## Ameliorations proposees pour le memoire de stage M1 bioinformatique

#### ### 1. Ameliorations semantiques et redactionnelles

## #### A. Orthographe et grammaire

- Corriger les fautes recurrentes :
  - "Vu globale" -> "Vue globale"
  - "la methode utilise" -> "la methode utilisee"
  - "script" -> harmoniser en français ou adopter un terme unique (ex. "programme")

## #### B. Reformulations et style

- Preferer des tournures academiques :
  - "On retrouve huit candidats" -> "Huit candidats ont ete identifies"
  - "Certain fragment comporte" -> "Certains fragments comportent"

#### #### C. Clarte et fluidite

- Raccourcir les phrases longues et complexes.
- Ajouter un ou deux schemas explicatifs, par exemple pour :
  - Le pipeline complet (analyse PDB -> generation -> docking -> post-traitement)
  - La methode d'assemblage avec linkers

### #### D. Uniformisation

- Harmoniser les temps : present ou passe compose, mais pas les deux.
- Vocabulaire scientifique constant : "interaction", "conformation", "ligand", etc.

## ### 2. Ameliorations techniques du pipeline

#### #### A. Extraction des hotspots

- Integrer des outils plus robustes pour l'identification des residus cles :
  - PISA, HotSpot Wizard, FMO (Fragment Molecular Orbital)
  - Modeles pre-entraines (GNN ou CNN) pour la detection de hotspots

#### #### B. Generation de pseudo-molecules

- Contraindre la geometrie avec minimisation energetique
  - Utilisation de RDKit (UFF, MMFF) + OpenMM
- Controle de la faisabilite chimique (valence, cycles, isomeries)

#### #### C. Docking

- Ajouter une etape de rescoring :
  - MM-GBSA, Prime MM-GBSA
- Tester plusieurs moteurs : Smina, PLANTS, AutoDockFR

#### #### D. Autoencodeur / Generation

- Integrer un agent DQN ou PPO pour guider la generation
- Test de modeles conditionnels : Conditional VAE, Diffusion Models, SyntaLinker
- Ajouter des contraintes de pharmacocinetique (toxicite, solubilite, etc.)

## ### 3. Perspectives pour la generation d'inhibiteurs d'interfaces PPI

#### #### A. Objectifs medium terme

- 1. Hotspot-centric generation:
  - SMILES conditionnes sur la geometrie locale de l'interface
- 2. Multi-objectif:
  - Combiner QED, docking, toxicite, SAS, solubilite, permeabilite, etc.
- 3. Generation 3D directe:
  - a l'aide de DiffDock, EquiBind, GeoDiff
- 4. Nouvelles banques de fragments :
  - ZINC, ChEMBL fragments, DrugBank fragments
  - Ajouter des metadonnees : polarite, rigidite, volume

#### #### B. Apprentissage supervise sur PPI

- Creation de datasets d'entrainement :
  - iPPI-DB, 2P2IDB, TIMBAL (positifs)
  - Ligands inactifs (negatifs)
- Entrainement de modeles discriminants : SVM, GNN, CNN

#### #### C. AlphaFold et ESMFold

- Generer des structures en l'absence de donnees cristallographiques
- Integrer la geometrie prevue dans le pipeline de docking ou de generation

#### ### 4. Propositions supplementaires d'accompagnement

- Aide a la correction directe du PDF (si souhaite)
- Reecriture des sections cles : introduction, abstract, conclusion, perspectives
- Preparation d'un diaporama de soutenance

- Preparation d'un pitch pour publication ou poursuite en M2
- Mise en forme d'un projet GitHub propre avec README, notebooks, figures, etc.