

## - Profil de recrutement ASC -

### INTITULE DU SUJET DE THÈSE :

Développement d'une méthode de prédiction *de novo* de la structure 3D des protéines

### OBJECTIFS SCIENTIFIQUES :

A long terme, l'étude de la structure et de la fonction des protéines ainsi que l'analyse de leurs interactions vont prendre une place centrale, aussi bien dans les projets de génomiques que dans d'autres domaines d'application : étude des récepteurs à 7 segments transmembranaires, des maladies à prions, etc. Dès à présent, de nombreux projets de séquençage de micro-organismes d'intérêt agro-alimentaire sont en cours à l'INRA. Il existe aussi un projet d'analyse systématique de transcrits dans différents tissus pour 4 espèces animales. L'analyse fonctionnelle *in silico* joue un rôle central dans l'analyse bio-informatique des données de séquençage. En particulier, l'annotation de ces génomes ou de ces collections d'EST ne peut que bénéficier d'une amélioration de les techniques d'analyse des séquences protéiques *in silico*.

### COMPETENCES RECHERCHEES (type d'école doctorale; discipline de formation initiale) :

Le sujet de thèse est à la frontière de plusieurs disciplines : informatique, biologie, physico-chimie, mathématique. Nous considérons qu'il est impératif que le candidat ait une expérience pratique de la programmation ainsi qu'une connaissance du système d'exploitation Linux (Unix). Ceci étant posé le candidat peut avoir soit une formation de bioinformaticien, biophysicien, physico-chimiste avec un fort intérêt pour les méthodes informatiques et mathématiques de simulation, soit une formation d'informaticien (algorithmique) ou de mathématicien (analyse numérique, statistique) et un intérêt pour les problèmes biologiques, plus particulièrement les propriétés des protéines.

### RESUME DU SUJET DE THÈSE :

L'objet de la thèse est de développer une méthode informatique permettant de prédire la structure 3D des protéines à partir de la seule connaissance de la séquence en acides aminés. Actuellement il existe des techniques permettant d'inférer la structure 3D à partir de la séquence mais elles requièrent l'existence d'une structure 3D similaire dans les base de données. Les méthodes *de novo* visent à s'affranchir de ce problème en générant de nouvelles structures 3D si nécessaire. Ces techniques sont fondées sur l'assemblage de fragments de structures 3D extraits des base de données.

REFERENCES	UNITE D'ACCUEIL 1	UNITE D'ACCUEIL 2
<b>Intitulé :</b>  <b>Directeur :</b> <b>Adresse :</b>	Mathématique, Informatique et Génome  F Rodolphe Centre de Versailles, Route de St Cyr, 78026 Versailles cedex	idem
<b>EQUIPE D'ACCUEIL (objectifs, partenaires, moyens à disposition):</b>	L'unité MIG regroupe des mathématiciens, des informaticiens, des physico-chimistes et des biologistes autour de l'analyse des génomes. Les missions de MIG consistent à i) développer des méthodes et des outils d'analyse <i>in silico</i> des génomes, ii) mettre en place un système d'information pour la génomique, iii) participer à des projets de génomique de l'institut. Elle est composée de 8 chercheurs et ingénieurs, 1 maître de conférence, 2 post-docs, 3 étudiants de thèse.	

### RESPONSABLE A CONTACTER avant tout acte de candidature:

**Nom :** J-F Gibrat ou F Rodolphe

**Téléphone :** 01 30 83 33 64 (JFG) 01 30 83 33 50 (FR)

**Fax :** 01 30 83 33 59

**e-mail :** {gibrat,rodolphe}@versailles.inra.fr

