

**Résolution de structure de protéines et assemblages** (6 crédits) (Ex-RMN et cristallographie biologique) [Garron M-L., Guerlesquin F.]

**Code:** SBBCU11L

**Objectif(s):** Permettre au biologiste d'exploiter les informations structurales pour la compréhension de la fonction des macromolécules au niveau atomique.

**Volume horaire:** 32h de CM - 16h de TD - 8h de TP

**Description**

**RMN:** des outils méthodologiques sont proposés aux étudiants pour permettre l'attribution des spectres RMN homo- et hétéro-nucléaire et d'effectuer le calcul de structure des protéines. Deux thèmes sont abordés: l'étude des interactions protéine-protéine et le drug design. Trois TP permettront de découvrir le spectromètre RMN, les outils informatiques pour traiter les spectres et faire le calcul de structure.

**Cristallographie des macromolécules:** Le but sera de comprendre comment passer d'un gène d'intérêt à une structure atomique par cristallographie. L'ensemble des étapes biochimiques et biophysiques seront abordées afin de permettre à l'étudiant d'avoir une vision globale de la cristallographie. Plusieurs séances de TP permettront la mise en pratique du cours, comme la diffraction, la collection des données ou la résolution de la structure.

**Prérequis**

Une connaissance approfondie en biochimie structurale est nécessaire ainsi qu'une connaissance de base de ces techniques est préférable mais pas nécessaire pour suivre ces cours.