

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2022

Théorie 20 % - Pratique 80 % - 10 stagiaires par session – 1 poste par stagiaire

Module 19 Modélisation *in silico* de structures 3D de protéines. Prédiction de mutations. Arrimage de ligands. (4 et 5 avril 2022)

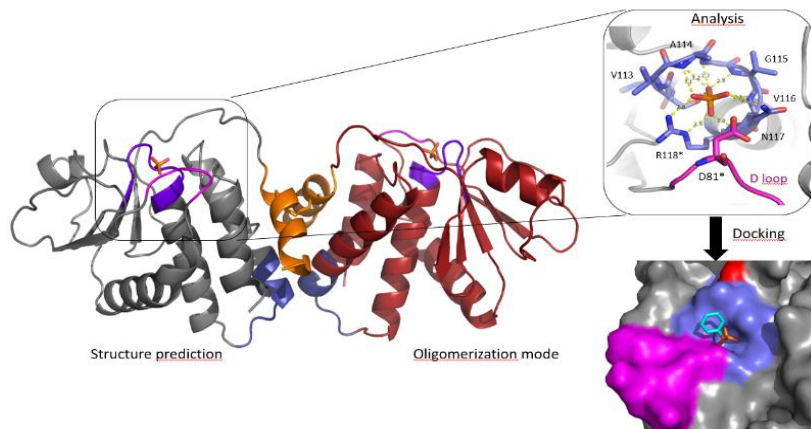
Objectifs pédagogiques

- A l'issue de la formation, les apprenants connaîtront les principales fonctionnalités du logiciel PyMOL. Ils seront capables de visualiser leur système biologique d'intérêt et d'effectuer les commandes basiques d'identification de poches catalytiques, de profilage de surface électrostatique, ou encore de mutations d'acides aminés.
- Aussi, ils connaîtront les bases et les outils de bioinformatique structurale et seront autonomes pour obtenir un modèle 3D d'homologue structural, d'effectuer des mutations *in silico* ou encore d'arrimer des ligands par des techniques de docking.
- S'appropriier ces outils avec une demi-journée dédiée à la modélisation de leurs systèmes d'études : protéines, interactions protéines/ADN etc.

Programme

- Visualiser :** - Maîtriser les bases de la visualisation des protéines en 3D avec PyMOL
- Comprendre :** - Analyser des structures 3D de protéines (RX ou RMN).
- Identifier des homologues avec HHpred.
- Modéliser sa protéine d'intérêt avec Modeller ou Alphafold
- Prédire :** - Savoir calculer des meilleures poses de ligands avec Autodock4.
- Prédire et modéliser les mutations *in silico*.

- ✓ Points forts et limites des différents outils
- ✓ "hand- on tutorials"
- ✓ Plus une session dédiée : «bring your own protein»



Dates & Horaires	Durée	Intervenants	Tarifs (Hors Taxe)
4 et 5 avril 2022 9H00 ~ 17H30	2 jours	Gwenaëlle André Sylvain Marthey	300 euros (INRAE) 340 euros (Académique) 1100 euros (Non académique)
Modalités de paiement	Conditions d'annulation	Contacts	
Uniquement par bon de commande	En l'absence d'annulation par mail avant le 21 mars 2022 , le paiement sera dû	veronique.martin@inrae.fr 01 34 65 29 74 formation.migale@inrae.fr	