

MEMOIRE

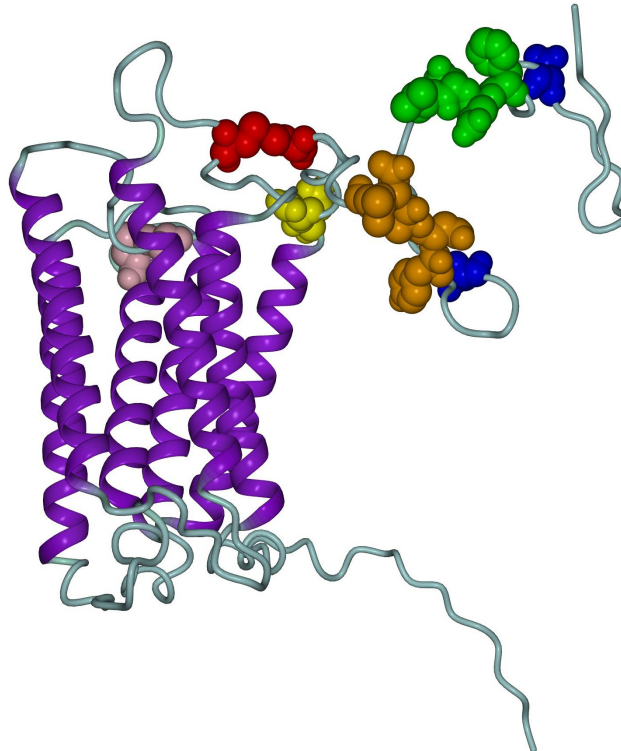
Présenté devant l'Université
Pour l'obtention de

L'HABILITATION A DIRIGER DES RECHERCHES

par

Alexandre G. de BREVERN

4 octobre 2006



Bioinformatique structurale des protéines

Commission d'examen :

Gilbert Deléage	Rapporteur	Professeur Université Claude Bernard -Lyon I
Monique Genest	Rapporteur	Directeur de Recherche CNRS, Orléans
Khashayar Pakdaman	Rapporteur	Professeur Université Denis Diderot –Paris 7
Philippe Dessen	Examineur	Directeur de Recherche CNRS, Villejuif
Anne Imberty	Examineur	Directeur de Recherche CNRS, Grenoble

Equipe de Bioinformatique Génomique et Moléculaire (EBGM), INSERM U 726,
Université Paris 7, case 7113,2, place Jussieu, 75251 PARIS Cedex 05 FRANCE

À Serge,

À mes parents,

Remerciements

En tout premier lieu, un remerciement éternel à Serge, merci pour ces heures de travail, de bonne humeur, de franche rigolade, d'amusements scientifiques, de découvertes de nouveaux mondes et de tant d'autres choses. Merci pour tout ce que tu m'as apporté sur les différents aspects de la recherche, répondant toujours à mes attentes malgré cette masse de travail surhumaine. Nous ne t'oublierons jamais.

Je tiens sincèrement à te remercier Cristina pour ces trois années et demie. Je suis toujours aussi émerveillé par tes capacités et ton honnêteté scientifique, je n'aurais jamais cru que tu puisses réaliser tout ce que tu as fait, merci d'avoir pu y participer, merci pour la disponibilité dont tu as fait preuve, ta joie de vivre et aussi pour ces jolis yeux et le sourire qui va avec.

Un gros merci à Cathy, pour ta passion sans borne pour la science, ton enthousiasme, ta manière inégalable de recadrer une démarche scientifique, la faisant passer de "passablement peu intéressante" à "terriblement excitante", merci pour cette bonne humeur difficilement altérable. Ne change jamais pas.

Bernard, cent millions de remerciements pour m'avoir fait découvrir d'autres cultures, permis de voyager dans de lointaines contrées, rencontrer des gens fabuleux, mais surtout merci de m'avoir permis de travailler avec toi et d'apprendre autant.

Un remerciement tout particulier à Gilbert Deléage que j'ai mis plus que de raisons à contribution lors de mes jurys de DEA, thèse et maintenant d'HDR, c'est toujours un plaisir de discuter avec toi.

Je remercie tout spécialement Philippe Dessen qui a toujours été là pour le DEA et le master, amenant ses connaissances et sa bonne humeur.

Je remercie Anne Imberty, Monique Genest & Khashayar Pakdaman d'avoir accepté de juger ce travail.

Je remercie vivement tous les membres de l'EBGM passés et présents. Mes remerciements vont à chacun de vous. Plus particulièrement, merci à Pat pour toutes ces discussions informelles sur le monde terrifiant et merveilleux des protéines, à Gaëlle Debret pour tes conseils judicieux et ta manière inimitable de rougir, à Joëlle pour toutes ses actions sur notre système informatique, et, à France "HXM" & Colette, nos petits IATOS.

Thank you Manoj, for all the fun I've to torture you with my (un)limited French sense of humour. It was really a pleasure to work with you and see how you've improved your scientific capabilities during the last years.

My sincere thanks to the Indian S=S bridge, Srini & Mini, who are two of the nicest people I've ever met. To you also Rajesh, I'm so happy with your work, you are one of the best PhD students I've seen.

Je remercie Yves Colin, Christophe Tournamille & Caroline Le van Kim pour m'avoir permis de découvrir le monde merveilleux du DARC et pour leur gentillesse tout au long de cette longue recherche. J'associe, bien entendu, Olivier Bertrand dont les discussions scientifiques sont toujours un vrai délice.

Une pensée va à Jean-Yves Brossas qui sans le savoir concrètement m'a fait découvrir la recherche scientifique.

À Olivier Goureau, Jacques Tréton & Yves Courtois, merci de votre accueil et de vos encadrements, j'ai passé des stages formidables.

Un remerciement chaleureux à Alain Malpertuy qui m'a fait découvrir le monde dangereux et fascinant de l'industrie, qui apporte un œil inquisiteur sur mes recherches en génomique et qui a une liste superbe de bons restaurants parisiens. J'associe, David, à ce remerciement "commercial", en appréciant aussi le chemin parcouru depuis notre DEA.

J'exprime mes remerciements à Olivia Doppelt qui a pris le risque de travailler avec moi. Que de progrès en si peu de temps, c'est vraiment agréable de travailler avec toi. À François Delfaud aussi, pour ton honnêteté et pour avoir gardé ta fraîcheur d'esprit en toute circonstance.

Je remercie Jean "Yodi" Pylouster d'avoir décidé un beau jour de faire un master 2^{ème} année malgré son âge canonique, ce fut dur, pénible et intense, mais qu'est-ce que nous nous sommes bien amusés, et quelle réussite au final.

Un remerciement tout particulier à Laurent Fourrier, ce stage fut vraiment exceptionnel, j'en garde un souvenir impérissable.

Je veux adresser tous mes remerciements aux Aurélie (Urbain & Bornot), votre implication dans votre travail et l'exigence que vous avez mis dedans sont des exemples à montrer aux autres stagiaires. Je remercie également Magalie Celton, Hua Wong & Benjamin Bardiaux pour vous être autant investi dans votre travail.

Je remercie Alexandre Gillet qui nous fait toujours la bonne surprise d'une petite visite malgré son nombre limité de vacances.

Je remercie vivement Joël Pothier pour son oreille toujours disponible & son café toujours disponible.

Je n'oublierai pas Juliette Martin qui m'a permis de faire parti de son comité de thèse et ainsi de découvrir pleins de domaines passionnants. Je remercie aussi le reste de cette promotion, et tout spécialement Mathilde Carpentier, Gaëlle Lelandais, Cyril Azuara, Karine Bastard & Ludovic Autin, qui m'a laissé un excellent souvenir.

Une pensée nostalgique aux anciens de ma promotion de DEA, Florence, Ingrid, Antoine & Virginie, ainsi qu'aux anciens doctorants, Hélène & Romain, merci pour vos encouragements et votre sympathie.

J'exprime mes remerciements à Josué Feingold & Alain Mallet pour m'avoir accueilli dans leurs unités respectives.

Un gros merci à Emmanuelle, pour avoir toujours été là, j'espère ne pas avoir tué tes bonsaïs.

À Franck & Jérôme. Que de chemins parcourus depuis le fond des soutes. LCA forever.

Je tiens sincèrement à remercier Pierre & Nicolas, pour l'ensemble de leurs oeuvres. Get up.

Merci Papa, merci maman. Tous les ans je voudrais que ça recommence. Merci d'avoir toujours soutenu, sans toujours tout comprendre. Vous êtes les meilleurs.

de BREVERN Alexandre

e-mail professionnel: alexandre.debrevern@ebgm.jussieu.fr

né le 27 Septembre 1972 (Saint-Mandé - 94)

Equipe de Bioinformatique Génomique et Moléculaire (EBGM) **depuis 1998**
Unité INSERM U155 (Pr. Josué Feingold) / U436 (Pr. Alain Mallet) / E0346 /U726 (Pr. Serge Hazout)
U726 (Pr. Catherine Etchebest) Paris

Chargé de Recherche INSERM de 2nde classe *depuis le 1^{er} octobre 2002*
passage à chargé de Recherche INSERM de 1^{ère} classe *le 1^{er} octobre 2006*
sujet: Modélisation moléculaire de la structure tridimensionnelle d'une protéine transmembranaire impliquée dans le paludisme et nouvelles méthodes d'analyse et de prédiction des structures protéiques (globulaires et transmembranaires).

ATER Paris 7 / Post-Doc (bourse de la Fondation de la Recherche Médicale) 2001-2002
Responsable: Pr. Catherine Etchebest
sujet: Modélisation moléculaire de la structure tridimensionnelle d'une protéine transmembranaire impliquée dans le paludisme.

Thèse d'Analyse de Génomes et Modélisation Moléculaire 1998-2001
(bioinformatique) Université Denis Diderot (Paris 7)
Directeur de thèse: Pr. Serge Hazout
sujet: Nouvelles méthodes d'analyse et de prédiction des structures protéiques
Bourse MENRT – poste de moniteur à l'UFR de Biologie (Paris 7)
Soutenue le 6 février 2001- mention Très Honorable avec Félicitations

DEA d'Analyse de Génomes et Modélisation Moléculaire 1997-1998
(bioinformatique) Université Denis Diderot (Paris 7) - mention B
sujet: Analyse et prédiction de la structure locale des protéines.

Maîtrise de Biologie Cellulaire et Physiologie 1995-1996
option interactions cellulaires et moléculaires
Université Pierre et Marie Curie (U.P.M.C.) - mention AB

Licence de Biologie Cellulaire et Physiologie U.P.M.C. - mention AB 1994-1995

Stages

Service National au Laboratoire de Chimie Analytique du port de Brest oct.96-jul.97
Laboratoire d'analyse des eaux alimentaires et pollutions marines
Mise au point de nouvelles méthodes, des documentations associées, suivi qualité, normes.

Unité INSERM U450 (Dr. Yves Courtois) - Paris jul. 1996
Développement, pathologie et vieillissement de la rétine
Quantification par PCR de l'expression du gène de la NO synthase inductible dans différents organes de souris knock-out pour le gène du TNF.

Station Biologique de Roscoff UPR CNRS 9042 (Pr. Robert Bellé)

avr. 1996

Biologie cellulaire et moléculaire des ovocytes

Purification protéique d'ovocytes d'étoiles de mer, chromatographie et identification par des IgG spécifiques de protéines précoces de la méiose.

Unité INSERM U119 (Dr. Yves Courtois) - Paris

oct.94-jul.95

Unité de recherches gérontologiques

Caractérisation de recircularisations de l'ADN mitochondrial murins et humains par PCR, séquençage et sondes, utilisation de la doxorubicine sur un modèle animal.

Prix scientifique

Prix du Groupe de Graphisme et Modélisation Moléculaire (GGMM 2001, Nîmes) pour le travail de thèse.

PublicationsAcceptées:

- A01-** de Brevern A.G.[#], Etchebest C. & Hazout S. (2000) Bayesian probabilistic approach for predicting backbone structures in terms of protein blocks, *Proteins*, **41**(3), 271-287.
- A02-** de Brevern A.G.[#] & Hazout S. (2000) Hybrid Protein Model (HPM): a method to compact protein 3D-structures information and physicochemical properties, *IEEE - Comp Soc*, **S1**, 49-54.
- A03-** de Brevern A.G.[#] & Hazout S. (2001) Compacting local protein folds by a "Hybrid Protein Model", *Theor Chem Acc*, **106**(1/2), 36-47.
- A04-** Camproux A.C.[#], de Brevern A.G., Hazout S. & Tufféry P. (2001) Exploring the use of a structural alphabet for a structural prediction of protein loops, *Theor Chem Acc*, **106**(1/2), 28-35.
- A05-** de Brevern A.G.[#] (2001) Nouvelles stratégies d'analyses et de prédiction des structures tridimensionnelles des protéines. Thèse de l'Université Paris VII. 210 p.
- A06-** de Brevern A.G., Camproux A.-C., Hazout S., Etchebest C. & Tufféry P.[#] (2001) Beyond the secondary structures: the structural alphabets, in *Recent Adv. In Prot. Eng.*, **1**, 319-335, Pangalal SG ed, Research Signpost, Trivandrum, Inde.
- A07-** de Brevern A.G.[#], Loirat F., Badel-Chagnon A., André C., Vincens P. & Hazout S. (2002) Genome compartmentation by a Hybrid Chromosome Model (H χ M). Application to *Saccharomyces cerevisiae* subtelomeres, *Computers and Chemistry*, **26**, 437-445.
- A08-** de Brevern A.G.[#] (2002) Compartmentation génomique, *Biofutur*, **225**, 20-22.
- A09-** de Brevern A.G.[#], Valadié H., Hazout S. & Etchebest C. (2002) From a structural alphabet to Structural Words: Protein network for 3D protein description defining new rules for improving the 3D local prediction, *Protein Science*, **11**, 2871-2886.
- A10-** Benros C., Hazout S. & de Brevern A.G.[#] (2002) "Hybrid Protein Model": a new clustering approach for 3D local structures, *Int. Workshop on Bioinformatics ISMIS*, **S1**, 36-45.
- A11-** de Brevern A.G.[#] & Hazout S. (2003) A "Hybrid Protein Model" for defining optimally a repertory of contiguous 3D protein structure fragments, *Bioinformatics*, **19**, 345-353.
- A12-** Benros C.[#], de Brevern A.G. & Hazout S. (2003) Hybrid Protein Model (HPM): A method for building a library of overlapping local structural prototypes. Sensitivity study and improvements of the training. *Proceedings of IEEE International Workshop on Neural Networks for Signal Processing*, **14**, 41-57.

- A13-** Fourier L.*, Benros C.* & de Brevern A.G.[#] (2004) Use of a structural alphabet for analysis of short loops connecting repetitive structures, *BMC Bioinformatics*, **5**, 58.
- A14-** de Brevern A.G.[#], Benros C., Gautier R., Valadié H., Hazout S. & Etchebest C. (2004) Local backbone structure prediction of proteins, *In Silico Biology*, **4**, 181-186.
- A15-** de Brevern A.G.[#], Hazout S. & Malpertuy A. (2004) Influence of microarrays experiments missing values on the stability of gene groups by hierarchical clustering *BMC Bioinformatics*, **5**, 114.
- A16-** de Brevern A.G.[#], Benros C.* & Hazout S. (2005) Structural alphabet: from a local point of view to a global description of protein 3D structures, in *Bioinformatics: New Research*, Yann P.V. ed, Nova Publishers, New-York, USA, 183-237
- A17-** Etchebest C.*, Benros C.*, Hazout S. & de Brevern A.G.[#] (2005) A structural alphabet for local protein structures: improved prediction methods *Proteins*, **59**, 810-827.
- A18-** de Brevern A.G.[#] (2005) New assessment of a structural alphabet, *In Silico Biology*, **5**, 283-289.
- A19-** de Brevern A.G.[#], Wong H., Tournamille C., Colin Y., Le Van Kim C. & Etchebest C. (2005) A structural model of a seven transmembrane helices receptor: The Duffy Antigen / Receptor for Chemokine (DARC), *Biochem Biophys Acta*, **1724**, 288-306.
- A20-** Martin J.[#], Letellier G., Marin A., Taly J.-F., de Brevern A.G. & Gibrat J.-F. (2005) Protein secondary structure assignment revisited: a detailed analysis of different assignment methods, *BMC Structural Biology*, **5**, 26.
- A21-** Benros C.[#], de Brevern A.G., Etchebest C. & Hazout S. (2006) Assessing a novel approach for predicting local 3D protein structures from sequence, *Proteins*, in press.
- A22-** Gelly J.-C., de Brevern A.G.[#] & Hazout S. (2006) "Protein peeling": a hierarchical splitting of a 3D protein structure into compact fragments, *Bioinformatics*, **22**, 129-33.
- A23-** Tyagi M.[#], Venkataraman S.G., Srinivasan N., de Brevern A.G. & Offmann B. (2006) Substitution matrix for structural alphabet based on structural alignment of homologous proteins and its applications, *Proteins*, **62**(4):865-80.
- A24-** de Brevern A.G.[#], Etchebest C., Benros C. & Hazout S. (2006) "Pinning strategy": a new approach for predicting the backbone structure in terms of Protein Blocks from sequence, *Journal of Biosciences*, sous presse.
- A25-** Gelly J.-C., Etchebest C., Hazout S. & de Brevern A.G.[#] (2006) Protein peeling 2.0: a web server for splitting 3D protein structure into compact fragments, *Nucl Acid Res*, **34**, W75-78.
- A26-** Tyagi M.[#], Sharma P., Swamy C.S., Cadet F., Srinivasan N., de Brevern A.G. & Offmann B. (2006) Protein Block Expert (PBE): A web based protein structure analysis server using structural alphabet called Protein Blocks, *Nucl Acid Res*, **34**, W119-123.
- A27-** Bornot A. & de Brevern A.G.[#] (2006) Protein beta-turn assignments, *Bioinformation*, **1**(5):153-155.

[#]: auteur correspondant, * :auteurs ayant contribués de manière équivalente à ce travail.

Soumis :

Benros C., Etchebest C., Camproux A.-C. & de Brevern A.G., Amino acid equivalences within protein structures, *soumis*.

Tyagi M, de Brevern A.G., Srinivasan N. & Offmann B. Protein structure comparison using a structural alphabet, *soumis*.

Et 3 articles pour le livre dont je suis éditeur.

En préparation :

Offmann B., Tyagi M. & de Brevern A.G., Local Protein Structures, article de revue, manuscrit complet.

- Offmann B., Tyagi M., Srinivasan N., Thangudu R., Cadet F. & de Brevern A.G. Extensive assessment of the structural diversity of pentapeptides in terms of protein blocks, écriture en cours.
- Martin J., de Brevern A.G. & Camproux A.-C. Structural study of outer Membrane Proteins in terms of local structure, écriture en cours.
- Pylouster J., Etchebest C. & de Brevern A.G., Analysis of transmembrane helices in protein structures, début d'écriture du manuscrit.
- Celton M., Malpertuy A., Lelandais G., & de Brevern A.G., Assessment of microarrays experiments missing values replacement methods, début d'écriture du manuscrit.

publications (congrès)

- de Brevern A.G. & Hazout S. (2000) "Hybrid Protein Model (HPM)" : une nouvelle approche pour caractériser les relations séquence-structure dans les protéines, *Premières Journées Ouvertes de Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM) pour la génomique*, Montpellier, pp. 105-112.
- de Brevern A.G., Etchebest C. & Hazout S. (2001) Analysis and Prediction of Protein Backbone using a Structural Alphabet, *Fourth European Symposium of the Protein Society*, Paris, *Prot Sci*, **10(S1)**, 139-140.
- de Brevern A.G. et Hazout S. (2001), Compactage d'une base de données protéiques recodées dans un alphabet structural, *Secondes Journées Ouvertes de Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM) pour la génomique*, Toulouse, pp. 85-92.
- de Brevern A.G., Loirat F., Badel-Chagnon A., Vincens P. & Hazout S. (2003) Genomic compartmentation by a Hybrid Chromosome Model (H χ M). Application to *Saccharomyces cerevisiae* subtelomeres. *Troisièmes Journées Ouvertes de Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM) pour la génomique*, Saint-Malo pp.48-53.
- de Brevern A.G., Etchebest C. & Hazout S. (2002) New approach for predicting the backbone structure from sequence in terms of Protein Blocks. *46^{ème} congrès de la Biophysical Society*, San Fransisco, USA, *Biophysical Journal*, **82,S1** pp.471a-472a.
- de Brevern A.G. (2003) *TIMBER: Tool for molecular modelling of transmembrane protein*. *47^{ème} congrès de la Biophysical Society*, San Fransisco (USA), *Biophysical Journal*, **83(S1)**, 305a-306a.
- Benros C., Hazout S. & de Brevern A.G. (2003) New Approach for Local Protein Structure Prediction, *Fifth European Symposium of the Protein Society*, Florence (Italie). *Prot Science* **12(S1)**, 167.

Valorisation

Participation à l'appel d'offre Bioinformatique inter EPST (2001-2002, Numéro 4B005F) :

Outil informatique intégré en Génomique Structurale. Vers une prédiction de la structure tridimensionnelle d'une protéine à partir de sa séquence.

Responsables : Serge Hazout et Catherine Etchebest

Laboratoires partenaires : INSERM U436 Modélisation Statistique et Mathématique en Biologie et Médecine (directeur Alain Mallet).
UMR 130 CNRS Laboratoire LURE (directeur Robert Comes).
UMR 7000 CNRS Cytosquelette et Développement (directeur Marie-Madeleine Portier).

Appel d'offre Bioinformatique inter EPST (2003-2004) :

1) *Nouvelles approches bioinformatiques d'analyse et de prédiction des la structure 3D des protéines globulaires et transmembranaires.*

Responsables : Serge Hazout, Alexandre G. de Brevern et Catherine Etchebest

2) *Plateforme de bioinformatique structurale.*

Responsable Pierre Tufféry

Laboratoires partenaires : J. Chomilier (CNRS, Paris 6)

J. Pothier (Atelier de Bioinformatique , Paris 6)

B. Villoutreix (INSERM, Paris 5)

Projet ANR 2005: Action de Recherche Amont Masse de Données

Projet CoRSAIRe (Combinaisons de Rendus Sensori-moteurs pour l'Analyse Immersive de Résultats)

Laboratoires partenaires : LIMSI (CNRS, Orsay)

IRCAM (CNRS)

LEI-UP5

HAPTON S.A.

Contrat INSERM n°175958AB2 (2004):

Avec ATRAGENE (start-up), société spécialisée en génomique (Puces à ADN, transcriptome) pour un projet portant sur les cartes topologiques de Kohonen (cf. enseignement).

Contrat INSERM n°175788AB6 (2005) :

Avec ATRAGENE pour un projet portant sur un algorithme de remplacement des données manquantes (méthode dites des plus proches voisins).

Sites web : <http://www.ebgm.jussieu.fr/~debrevn/> (détail des travaux effectués, mise à disposition de données et méthodes et des cours), logiciel de prédiction *LocPred* (applet Java) : <http://www.ebgm.jussieu.fr/~debrevn/LOCPRED/index.html>, logiciel de "découpage" des structures protéiques *Protein Peeling* <http://www.ebgm.jussieu.fr/~gelly/>, logiciel d'assignation des structures secondaires *KAKSI* (collaboration avec le laboratoire INRA MIG) : http://migale.jouy.inra.fr/mig/mig_fr/servlog/kaksi/. Participation à la plateforme informatique RPBS : <http://bioserv.rpbs.jussieu.fr/LocPred/index.html>. Création du site de Formation Permanente (Modélisation Moléculaire – Paris 7): <http://www.ebgm.jussieu.fr/TPFP/FP.html>

Collaborations

Comité d'organisation du Second Indo-French Bioinformatics Meeting (IFBM 2004) à Saint-Denis de la Réunion.

Comité d'organisation du Troisième Indo-French Bioinformatics Meeting (IFBM 2006) à Bangalore (Inde).

Collaborations : Y. Colin, C. Le van Kim & C. Tournamille (U665 INSERM, INTS, Paris)¹.

J.-F. Gibrat & J. Martin (MIG, INRA, Jouy-en-Jossas)¹.

J.-L. Popot (UMR CNRS 9052, IBPC, Paris)².

J.-C. Gelly (UMR CNRS, LMCP, Paris, maintenant IBPC, Paris)¹.

B. Offmann (LBGM, St-Denis de la Réunion)^{2,3}.

N. Srinivasan (INTS, Bangalore, Inde)^{2,3}.

¹ articles acceptés. ² manuscrit en préparation. ³ manuscrits soumis avec B.O. & N.S., nous avons un étudiant indien, Manoj Tyagi, actuellement en thèse (principalement à la Réunion).

Membre du conseil scientifique de la société MEDIT S.A.

Sociétés savantes

Groupe de Graphisme et Modélisation Moléculaire (GGMM)	depuis 1999
Société Française de Biophysique (SFB)	depuis 2003
Société Française de Biochimie & Biologie Moléculaire (SFBMM)	depuis 2005
Société Française de Bioinformatique (SFBI)	depuis 2005
Biophysical Society	2002-2003

Editions et activité de reviewing

Editeur (scientifique) du livre "Recent Advances in Protein Engineering" (Research Signpost, India). Actuellement 18 manuscrits sont prévus pour ce livre (publication prévu en 2006).

Rapporteur pour *Bioinformatics*, *BMC Bioinformatics*, *PEDS (ex-Protein Eng.)*, *Journal of Biomolecular Structural Dynamics (JBSD)*, *Nucleic Acid Research*, *In Silico Biology*, *Proteins*, *Biochimie*.

Rapporteur pour les appels d'offre Bioinformatique inter EPST 2002 – 2004.

Rapporteur pour demande de bourse CIFRE (2004)

Rapporteur pour une demande de brevet effectuée par l'INSERM (2003-2004).

Rapporteur "étranger" de la thèse de N. Pandit (Bangalore, Inde) en janvier 2005.

Congrès

Présentation Orale (invitation):

PI-01. de Brevern A.G., Etchebest C. & Hazout S., Prédiction de la structure 3D locale des protéines au moyen de Blocs Protéiques: stratégies et améliorations. *12^{ème} Congrès du Groupe de Graphisme et Modélisation Moléculaire (GMMM)*, Nimes (9-11 mai 2001, Prix du GGMM 2001, avec affiche).

PI-02- de Brevern A.G., Prediction of Protein Blocks : strategies and improvements. *Invitation du Laboratoire de Biochimie et Génétique Moléculaire, Université de La Réunion (LBGM)*, Saint-Denis de la Réunion, Ile de la Réunion (18 mai 2004).

PI-03- de Brevern A.G., Local protein structure prediction. *Second Indo-French Bioinformatics Meeting (IFBM 2004)*, Saint-Denis de la Réunion, Ile de la Réunion (10-12 décembre 2004).

PI-04- de Brevern A.G., Analyse et Prédiction de la structure des protéines: des structures secondaires aux alphabets structuraux. *Invitation de l'Institut de Minéralogie et Physique des Milieux Condensés (IMPMC) UMR CNRS 7602*, Paris (5 avril 2005)

- PI-05-** de Brevern A.G., Analyse et Prédiction de la structure des protéines: des structures secondaires aux alphabets structuraux, *Invitation du Séminaire BioInfoOuest et Symbiose*, Rennes (7 avril 2005)
- PI-06-** de Brevern A.G., Analyse et Prédiction de la structure des protéines: des structures secondaires aux alphabets structuraux, *Invitation de l'atelier de Bioinformatique (ABI) de Paris 6*, Paris (12 avril 2005)
- PI-07-** de Brevern A.G., A structural model of seven transmembrane helices receptor, Duffy Antigen / Receptor for Chemokines, *Invitation du LBGM*, Saint-Denis de la Réunion, Ile de la Réunion (26 avril 2005).
- PI-08-** de Brevern A.G., Influence of microarrays experiments missing values on the stability of gene groups by hierarchical clustering, *Rosalind Franklin Challenge (2nd edition) Charpak Amphitheater, Faculty of Science and Technology*, Saint-Denis de la Réunion, Ile de la Réunion (27 avril 2005).
- PI-09-** de Brevern A.G., Improvement of the prediction of a structural alphabet, *Invitation du LBGM*, Saint-Denis de la Réunion, Ile de la Réunion (5 décembre 2005).
- PI-10-** de Brevern A.G., les Unités Protéiques, *Invitation de l'U665 INSERM, Protéines de la membrane érythrocytaire et homologues non érythroïdes*, INTS, Paris (27 février 2006).
- PI-11-** de Brevern A.G., Analysis and prediction of short loops in terms of a structural alphabet, *Third Indo-French Bioinformatics Meeting (IFBM 2006)*, Bangalore (Inde, 13 juin 2006).

Présentation Orale:

- PO-01.** de Brevern A.G. & Hazout S., “ Hybrid Protein Model (HPM) ” : une nouvelle approche pour caractériser les relations séquence-structure dans les protéines. *Premières Journées Ouvertes de Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM) pour la génomique*, Montpellier (3-5 mai 2000, avec affiche).
- PO-02.** de Brevern A.G. & Hazout S., Hybrid Protein Model (HPM): a method to compact protein 3D-structure information and physicochemical properties. *7th Symposium on String Processing and Information Retrieval (SPIRE'2000)*, LaCoruna, Espagne (27-29 Septembre 2000).
- PO-03.** de Brevern A.G. & Hazout S., Compactage d'une base de données protéiques recodées dans un alphabet structural *Secondes Journées Ouvertes de Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM) pour la génomique*, Toulouse (29 mai- 1^{er} juin 2001, avec affiche).
- PO-04.** de Brevern A.G., Loirat F., Badel-Chagnon A., Vincens P. & Hazout S, Genomic compartmentation by a Hybrid Chromosome Model (H χ M). Application to *Saccharomyces cerevisiae* subtelomeres. *Troisièmes Journées Ouvertes de Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM) pour la génomique*, Saint-Malo (10-12 juin 2002, avec affiche).
- PO-05** Benros C., Hazout S. & de Brevern A.G., "Hybrid Protein Model": a new clustering approach for 3D local structures. *Workshop on Bioinformatics ISMIS 2002 (XIII. International Symposium on Methodologies for Intelligent Systems)*, Lyon (26-29 juin 2002).
- PO-06-** de Brevern A.G., Benros C., Etchebest C. & Hazout S., Refining the sequence-structure relationship by a competition strategy. Application to a local protein backbone prediction in terms of Protein Blocks from sequence. *Cinquièmes Journées Ouvertes Biologie Informatique Mathématiques (JOBIM)*, Montréal, Canada (28 - 30 juin 2004).
- PO-07-** Hazout, S. Une nouvelle méthode d'apprentissage : “Self-Learning by Information Share-Out” (SLISO). Application à l’analyse des boucles bêta-bêta dans les protéines. *Sixièmes Journées Ouvertes Biologie Informatique Mathématiques (JOBIM)*, Lyon (France), July 6-8, 2005. Talk given by Benros C. & de Brevern A.G. to pay tribute to Pr. S. Hazout.
- PO-08-** Etchebest C., Bornot A. & de Brevern A.G., Analysis of protein flexibility and dynamics

using local protein structures. *20ème congrès de la Société Française de Biophysique*, Anglet (14-19 octobre 2006).

Communications:

- CO-01.** Hazout S., de Brevern A.G., Loirat F., Badel-Chagnon A., André C. & Vincens P., Compartimentation chromosomique. *Congrès de Biométrie et Génomique*, Grenoble (27 mai 1999). Présentation orale de S. Hazout.
- CO-02-** Benros C., de Brevern A.G., & Hazout S., Hybrid Protein Model (HPM) : A method for building a library of overlapping local structural prototypes. Sensitivity study and improvements of the training. *IEEE International Workshop on Neural Networks for Signal Processing (NNSP)*, Toulouse (17-19 Septembre 2003). Présentation orale de S. Hazout.
- CO-03-** Benros C., de Brevern A.G. & Hazout S., Predicting Local structural candidates from sequence by the "Hybrid Protein Model" approach. *The 1st Structural Bioinformatics Meeting*, Glasgow, Ecosse (29-30 Juillet) Laptop session. Présentation orale de C. Benros.
- CO-04-** Tyagi M., Offmann B., de Brevern A.G. & Srinivasan N., Structural Alphabets, from Protein Structure Description to Comparison *Third Indo-French Bioinformatics Meeting (IFBM 2006)*, Bangalore (Inde, 13 juin 2006).. Présentation orale de Manoj Tyagi.
- CO-05-** Offmann B., Thangudu T., Tyagi M., de Brevern A.G., Srinivasan N. & Sowdhamini R., Bridges and Blocks: A Taste of Protein Structure Analysis in Indo-French collaboration, *Third Indo-French Bioinformatics Meeting (IFBM 2006)*, Bangalore (Inde, 13 juin 2006). Présentation orale de Bernard Offmann .
- CO-06-** Martin J., de Brevern A.G. & Camproux A.C. Structural study of Outer Membrane Proteins using structural alphabet, *Septièmes Journées Ouvertes de Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM 2006)*, Bordeaux, 5-7 juillet 2006. Présentation orale de Juliette Martin (+ poster).

Affiches:

- AF-01.** de Brevern A.G., Etchebest C. & Hazout S., Prédiction de la structure 3D locale des protéines aux moyens de Blocs Structuraux protéiques par une approche Bayésienne. *11^{ème} Congrès du Groupe de Graphisme et Modélisation Moléculaire (GMMM)*, Lyon (10-12 mai 1999).
- AF-02.** de Brevern A.G. & Hazout S., Compacting a structural protein database into a "Hybrid Protein", *Congrès Computational Biophysics 2000 (CB2000)*, Nice (13-15 juin 2000).
- AF-03.** Hazout S. & de Brevern A.G., Different strategies for improving the local prediction of the backbone structure from protein sequence, *Congrès Computational Biophysics 2000 (CB2000)*, Nice (13-15 juin 2000).
- AF-04.** Camproux A.-C., Tufféry P., de Brevern A.G., Boisvieux J.-F., & Hazout S., Searching structural similarities in protein backbones encoded with a structural alphabet, *Congrès Computational Biophysics 2000 (CB2000)*, Nice (13-15 juin 2000).
- AF-05.** de Brevern A.G., Etchebest C. & Hazout S., Analysis and Prediction of Protein Backbone using a Structural Alphabet. *Fourth European Symposium of the Protein Society*, Paris (18-22 avril 2001).
- AF-06.** de Brevern A.G., Etchebest C., Valadié H., Gautier R. & Hazout S., A Structural Alphabet to describe and predict the local protein structure, *4th International Conference of Molecular Structural Biology*, Vienne, Autriche (5-9 septembre 2001).
- AF-07.** de Brevern A.G., Etchebest C. & Hazout S., New approach for predicting the backbone structure from sequence in terms of Protein Blocks, *46^{ème} congrès de la Biophysical Society*, San Fransisco, USA (22-27 février 2002).
- AF-08.** Etchebest C., de Brevern A.G. & Hazout S., Predicting locally the backbone structure in terms of Protein Blocks from sequence by a "Pinning strategy", *Troisièmes Journées Ouvertes*

- de Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM) pour la génomique, Saint-Malo (10-12 juin 2002).
- AF-09.** de Brevern A.G., TiMber: Tool for molecular modelling of transmembrane proteins. 47^{ème} congrès de la Biophysical Society, San Antonio, USA (1-5 mars 2003).
- AF-10.** Benros C., Hazout S. & de Brevern A.G., New Approach for Local Protein Structure Prediction *Fifth European Symposium of the Protein Society*, Florence, Italie (29 mars -2 avril 2003).
- AF-11.** Fourrier L., Benros C., Urbain A., Etchebest C., Hazout S. & de Brevern, A.G., Analyse et prédiction de la structure 3D locale des protéines, *13e Congrès du Groupe de Graphisme et Modélisation Moléculaire (GMMM)*, Cabourg (5-7mai 2003).
- AF-12.** Benros C., de Brevern A.G. & Hazout S., Méthode de la Protéine Hybride : Caractérisation de la relation séquence - structure locale dans les protéines, *13e Congrès du Groupe de Graphisme et Modélisation Moléculaire (GMMM)*, Cabourg (5-7mai 2003).
- AF-13.** Hazout S., Benros C. & de Brevern A.G., Décomposition des structures protéiques en "Unités Protéiques, *13e Congrès du Groupe de Graphisme et Modélisation Moléculaire (GMMM)*, Cabourg (5-7mai 2003).
- AF-14.** de Brevern A.G., Flatters D., Fuchs P., Fares W., Stadler A., Valadié H. & Etchebest C., Etude par modélisation moléculaire d'assemblages macromoléculaires, Réunion de l'IFR 117, Paris (26 mai 2003).
- AF-15.** Benros C., de Brevern A.G. & Hazout S., Sequence - Structure Relation in Proteins through a "Hybrid Protein Model", *Second European Conference on Computational Biology (ECCB 2003)*, Paris (27-30 Septembre 2003).
- AF-16.** de Brevern A.G., Hazout S. & Malpertuy A., Incidence of missing values in hierarchical clustering of microarrays data, *Second European Conference on Computational Biology (ECCB 2003)*, Paris (27-30 Septembre 2003).
- AF-17.** Benros C., de Brevern A.G. & Hazout S., Predicting Local Structural Candidates from Sequence by the "Hybrid Protein Model" Approach. *Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) / 3rd the European Conference on Computational Biology (ECCB 2004)*, Glasgow, Ecosse (29-30 Juillet 2004).
- AF-18.** de Brevern A.G., Wong H., Tournamille C., Cartron J.-P., Colin Y., Le Van Kim C. & Etchebest C., A structural model of seven transmembrane helices receptor, Duffy Antigen / Receptor for Chemokines. *19ème congrès de la Société Française de Biophysique*, Anglet (16-19 octobre 2004).
- AF-19.** de Brevern A.G., Wong H., Tournamille C., Colin Y., Le Van Kim C. & Etchebest C., A structural model of seven transmembrane helices receptor, Duffy Antigen / Receptor for Chemokines, *14e Congrès du Groupe de Graphisme et Modélisation Moléculaire (GMMM)*, Iles d'Embiez (2-4 mai 2005).
- AF-20.** Benros C., de Brevern A.G., Etchebest C. & Hazout S., Assessing a novel approach for predicting protein local 3D structure from sequence, *14e Congrès du Groupe de Graphisme et Modélisation Moléculaire (GMMM)*, Iles d'Embiez (2-4 mai 2005).
- AF-21.** Gelly J.-C., de Brevern A.G. & Hazout S., Protein Peeling : Segmentation hiérarchique de la structure 3D des protéines en fragments compacts, *14e Congrès du Groupe de Graphisme et Modélisation Moléculaire (GMMM)*, Iles d'Embiez (2-4 mai 2005).
- AF-22.** Benros C., de Brevern A.G., Etchebest C. & Hazout S., Novel approach for predicting local 3D protein structures from sequence, *Sixièmes Journées Ouvertes de Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM) pour la génomique*, Lyon (6-8 Juillet 2005).
- AF-23.** Tyagi M., Gowri V.S., Srinivasan N., de Brevern A.G. & Offmann B. Structural alphabet substitution matrix derived from structurally aligned homologous proteins and its applications, *3rd the European Conference on Computational Biology (ECCB 2005)*, Madrid, Espagne, (28 septembre-1er octobre 2005).

- AF-24.** Tyagi M., Srinivasan N., de Brevern A.G., Cadet F. & Offmann B., ProteinBlockExpert (PBE): a web server for the encoding and analysis of protein 3D structures in terms of a structural alphabet, *German Conference on Bioinformatics (GCB'05)*, Hambourg, RFA, (5-7 octobre 2005).
- AF-25.** Doppelt O., de Brevern A.G., Imberty A., Delfaud F. & Andrieu O., MED-SuMo heuristic to determine and classify binding site modes, *Septièmes Journées Ouvertes de Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM 2006)*, Bordeaux (5-7 juillet 2006).
- AF-26.** Bornot A., Etchebest C., Benros C. & de Brevern A.G., Improvement of local protein structure prediction using evolutionary information coupled with SVMs. *20ème congrès de la Société Française de Biophysique*, Anglet (14-19 octobre 2006).

Encadrement de stagiaires

FOURRIER Laurent (janvier 2002 – juin 2002)
Licence de Physiologie Cellulaire - Université Saint-Quentin Versailles
Sujet: Description fine des boucles dans les structures protéiques.

1 publication dans BMC Bioinformatics.

SAOUD Soulef (mars 2002 – août 2002)
Maîtrise d'IUP spécialité bio-technologique et bio-industrie
Mention Génie Biologique et Informatique – Université d'Evry - Val d'Essone
Sujet: Développement d'un logiciel destiné à l'alignement des séquences de protéines transmembranaires intégrales dans le cadre de la modélisation par homologie

URBAIN Aurélie (janvier 2003 – mars 2003)
Licence d'IUP spécialité bio-technologique et bio-industrie
Mention Génie Biologique et Informatique – Université d'Evry - Val d'Essone
Sujet: Analyse de la relation séquence – structure des protéines transmembranaires

WONG Hua (novembre 2003 – juillet 2004)
Maîtrise de Biochimie - Université Paris VII
Sujet: Analyse fine d'un modèle structural de protéine transmembranaire

1 publication dans Biochem Biophys Acta

CHIUSA Sylvain (co-direction: Pr. C. Etchebest) (mars 2004 - juillet 2004)
Ingénieur Bioinformaticien
Sujet: Influence des homologies de séquence sur la prédiction d'un alphabet structural.
Travail effectué dans le cadre de l'Appel d'offre Bioinformatique inter EPST (2003-2004)

BARDIAUX Benjamin (co-direction: Pr. C. Etchebest) (mars 2004 - juillet 2004)
Ingénieur Bioinformaticien
Sujet: Analyse et prédiction de l'orientation des hélices des protéines transmembranaires.
Travail effectué dans le cadre de l'Appel d'offre Bioinformatique inter EPST (2003-2004)

URBAIN Aurélie (mars 2004 - septembre 2004)
Maîtrise d'IUP spécialité bio-technologique et bio-industrie
Mention Génie Biologique et Informatique – Université d'Evry - Val d'Essone
Sujet: Analyse de la relation séquence – structure des protéines transmembranaires
& Méthode d'évaluation de modèles 3D de protéines transmembranaires

GUILLEMOT Sylvain (co-direction: F. Delfaux - MEDIT SA) (mars 2004 - septembre 2004)
DESS Informatique et Applications aux Sciences de la Vie (IASV) - Université Paris V
Sujet: modélisation par homologie et *distance geometry*.

FOURRIER Laurent. (octobre 2004 – août 2005)
Sujet: Analyse des structures locales des protéines

PYLOUSTER Jean (février 2005 - juillet 2005)
Master de Biologie - Informatique (2^{ème} année) - Université Paris VII
Sujet: Analyse des protéines transmembranaires

CELTON Magalie (janvier 2006 - juin 2006)
Master d'IUP spécialité bio-technologique et bio-industrie (2^{ème} année) - Université Evry
Sujet: Données manquantes & méthodes de regroupement

MARTIN Juliette (co-direction: A.-C. Camproux) (janvier 2006 – juillet 2007)
Stage Post-doctoral
Sujet: Analyse et prédiction des porines / prédiction des structures tridimensionnelles des protéines globulaires

BORNOT Aurélie (février 2006 - juillet 2006)
Master de Biologie - Informatique (2^{ème} année) - Université Paris VII
Sujet: Analyse de la flexibilité des protéines

Co-encadrement de doctorants:

BENROS Cristina
avec le Pr. S. Hazout (octobre 2002 - septembre 2005)
Sujet: Analyse et prédiction des structures tridimensionnelles locales des protéines

*6 articles publiés (2 Proteins, 1 BMC Bioinformatics, 1 IEEE,
1 In Silico Biology, 1 J Biosc & 1 chapitre de livre).*

TYAGI Manoj
avec B. Offmann (LBGM, St-Denis de la Réunion) et N. Srinivasan (INTS, Bangalore, Inde)
(octobre 2003 - septembre 2006)
Sujet: Utilisation d'un alphabet structural dans la prédiction et l'alignement structural des protéines.

2 articles acceptés (Nucleic Acid Res & Proteins) et 2 en préparation

Encadrement de doctorants:

DOPPELT Olivia (décembre 2005 - décembre 2008)
Dans le cadre d'une bourse CIFRE avec MEDIT S.A. (F. Delfaut, PDG)
Sujet: Pipeline d'annotation fonctionnel.

Activités d'enseignement

Monitorat – UFR de Biologie 1998-2001
Université Denis Diderot (Paris 7)

ATER à l'université Paris VII (UFR Biochimie) 2001 - 2002
Unité INSERM U436 - Paris
Equipe de Bioinformatique Génomique et Moléculaire (Pr. Catherine Etchebest)
Nouvelles méthodes d'analyse et de prédiction des structures protéiques.
Modélisation moléculaire de la structure tridimensionnelle d'une protéine transmembranaire impliquée dans le paludisme.

Divers :

Représentant des moniteurs de Biologie au CIES Ile-de-France 1999-2001
Membre de la commission de spécialistes de l'Université de la réunion 2004-2005

Dans le cadre de mon monitorat (CIES d'Ile-de-France), j'ai effectué différents travaux dirigés, travaux pratiques et cours à des niveaux très variés (1^{ère} année de DEUG, Licence et DEA). Dans l'ensemble de mes enseignements, j'ai proposé des exercices pour les examens et j'assurais la correction d'une partie des copies.

En **DEUG SNV 1^{ère} année** (oct.98-jul.01), j'ai effectué les travaux dirigés de **Biostatistiques**. (2x25 heures). Cet enseignement est un cours introductif aux modèles probabilistes et aux méthodes statistiques en Biologie. La première partie de l'enseignement porte sur la théorie des probabilités (lois de Bernouilli, binomiale, de Poisson, hypergéométrique, exponentielle, normale,...) et un apprentissage de raisonnement probabiliste. La seconde phase montre la mise en place d'un test statistique pour déterminer la validité d'une expérience (nombre minimal d'observations à avoir, reproductibilité du résultat, puissance du test...).

En **Licence de Biochimie** (oct.98-jul.01), j'ai effectué les travaux dirigés et les travaux pratiques du module de **Bioinformatique – Analyse de Génomes** (2x25 heures de TD et 2x8 heures de TP). L'enseignement portait sur les connaissances de bases statistiques importantes en biologie (maximum de vraisemblance) et particulièrement en génomique (recherche des motifs répétés par la méthode de Karlin, processus Markovien et modèles d'évolution moléculaire). Ensuite, nous avons abordé les problèmes liés aux digestions enzymatiques puis différentes méthodes de phylogénie. Dans cette dernière phase, ont été vues les méthodes classiques UPGMA, Fitch et Margoliash, Neighbor-Joining et enfin la parcimonie. Les travaux pratiques ont porté sur l'utilisation de logiciels classiques de manipulation de séquence nucléique. Le but de l'expérience était de comprendre un résultat aberrant obtenu à partir de l'expression d'un gène par des moyens bioinformatiques. Les différentes étapes du TP révèle qu'il s'agit d'une insertion d'une base lors de l'expérience biologique ce qui a entraîné un décalage du cadre de lecture.

En **Licence de Biochimie** (oct.01-aou.02), j'ai effectué le TP de **Bioinformatique – Modélisation Moléculaire** du module de **Structure Protéique** (3x8 heures de TP). Il s'agit cette fois-ci de travailler sur une séquence issue du séquençage d'un nouvel organisme et de tenter de lui trouver une fonction. Il faut donc tout d'abord retrouver la séquence dans les banques de données, puis trouver un homologue ayant une structure connue et enfin comprendre par l'utilisation d'un logiciel de visualisation (1) l'architecture de la protéine, (2) son fonctionnement (elle lie un acide aminé et ainsi peut se complexer à l'ADN) et (3) voir si ce type de mécanisme est plausible pour la protéine d'intérêt.

En **Maîtrise de Biologie-Informatique** (oct.02-aou.03, oct.05-aou.06), j'ai mis au point avec le Pr. Serge Hazout, le nouveau module de Méthodes d'Optimisation et Apprentissage en Biologie, cours portant sur les techniques d'optimisation classique ainsi que sur les méthodes de classification et de réseaux neuronaux. J'y re participe cette année.

Dans le cadre du DEA "**Analyse de Génomes et Modélisation Moléculaire**" (DEA AGM2, double compétence Biologie-Informatique), en 1998, j'ai participé aux travaux pratiques de **programmation en langage C** (1 semaine) et aux travaux pratiques d'**analyse multivariée et classification non supervisée** (méthode statistique de regroupement, 4 heures).

Récapitulatif:

Matières	Types	Niveau	Année	Horaires (par année)
Biostatistiques	Travaux Dirigés	Premier cycle	1998-2001	2 x 25 h.
Bioinformatique (Analyse de Génomes)	Travaux Dirigés	Second cycle	1998-2001	2 x 25 h. + 8 h.
(Modélisation Moléculaire)	Travaux Pratiques	Second cycle	2001-2002	3 x 8 h
(Méthodes d'Optimisation et Apprentissage en Biologie)	Travaux Dirigés	Second cycle	2002-2003 2005-2006	30h
Structures des protéines (Univ. de la Réunion)	Travaux Pratiques	Second cycle	2003-2005	2h
DEA AGM2 / Master M2 (Programmation en langage C)	Cours	Second cycle	2003-2005	2h
(analyse multivariée)	Travaux Pratiques	Troisième cycle	1998-1999	1 semaine
(repliement <i>ab initio</i> / <i>new folds</i>)	Travaux Pratiques	Troisième cycle	1998-1999	4 h
(<i>threading</i>)	cours	Troisième cycle	2002-2006	4h
	cours	Troisième cycle	2005-2006	4h
(carte de Kohonen)	cours	Troisième cycle	1999-2006	4 h. 20 h
	Travaux Pratiques	Troisième cycle	1999-2006	4 h. 20 h
Formation Permanente	Travaux Pratiques	Formation Permanente	2001-2006	3 jours

Enfin dans le cadre de ce même DEA, depuis 1999, j'ai développé un cours portant sur les **réseaux de Kohonen** et **réseaux neuronaux non supervisés**. Il s'agit de méthodes simples que j'explique spécifiquement à des biologistes. Je leur donne donc les éléments théoriques essentiels et j'axe ce cours sur des exemples issus d'articles biologiques.

Ce cours a donné lieu à des projets personnels basés sur des articles scientifiques. Le but de ces projets est (1) de refaire les expériences décrites dans des articles par un développement informatique, (2) de tester différents paramètres propres à ces réseaux et (3) d'avoir un regard critique vis-à-vis des résultats. Les résultats obtenus sont d'ailleurs souvent plus que corrects. J'ai même contacté par courrier électronique G. Schneider l'auteur d'un des articles pour lui soumettre les résultats obtenus et il fut assez surpris de la qualité des résultats obtenus. Actuellement, la plupart des projets que je propose sont conçus pour les Masters 1^{ère} année (module MOAB).

Depuis novembre 2002, j'ai pu donner un cours portant sur le **repliement *ab initio*** des protéines et surtout développé les dernières approches de repliements *in silico* dites techniques ***new folds***. Depuis 2004, j'ai ajouté à ce cours un volet sur les techniques d'***enfilage*** (*threading*).

Par ailleurs, depuis 2002, je suis aussi dans les jurys de présentation d'articles ou de synthèse d'articles du Master 2^{ème} année, ainsi que dans le jury de mi-parcours de stage. En 2005, j'ai fait parti du jury d'évaluation des stages du Master 2^{ème} année.

Enfin, sous la direction du Professeur Etchebest, j'ai participé à la **Formation Permanente de Modélisation Moléculaire**. J'ai ainsi mis au point la trame du site web de cette formation (accessible à l'url suivante : <http://www.ebgm.jussieu.fr/TPFP/FP.html>). L'intérêt d'avoir mis en ligne les Travaux Pratiques de cette formation est double. Tout d'abord, cette formation étant basée fortement sur des sites web, l'ensemble des liens sont déjà présents, ce qui permet de gagner du temps. De plus, cette présentation interactive permet d'avoir immédiatement les corrections des exercices. Ce point est important pour comprendre les erreurs possibles et aussi lorsque les sites ne fonctionnent pas temporairement. Pour les logiciels installés localement, ce type de présentation permet, en outre, d'avoir un tutorial rapide et efficace. L'autre aspect primordial, pour les participants, est de pouvoir avoir accès après la formation à l'ensemble des informations des Travaux Pratiques, ainsi qu'à une liste assez exhaustive de liens de sites importants du domaine. L'ensemble des participants a particulièrement apprécié cette formation.

Service National

Service National au Laboratoire de Chimie Analytique du port de Brest	oct.96-jul.97
Enseigne de Vaisseau de 1 ^{ère} classe de réserve	
Médaille du Service Volontaire (échelon bronze)	2005

Compétences Informatique

module Programmation Orienté Objet (C.N.A.M.)	2001
module Algorithmique et Langages 2 (C.N.E.D.)	1996-1997
module Méthodes Informatiques en Biologie (U.P.M.C.)	1996

logiciels courants (Word, Excel, Powerpoint, StarOffice, Photoshop),
système d'exploitation Windows / Linux
logiciels statistiques Splus / R, modélisation moléculaire
programmation en C, Java, Fortan, langage script, html, TeX, notions PHP, MySQL.

logiciels écrits (en Java) : LocPred et TiMber.
sites web : www.ebgm.jussieu.jussieu.fr/~debrevn
langues : anglais - allemand (scolaire)