorials".

Contacts & Informations

veronique.martin@jouy.inra.fr

Tél : 013465 2974

sophie.schbath@jouy.inra.fr

Tél : 013465 2890

Demande d'inscriptions en ligne

<http://migale.jouy.inra.fr/?q=formations>