

Unité d'Enseignement S2-4e

Bioinformatique: analyse de séquences et modélisation moléculaire

Responsable: Thierry Moreau

Cours: 25h - Travaux dirigés : 10h - Travaux pratiques : 15h

Objectif pédagogique:

acquérir les techniques bioinformatiques spécifiques au domaine de l'analyse des séquences d'une part et aux méthodes de prédiction de la structure 3D des protéines d'autre part.

Cours

Méthodes d'analyse des séquences

Banques de données biologiques

Techniques de comparaison de séquences

Recherche de similarité (Blast et Fasta)

Alignements simples et alignements multiples

Techniques de profils physico-chimiques

Prédiction de gènes protéiques dans une séquence génomique

Prédiction de gènes non protéiques et de régions régulatrices

```
..60..70..80..90  
NVRAVRVVLCGAHNLSRREPTRVFAVORIFEN...GYDPV  
RELTFRVVGEHNLNQNDGTEQYVGVKVVHPYWNTDD
```

```
..110..120..130..140  
LNGSATINANVOVAQLPAQCRRLCNGVOCLAMGWGLLGRN  
LAQSVTLNSYVOLGVLPRACTILANNSPCYITGWGLTRTN
```

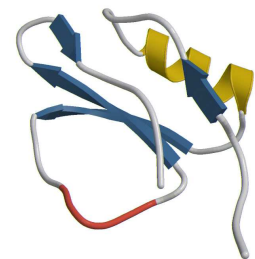
Méthodes de prédiction de la structure 3D et modélisation moléculaire

Modélisation par homologie

Méthodes de reconnaissance de repliement

Minimisation d'énergie et dynamique moléculaire

Critères d'évaluation de la validité des modèles



TD: Exercices d'applications

Analyse de problématiques biologiques à travers des exemples issus de la littérature

TP: 3 séances de 5h

1- Analyse de séquences biologiques via des serveurs Web

2- Initiation aux techniques de modélisation moléculaire

3- Recherche de gènes codants