

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2018

Module 19 : Modélisation *in silico* de structures 3D de protéines. Prédition de fixation de ligands et analyse. Prédition de mutations.

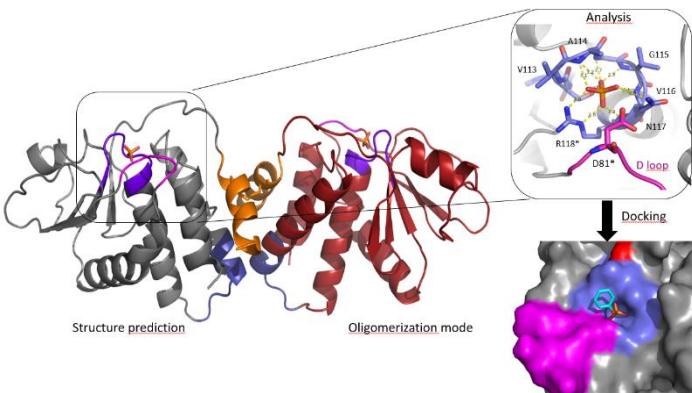
Objectifs pédagogiques

- Connaître les bases et les outils bio-informatiques de la modélisation moléculaire : modélisation par homologie, arrimage (docking) de ligands, mutations *in silico*.
- S'approprier ces outils avec une demi-journée dédiée à la modélisation de vos systèmes d'études : protéines, interactions protéines/ADN etc.

Programme

- **Visualiser** : Connaître les bases de la visualisation des protéines en 3D avec PyMOL.
- **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 avec Autodock. Prédition 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"*
- ✓ *Plus une session dédiée : «bring your own protein».*



Dates & Horaires	Durée	Intervenant	Tarifs
26 et 27 mars 2018 9H30 ~ 17h30	2 jours	Gwenaelle André-Leroux Véronique Martin	225 euros HT (<i>INRA</i>) 250 euros HT (<i>hors INRA</i>)

Modalités pédagogiques

Théorie : 20% - Pratique : 80% - 10 stagiaires par session - Chaque stagiaire disposera d'un poste informatique dédié avec les logiciels installés.

Modalités de paiement

Uniquement par bon de commande

Conditions d'annulation

En l'absence d'annulation par mail avant le
12 mars 2018, le paiement sera dû.

Contacts

veronique.martin@inra.fr Tél. : 01 34 65 29 74
formation.migale@inra.fr
<http://migale.jouy.inra.fr/?q=fr/formations>