

Bioinformatique structurale

 ECTS
6 crédits

 Volume horaire
40h

 Période de
l'année
Semestre 3

Présentation

DESCRIPTION

De nombreux aspects de la structure, la dynamique, la fonction, et l'ingénierie des biomolécules (protéines mais aussi ARN et ADN) seront abordés.

Les bases de leur stabilité seront rappelées; les principales propriétés du solvant ; les effets qui gouvernent le repliement et la reconnaissance moléculaire.

Des outils de base de modélisation seront abordés: alignement de séquences, modélisation par homologie, dynamique moléculaire, docking.

Chaque étudiant réalisera à l'issue du cours un projet qui visera par exemple à simuler le repliement d'une protéine ou à prévoir les conséquences fonctionnelles de la modification d'une protéine.

Cette UE permet aux étudiants d'utiliser des modèles et programmes largement utilisés en biologie structurale, mais aussi de réfléchir en profondeur aux principes qui gouvernent la reconnaissance moléculaire et le repliement des protéines.

Organisation générale et modalités pédagogiques

Outre les bases théoriques (cours + TD), on manipulera ces outils à travers des mini-projets ou TPs, dans un environnement Linux. Les logiciels utilisés ont un intérêt très général en biologie structurale; certains ont été co-développées par les enseignants.

PRÉ-REQUIS OBLIGATOIRES

L'unité d'enseignement suppose que les étudiants aient les bases de biochimie structurale mais ne nécessite pas de connaissances préalables spécifiques en informatique ou programmation

INFORMATIONS COMPLÉMENTAIRES

Lieu d'enseignement : Ecole Polytechnique - Palaiseau

Pour en savoir plus, rendez-vous sur > u-paris.fr/choisir-sa-formation