

BIOINFORMATIQUE STRUCTURALE 3 : PRÉDICTION DE COMPLEXES PAR DOCKING

du 04 au 07 juin 2018

4 jours / 30 heures

2050 € (TVA 0% incluse)

ENCADREMENT

Dr Jean-Christophe GELLY
Pr Catherine ETCHEBEST

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 – fcsdvi@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 structures 3D des protéines. La connaissance de l'environnement Unix/Linux est recommandée.

► COMPETENCES VISEES

Etre à l'aise dans la construction de modèles structuraux de complexes connaissant celle des partenaires, à l'aide d'outils bioinformatiques.

Une fonction biologique donnée est assurée dans de nombreux cas par la formation de complexes protéiques. La détermination de la structure 3D de tels complexes est particulièrement délicate d'un point de vue expérimental. La prédiction d'assemblages s'avère donc utile pour comprendre les mécanismes fonctionnels.

Les notions de description de surface moléculaire, d'arrimage moléculaire (« docking ») et d'évaluation quantitative des complexes formés (« scoring ») seront introduites.

Différents systèmes représentatifs de problèmes biologiques importants seront abordés sous forme d'exemples pratiques. Ils mettront en avant les difficultés techniques dans de telles recherches.

L'utilisation des données (biologiques, biophysiques, biochimiques) et leur traduction sous forme de contraintes ou de filtres constituera un point significatif de la formation.

► LIEU

UFR Sciences du Vivant, bâtiment Lamarck B, 35 rue Hélène Brion, Paris 13^e

PARTIE THÉORIQUE (6H)

- Représentation et exploration de la surface moléculaire
- Outils d'arrimage moléculaires (Docking) et fonction de scores
- Contraintes et filtres des solutions sur la base de données expérimentales

PARTIE PRATIQUE (24H)

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