

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2016

Module 19 : Analyse *in silico* de structures 3D de protéines. Modélisation par homologie de protéines homologues, sauvage et mutantes, arrimage de ligands.

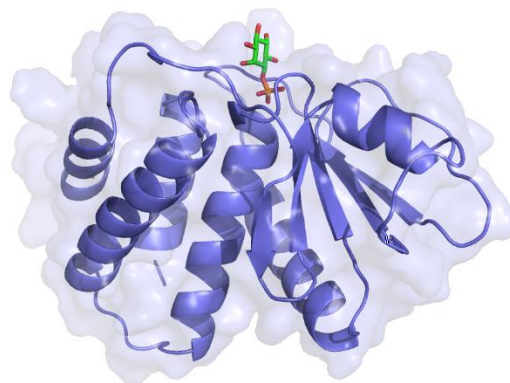
Objectifs

Connaître les bases de la modélisation moléculaire : modélisation par homologie, arrimage (docking) de ligands, mutations *in silico*. Applications à la modélisation de vos 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"*
- ✓ *Plus une session dédiée : «bring your own protein».*



Dates & Horaires

15 et 16 juin 2016
9H30 ~ 17h30

Durée

2 jours

Intervenant

Gwenaëlle André-Leroux
Véronique Martin

Tarifs

225 euros HT (*INRA*)
300 euros TTC (*hors INRA*)

Modalités pédagogiques

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

Modalités de paiement

Uniquement par bon de commande

Conditions d'annulation

En l'absence d'annulation par mail avant le **1^{er} juin 2016**, le paiement sera dû.

Contacts

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