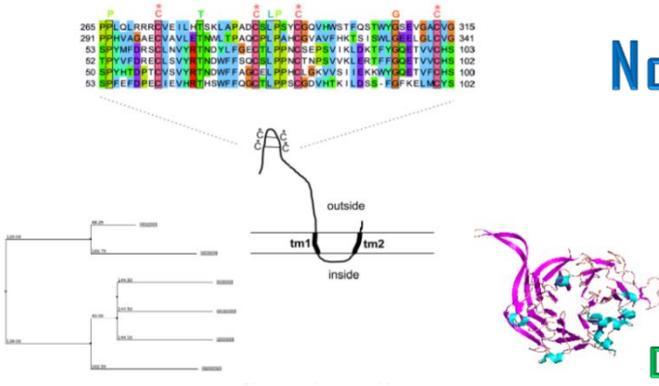


# Nouvelles techniques d'analyses de séquences des protéines pour développer vos projets

Du 24 au 28 juin 2019 - Marseille



## Public

Chercheurs et ingénieurs

**Prérequis** : maîtriser la bureautique, familiarité avec le code génétique et la biochimie des protéines, familiarité avec l'anglais scientifique écrit, besoin avéré (**venir avec une protéine à analyser**). Aucune connaissance de programmation n'est requise. Le stage est sur logiciels gratuits avec interfaces conviviales.

## Objectif

Apprendre à extraire de la séquence d'une protéine toutes les informations possibles (organisation en domaines, motifs structuraux et fonctionnels, homologues, résidus importants, information évolutive, structure 3D ...) à l'aide de techniques autres que Blast ou ClustalW : plus récentes, plus puissantes et simples d'utilisation.

## Programme

Les stagiaires apprennent à analyser des séquences protéiques sur des cas concrets représentatifs.

Un soin particulier est apporté à expliquer les principes et les limites de telles analyses.

**Jour 1 : Analyse de séquences individuelles**

**Jour 4 : Relations structure-séquence-fonction**

**Jour 2 : Recherche d'homologues**

**Jour 5 : Mise en pratique sur les protéines des stagiaires**

**Jour 3 : Analyse d'alignements multiples de séquences**

## Pédagogie

2/3 pratique, 1/3 théorie. Une journée est consacrée à l'analyse des protéines des stagiaires.

Les jours 4 et 5 : le groupe est scindé en 2, avec 2 formateurs.

## Intervenants

David Karlin, PhD, CAPE/Cosens, Marseille

**Lieu** : Délégation régionale Inserm

François Ferron, Chercheur CNRS - AFMB - Marseille

**Nombre de participants** : 8 personnes

**Contact** : Hélène Pastor, Chargée de formation et du développement des ressources humaines  
[demat-form.dr-marseille@inserm.fr](mailto:demat-form.dr-marseille@inserm.fr)

## Inscription

Personnels Inserm ou non CNRS travaillant dans une structure mixte Inserm : [www.sirene.inserm.fr](http://www.sirene.inserm.fr)

Rattachée à la région : Paca / domaine : TS1 / BM

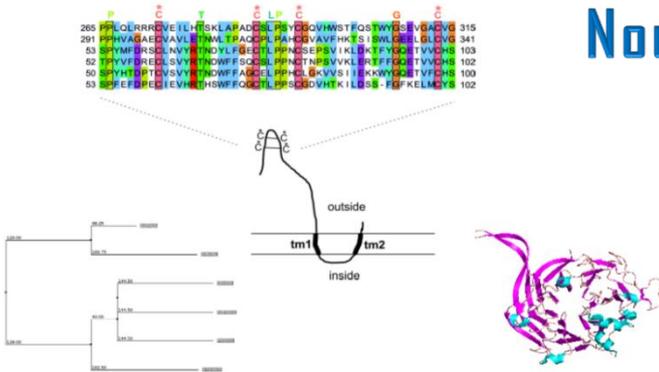
Personnels CNRS : formulaire d'inscription CNRS à transmettre à : [demat-form.dr-marseille@inserm.fr](mailto:demat-form.dr-marseille@inserm.fr)  
en mettant en copie : [formation@dr12.cnrs.fr](mailto:formation@dr12.cnrs.fr)

Autres personnels : formulaire papier à [demat-form.dr-marseille@inserm.fr](mailto:demat-form.dr-marseille@inserm.fr)

**Date limite d'inscription reportée au 5 avril 2019**



# Nouvelles techniques d'analyses de séquences des protéines pour développer vos projets



## PROGRAMME

### Jour 1 : Analyse de séquences individuelles

Caractéristiques physico-chimiques, fonctionnelles, et évolutives d'une protéine. Méthodologie en bioinformatique. Nécessité d'un aller-retour constant entre prédictions et expérimentation. Principes de navigation sans effort. Outils d'analyse d'une séquence individuelle (détection de segments transmembranaires, d'hélices amphipathiques, de coiled-coils, de régions désordonnées, de modifications post-traductionnelles, de repeats... )

### Jour 2 : Recherche d'homologues

Concept d'homologie, sa détection, et ses applications : définition de domaines, prédiction de repliement 3D, identification de résidus clés, aide à la mutagenèse. Utilisation de la suite bioinformatique « Bioinformatics toolkit » (Csi-blast, HHblits, HHpred) et des bases de données PFAM et PDB75. Détection de domaines fonctionnels et structuraux. Détection d'homologues distants. Erreurs à éviter.

### Jour 3 : Analyse d'alignements multiples de séquences

Alignements de séquence : génération et visualisation sous Jalview. Analyse d'alignements, détection de metal-binding motifs, de linkers ou loops. Détection de motifs de liaison dans des régions désordonnées. Analyses évolutives et phylogénétiques, et applications. Réitération et affinement des informations obtenues les jours 1 et 2. Erreurs à éviter.

### Jour 4 : Relations structure-séquence-fonction

Utilisation de la structure pour guider les expériences en combinaison avec les analyses de séquences. Visualisation et manipulation de structures avec Jalview (Jmol), recherche de motifs fonctionnels. Comment utiliser Pymol/Chimera pour rechercher des motifs potentiels à partir de la structure. Cartographier la conservation de séquence sur la structure avec ConSurf. Utilisation de la méthode d'enfilage (threading) pour identifier des homologues distants. Introduction à la modélisation en utilisant le serveur swiss-model.

### Jour 5 : Mise en pratique sur les protéines des stagiaires

Etudes de cas sur les protéines des stagiaires. Génération de figures d'alignements pour articles et d'alignements dérivées de l'analyse structurale (Jalview, ENDscript). Récapitulatif et conclusion générale.

