

## Campagne d'emplois Enseignant - Chercheur 2009-2010

<b>UPMC</b>	<b>Implantation de l'emploi demandé :</b>
-------------	---

*Identification de l'emploi*

<b>N° de l'emploi : 0647</b> <b>Nature de l'emploi : MC</b> <b>Section CNU ou discipline 2d degré : 28</b>	<b>Composante : UFR 925</b>
--	-----------------------------

**Profil pour publication dans Galaxie :**

<b>Mécanismes du repliement protéique</b>
---

**Nature du concours (PR ou MCF) (se reporter aux articles 46 et 26 du décret n°84-431 du 6 juin 1984 modifié) : 26.I.1**

**Enseignement**

- *filières de formation concernées*  
Licence de Physique et Master Physique et Applications.
- *objectifs pédagogiques et besoin d'encadrement*  
Enseignement en physique de base. En particulier l'enseignant chercheur s'investira dans les enseignements de physique numérique en licence ou en master de physique.

**Recherche**

- *Profil, équipe ou unité de recherche prévue, ou discipline émergente ou innovation en cohérence avec le volet recherche du contrat quadriennal de l'établissement.*

Le maître de conférences travaillera dans l'équipe Prédiction des Structures Protéiques (PSP) sur l'étude des mécanismes du repliement protéique et la prédiction des propriétés structurales et fonctionnelles des protéines, dans deux directions :

**L'automatisation de l'attribution d'une fonction à un gène « orphelin »**, en s'appuyant sur la prédiction (par simulation de Monte Carlo) des acides aminés dont les caractéristiques physico chimiques sont indispensables au repliement de la protéine (le noyau protéique). On utilisera ces positions, essentiellement hydrophobes, comme ancrage fort dans l'alignement des séquences. Ceci devrait permettre d'améliorer les programmes de criblages de banques de séquences et de mettre en évidence des apparentements ayant subi une forte divergence au cours de l'évolution.

**La prédiction des interactions** entre deux domaines protéiques (la structure quaternaire), en intégrant des informations structurales issues d'une réduction de la zone d'interaction de chaque globule à un fragment stable d'un point de vue conformationnel. L'analyse de l'orientation relative de ces fragments (déterminés par méthode de Voronoï) sera utilisée pour produire des contraintes géométriques qui permettront de réduire la description de l'espace conformationnel de la structure quaternaire.

Le candidat aura une bonne connaissance de la topologie et des méthodes de résolution numérique. Le profil proposé est d'évidence situé à une triple interface entre physique, biologie structurale et informatique. Un physicien ayant effectué sa thèse et/ou un post doc sur un sujet de biophysique serait le bienvenu. Les développements réalisés seront mis à disposition sur une plate-forme de bio informatique, en partie fondée par les membres du groupe (<http://www.bioserv.rpbs.jussieu.fr/>).

Laboratoire d'accueil : IMPMC

Contacts : Jacques Chomilier ([jacques.chomilier@impmc.jussieu.fr](mailto:jacques.chomilier@impmc.jussieu.fr))

Type (UMR, EA, JE, ERT)	N°	Nombre de chercheurs (le cas échéant)	Nombre d'enseignants-chercheurs
UMR	7590	36	34