

# Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2017

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

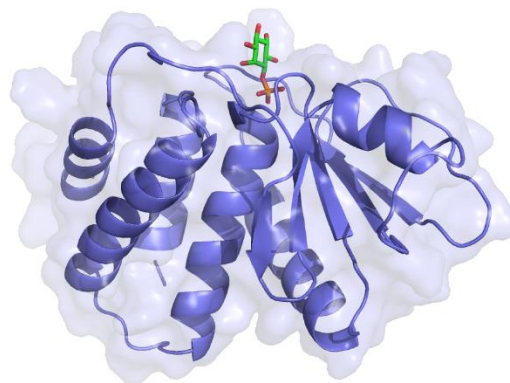
### Objectifs

Connaître les bases de la modélisation moléculaire : modélisation par homologie, arrimage (docking) de ligands, mutations *in silico*. Une demi-journée dédiée à la modélisation de vos protéines d'intérêts.

### 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. 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

23 et 24 mars 2017  
9H30 ~ 17h30

### Durée

2 jours

### Intervenant

Gwenaëlle André-Leroux  
Véronique Martin

### Tarifs

225 euros HT (*INRA*)  
250 euros HT (*hors INRA*)

### 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 **9 mars 2017**, le paiement sera dû.

### Contacts

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