

# BIOINFORMATIQUE STRUCTURALE 2 : MODÈLES 3D À BAS TAUX D'IDENTITÉ

**du 28 au 31 mai 2018**

4 jours / 30 heures

**2050 €** (TVA 0% incluse)

## ENCADREMENT

Pr Catherine ETCHEBEST

Dr Jean-Christophe GELLY

## DOCUMENTS

PDF sur clé USB des illustrations de cours

## ÉVALUATION

Attestation de formation délivrée par l'Université

## INFORMATION et INSCRIPTION

01 57 27 82 34 – fcsdv@univ-paris-diderot.fr

### ► PUBLIC

Techniciens, ingénieurs et chercheurs des entreprises et des collectivités dans le domaine des sciences du vivant.

**Pré-requis :** connaissance de base en comparaison de séquences et structures 3D des protéines. La connaissance de l'environnement Unix/Linux est recommandée.

### ► COMPETENCES VISEES

De nombreuses séquences s'avèrent extrêmement délicates à prédire d'un point de vue structural en raison de l'absence d'homologues structuraux détectables. La compétence visée sera d'être capable de construire un modèle structural pertinent d'une protéine dans un tel cas. Il s'agira donc d'appréhender les concepts des méthodes de modélisation à bas taux d'identité et de maîtriser les outils utilisables sur le WEB ou localement.

Outre les connaissances théoriques, l'accent sera mis sur des cas pratiques de difficultés croissantes.

Seront ainsi abordées les approches de reconnaissance de repliement et de prédiction de novo. Un point crucial résidera dans l'évaluation des modèles et en particulier via l'utilisation des descripteurs caractéristiques des structures protéiques.

### ► LIEU

UFR Sciences du Vivant, bâtiment Lamarck B, 35 rue Hélène Brion, Paris 13<sup>e</sup>

## PARTIE THÉORIQUE (6H)

- Recherche d'homologues à bas taux d'identité :  
notion de profils, similitude locale. Méthodes de reconnaissance de repliement
- Notions de prédiction *de novo* : structure 3D et combinaison de fragments. Limites et possibilités
- Evaluation des modèles : descripteurs et méthodologie

## PARTIE PRATIQUE (24H)

- Construction de différents modèles structuraux. Utilisation de différents meta-serveurs. Intégration de données biologiques.
- Evaluation et Analyse critique des résultats