

## PARTIE I : logiciels de bioinformatiques

Connaissance préalables recommandées : bases de données biologique, alignements.

- Recherche d'amorces : Bioedit, PerlPrimer, NCBI, Draw32...
- Traitement des séquences : Dotlet, EMBOSS, Multalign...
- Visualisation 3D: RasWin-RasMol, Interactome3D, Swiss pdpViewver, Jmol...

## PARTIE II : Méthodes d'analyse physico-chimiques

Connaissance préalables recommandées : structure des macromolécules.

- Spectroscopie de masse.
- Chromatographie.
- Spectroscopie infrarouge
- Spectroscopie Raman.
- Spectrophotométrie ultraviolet.
- Electrophorèse.
- Résonance magnétique nucléaire RMN.
- Dichroïsme circulaire
- Chromatographie en phase liquide à haute performance.
- Cristallographie et diffraction des rayons X.
- La résonance paramagnétique électronique (RPE)
- La mécanique et la modélisation moléculaires.

Ce type d'approche est complémentaire des techniques physiques Ces objectifs sont entre autres :

- la "visualisation" informatique des molécules à partir de données structurales (Cristallographiques, RMN, spectroscopiques, ...)
- l'obtention d'informations sur la dynamique et l'énergie des molécules
- calculer le champ de force pour déterminer les propriétés des molécules
- corrélérer ces propriétés à une structure moléculaire
- valider la structure moléculaire

Différents outils informatiques sont utilisés pour :

- visualiser la structure des molécules en 3 dimensions
- les "manipuler" (rotation, translation, changement de conformation)
- calculer les paramètres géométriques (distance inter atomique, angle, ...).