

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2019

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

Objectifs pédagogiques

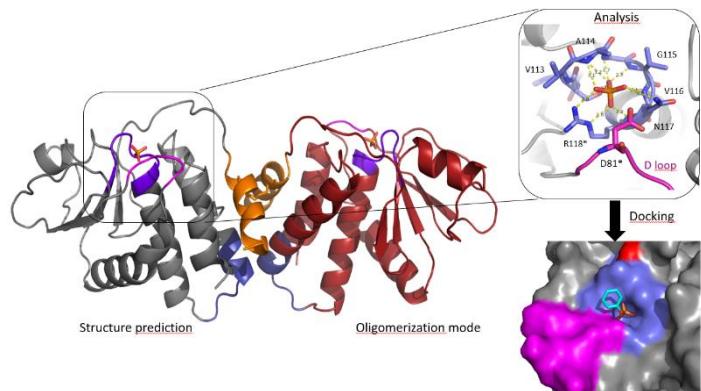
- Connaître les bases et les outils bio-informatiques de la modélisation moléculaire : modélisation par homologie, arrimage (docking) de ligands, mutations *in silico*.
- S'approprier ces outils avec une demi-journée dédiée à la modélisation de vos systèmes d'études : protéines, interactions protéines/ADN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

- ✓ *Points forts et limites des différents outils*
- ✓ *"hand-on tutorials"*

- ✓ *Plus une session dédiée : «bring your own protein»*



Dates & Horaires	Durée	Intervenant	Tarifs
8 et 9 octobre 2019 9H30 ~ 17h30	2 jours	Gwenaelle André-Leroux Véronique Martin	225 euros HT (INRA) 250 euros HT (Acадémique non INRA) 500 euros HT (Non académique)

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 **24 septembre 2019**, 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>