

Chimie

RMN et cristallographie

IDENTIFICATION

CODE : BS-4-S2-EC-
BMRMNCR
ECTS : 2.0

HORAIRES

Cours : 16.0 h
TD : 0.0 h
TP : 8.0 h
Projet : 0.0 h
Face à face
pédagogique : 24.0 h
Travail personnel : 26.0 h
Total : 50.0 h

ÉVALUATION

1 x 2h et compte rendu de TD

SUPPORTS PÉDAGOGIQUES

LANGUE D'ENSEIGNEMENT

Français

CONTACT

M. DA SILVA Pedro
pedro.da-silva@insa-lyon.fr
M. GOUET Patrice
@

OBJECTIFS RECHERCHÉS PAR CET ENSEIGNEMENT

COMPETENCES :

Cet EC contribue aux compétences ci-dessous [niveau] avec les capacités associées :

- A2. Exploiter un modèle d'un système réel ou virtuel [niveau 2]
- A3. Mettre en œuvre une démarche expérimentale [niveau 2]
- A5. Traiter des données [niveau 2]
- C1. Appliquer une démarche scientifique pour traduire et résoudre une problématique biologique [niveau 2]
- C5. Quantifier et caractériser structurellement des biomolécules [niveau M]
- C10. Apprécier les limites de validité d'un modèle [niveau 2]
- C11. Modéliser et interpréter des données biologiques pour comprendre les processus sous-jacents [niveau 3]
- C12. Automatiser le traitement et l'extraction de connaissances à partir de données biologiques [niveau 1]
- B2. Travailler, apprendre, évoluer de manière autonome [niveau M]
- B3. Interagir avec les autres, travailler en équipe [niveau M]
- Développement de la cristallographie biologique sur la base de cibles thérapeutiques (protéase VIH)
- Assemblage cristallin, diffraction X, calcul de cartes de densités électroniques et interprétation structure/fonction
- TP de cristallogenèse

Les connaissances associées à cet EC sont :
Biochimie structurale, Biologie Moléculaire

OBJECTIFS :

A l'issue de ce module l'étudiant devra être capable de s'insérer dans un groupe de travail en modélisation moléculaire en tant que bioinformaticien et de discuter avec des spécialistes en cristallographie.

Les objectifs pédagogiques de ce module sont :

- l'apprentissage des méthodes de résolution de structures de macromolécules biologiques par cristallographie aux rayons X,
- l'analyse de structures 3D et les études des relations structure/fonction.

PROGRAMME

- Cristallogenèse,
- symétrie cristallographique,
- théorie de la diffraction aux rayons X,
- transformée de Fourier, calcul des cartes de densité électronique,
- construction de modèles 3D de macromolécules biologiques,
- intérêt biologique de ces structures, étude d'articles.

BIBLIOGRAPHIE

1. Principles of protein X-ray crystallography - Jan Drenth - Springer (2nd edition) - 1999
2. Protein Crystallography - T.L. Blundell et L. Johnson - Academic Press - 1976