

Vous devrez rendre une archive avec un rapport sur ce projet au format pdf et des fichiers pdb ou autres que vous trouvez pertinents.

Projet D

Préambule : Ce projet correspond à un projet réel effectué il y a quelques années. Vos connaissances dans d'autres domaines comme la programmation de petits scripts en Python pourront être utiles.

Voici la séquence au format fasta :

```
>seqD
MASGEHSPGSGAARRPLHSAQAVDVASASNFRAFELLHLHLDLRAEFGPPGPGAGSRGLS
GTAVLDLRCLEPEGAELRLDSHPCLEVTAALRRERPGSEEPAPVVSFYTQPFSSHYGQ
ALCVSFPQPCRAAERLQVLLTYRVGEGPGVCWLAPEQTAGKKKPFVYTQQAVALNRAFFP
CFDTPAVKYKYSALIEVPDGFATVMSASTWEKRGPNKFFFQMCQPIPSYLIALAIGDLVS
AEVGPRSRVWAEPCLI DAAKEEYNGVIEEFLATGEKLF GPYVWGRYDLEFMPPSFPFGGM
ENPCLTFVTPCLLAGDRSLADVI IHEISHSWFGNLVTNANWGEFWLNEGFTMYAQRRIST
ILFGAAYTCLEAATGRALLRQHMDITGEENPLNKL RVKIEPGVDPDDTYNETPYEKGFCF
VSYLAHLVGDDQDQFDSFLKAYVHEFKFRSILADDFLD FYLEYFPELKKKRVDIIPGFEEF
RWLNTPGWPPYLPDLSPGD SLMKPAEELAQ LWAAEELDMKAIEAVAISPWKTYQLVYFLD
KILQKSPLPPGNVKKLGD TYPSISNARNAELRLRWGQIVLKN DHQEDFWKVKEFLHNQ GK
QKYTLPLYHAMMGGSEVAQT LAKETFASTASQLHSNVVNYVQQIVAPKGS
```

L'objectif est de réaliser le meilleur modèle par homologie possible de cette protéine, en utilisant l'outil Modeller et de le proposer.

Dans un premier temps, vous présenterez un petit résumé sur ce que l'on dispose comme informations sur cette séquence. [Attention pas prendre alphafold pour PDB mais comparaison après](#)

Pour la modélisation par homologie, le choix des structures templates, l'alignement et la méthodologie seront détaillés.

Une partie validation du modèle ou des modèles sera présentée.

Vous discuterez également de la mise en place d'un protocole d'optimisation de ce modèle.

Votre rapport devra contenir des tableaux et des figures légendées illustrant vos résultats.

[Expliquer aussi les trucs bizarre trouvé](#)