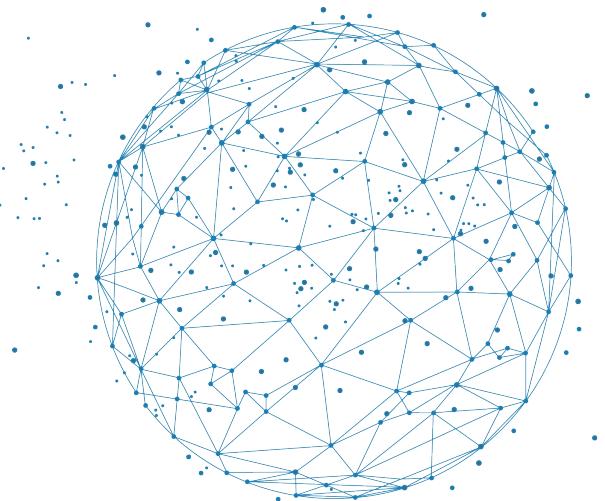




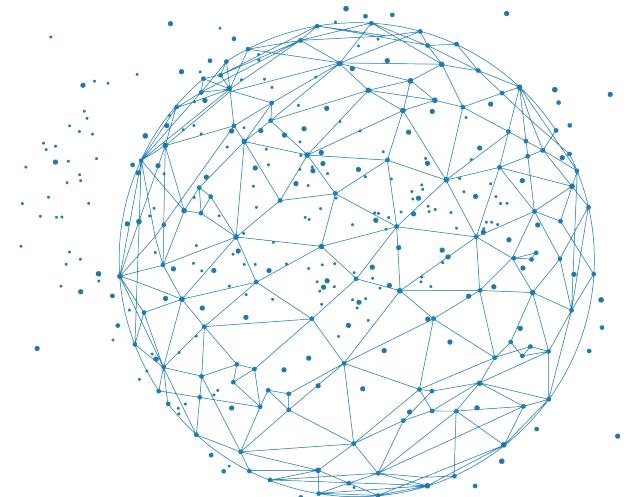
10-12 décembre 2025 - IDRIS -Orsay



AlphaFold et au delà

Modélisation de la structure 3D des protéines
avec des outils d'IA
AlphaFold & beyond: 3D Protein Structure
Modeling with AI Tools

Introduction



IFB – une fédération d'équipes et de plateformes

Missions

- Services
- Vision stratégique
- Représentation internationale (ELIXIR...)

36 plateformes et équipes associées

- En lien avec de nombreux instituts et universités

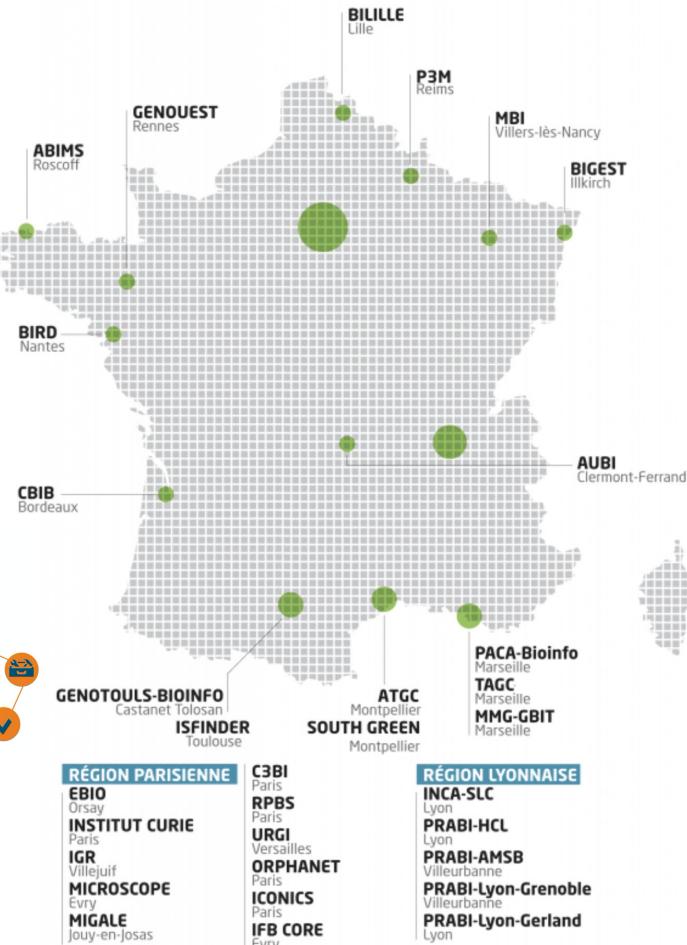
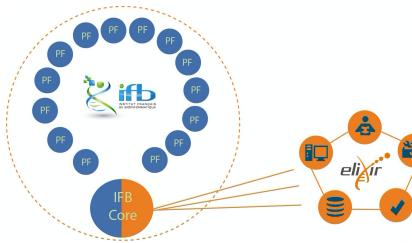
De nombreux services

- Calcul
- Stockage
- Formations
- Accompagnement de projets

IFB-core (UMS 3601)



~400 experts
(~200 ETPs)



Exemples de services, ressources, projets et actions de IFB



Une infrastructure numérique de calcul et stockage
(NNCR) avec des environnements reproductibles (>600 logiciels installés)



Un site communautaire d'entre-aide

👉 community.france-bioinformatique.fr

Un guichet d'orientation
👉 www.france-bioinformatique.fr/guichet-conseil-orientation/

Des ressources et en Science Ouverte



Des projets d'appui à la recherche



Des actions de formation

👉 www.france-bioinformatique.fr/formation



Les formations de l'IFB (coord. : H. Chiapello & O. Sand)



- Des formations régionales, nationales et internationales
- Un catalogue national des formations

👉 <https://www.ifb-elixir.fr/formations/>

- Des actions nationales
 - GT, bonnes pratiques de formation
 - mutualisation de matériel pédagogique (supports, workflows, jeux de données). ex : LMS moodle
 - un GT e-formation

👉 SandBox@IFB <https://sandboxbio.france-bioinformatique.fr/>

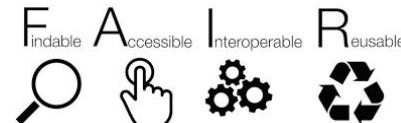
- Des nouvelles formations nationales
 - Thématiques émergentes, besoins partagés
 - Pour les bioinfos et les biologistes
 - Ex : ETBII, principes FAIR en bioinformatique et pour la gestion des données, IA en Sciences de la vie



👉 Moodle@IFB :

moodle.france-bioinformatique.fr/

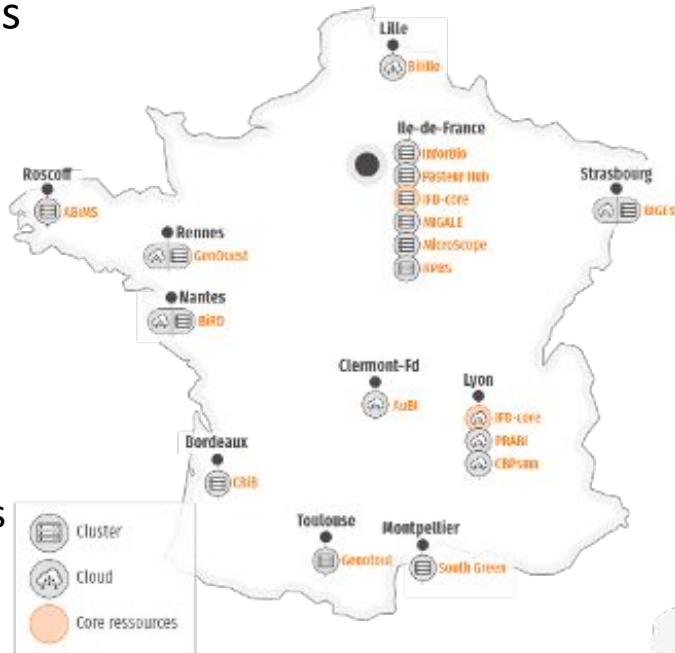
ex :





- Une Infrastructure Numérique Distribuée
 - Des technologies complémentaires : 14 clusters, 8 clouds
- Gestion par un réseau collaboratif d'équipes techniques
 - Par les ingénieurs des plateformes régionales et IFB-core
 - Partage des connaissances et des développements
 - Collaboration avec les centres de calcul nationaux et régionaux
- Stockage des données
 - Pour les besoins des projets
 - Pas de certification pour les données sensibles (HDS...)
 - Développements en cours pour des environnements virtuels de bulles sécurisées (PIA3 MUDIS4LS, PEPR Cloud4SAMS)

Total compute	Total storage	Total RAM	Total GPU
27896 ICPU HPC	15 TB	45 GB	44 KCard





- Coord. : Christophe Blanchet et Philippe Hupé
 - Partenaires : IFB-core, Institut Curie, IDRIS, CBPsmn, MétaGénoPolis...
 - 2 recrutements : Romuald Marin et Quentin Duvert
- Objectifs
 - Faciliter l'accès et l'usage des ressources HPC/AI/BigMem disponibles dans les centres de calcul nationaux (CNRS IDRIS).
 - Mettre en œuvre les environnements de recherches adaptés, et les ressources bioinformatiques utiles (outils et données).
 - Prototyper et évaluer les performances sur des centres de calcul intermédiaires (CBPsmn).
 - Former les scientifiques et les développeurs de logiciels bioinformatiques.
- Réalisations
 - Développement de use cases bioinformatiques, par exemple :
 - AFmassive/MassiveFold (collaboration UGSF/IFB/IDRIS), déployé sur Jean Zay et le cluster IFB-core
 - Evaluation de modèles LLM généralistes et spécialisés pour la génomique
 - Développement et déploiement de workflows pour des environnements HPC
 - Rédaction de guides à destination des biologistes et bioinformaticiens
 - Liste des ressources HPC/AI académiques, bonnes pratiques d'usage des GPUs...
 - Organisation de hackathons : IDRIS (jan. 2024), CBPsmn (nov. 2024)
 - Formation « AlphaFold et au delà » (déc. 2025)



EQUIPEX+ ANR-21-ESRE-0048



Mercredi 10 décembre 2025

14:00-14:30 Introduction, présentation des intervenants et formateurs

14:30-15:00 Présentation de l'Infrastructure Jean Zay

15:00-15:45 AlphaFold : principe et fonctionnalités

15h45-16h00 pause

16:00-16:30 Première utilisation de Jean Zay

16:30-17:00 Présentation de MassiveFold

Jeudi 11 décembre 2025

9:00-9:15 Warm up

9:15-11:15 Application de MassiveFold à une protéine monomère inconnue

11:15-11:30 pause

11:30-12:00 Visualisation des résultats avec ChimeraX

12:00-13:00 Application de MassiveFold à un complexe protéique (1/2)

13:00-14:15 Déjeuner (plateau repas sur place)

Visite en sous-groupes de Jean ZAY

14:15-15:15 Application de MassiveFold à un complexe protéique (2/2)

15:15-15:30 pause

15:30-17:30 Use case Ciblage d'interactions protéiques

Vendredi 12 décembre 2025

9:00-9:15 Warm up

9:15-10:45 Use case Echantillonnage massif

10h45-11h00 pause

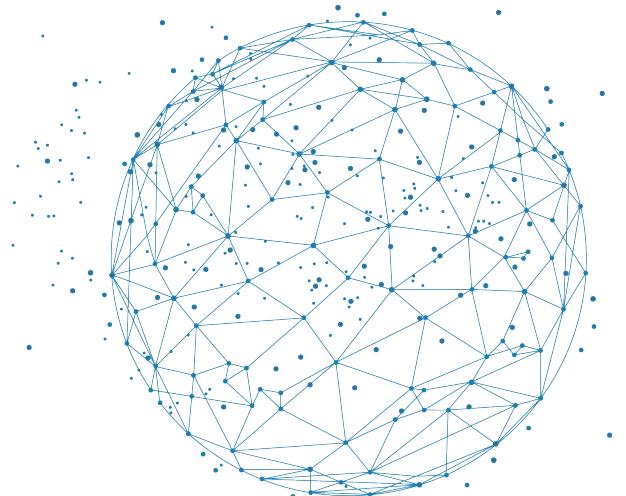
11h00-11h45 Échanges avec l'équipe pédagogique : réponses aux questions des apprenants et limites actuelles des outils

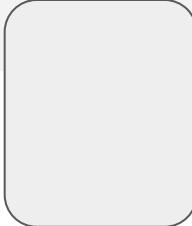
11h45-12h00 Conclusion et questionnaire final

Toutes les infos ici :

👉 <https://moodle.france-bioinformatique.fr/course/view.php?id=43>

Présentation de l' équipe pédagogique AlphaFold et au delà





- ORCID :
- Page Web :
- Institut :
- Équipes / GT :
- Ville :
- Compétences
- Interventions dans formation AlphaFold

A DUPLIQUER et REMPLIR

Hélène Chiapello

- ORCID : <https://orcid.org/0000-0001-5102-0632>
- Page Web : <https://cv.hal.science/helene-chiapello>

■ Institut :

- INRAE, unité MalAGE, département MICA
- Institut Français de Bioinformatique

■ Équipes / GT :

- Equipe INRAE StatInfOmics
- GT IFB Formation, e-formation

■ Ville :

- Jouy-en-Josas

■ Compétences

- Génomique et bioinformatique microbienne
- Phylogénie et phylogénomique
- Formation
- Science ouverte, principes FAIR, gestion de données

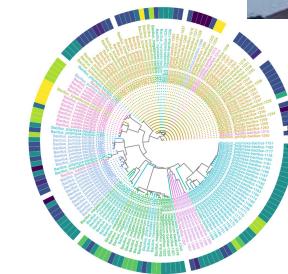
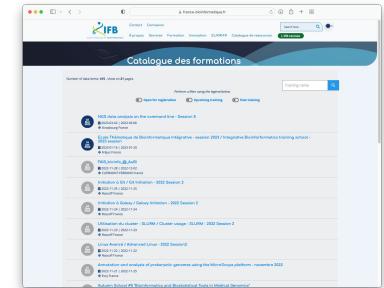
■ Interventions dans formation AlphaFold

- Organisation



INSTITUT FRANÇAIS DE BIOINFORMATIQUE

Science Ouverte et
principes FAIR



Chloé QUIGNOT

- ORCID : [0000-0001-8504-232X](https://orcid.org/0000-0001-8504-232X)
- Page Web : <https://bioi2.i2bc.paris-saclay.fr>
- Institut :
 - Institut de biologie cellulaire intégrative (I2BC)
- Équipes / GT :
 - BIOI2 (plateforme de bioinformatique)
- Ville :
 - Gif-sur-Yvette
- Compétences
 - Bash, Python, R, Snakemake, Slurm
 - Git, Apptainer
 - Bio struct, AlphaFold, AlphaScan/AlphaPulldown...
- Interventions dans formation AlphaFold
 - Helper/formateur ChimeraX + Use case “Criblage d’interactions protéiques”



Romuald MARIN

- ORCID : [https://orcid.org/0000-0002-1307-050X](#)
- Page Web : [https://www.prabi.fr/membre/romuald-marin](#)
- Institut :
 - Institut Français de Bioinformatique
 - Prabi AMSB
- Équipes / GT :
 - IFB-core
- Ville :
 - Lyon
- Compétences
 - Bash, Python, Javascript
 - Docker, GPU, IA
 - Développement
- Interventions dans formation AlphaFold
 - Helper



Raphael Guerois

■ ORCID : <https://orcid.org/0000-0001-5294-2858>

■ Page Web : <https://bioi2.i2bc.paris-saclay.fr/>

■ Institut :

- CEA, CNRS, Univ. Paris-Saclay, unité I2BC

■ Équipes / GT :

- Equipe AMIG I2BC
- Plateforme BIOI2, I2BC

■ Ville :

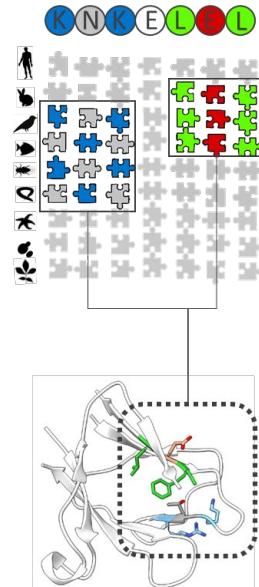
- Gif-sur-Yvette

■ Compétences

- Bioinformatique structurale
- Réseaux d'interaction
- Evolution moléculaire
- Design moléculaire

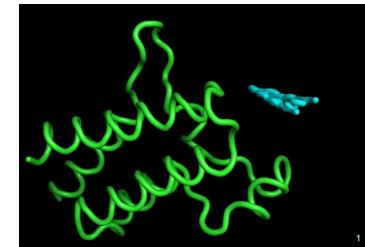
■ Interventions dans formation AlphaFold

- Helper/formateur ChimeraX + Use case
“Criblage d'interactions protéiques”



Baptiste Roelens

- ORCID : [0000-0003-0118-0229](https://orcid.org/0000-0003-0118-0229)
- Page Web : <https://bioi2.i2bc.paris-saclay.fr>
- Institut :
 - Institut de biologie cellulaire intégrative (I2BC)
- Équipes / GT :
 - BIOI2 (plateforme de bioinformatique)
- Ville :
 - Gif-sur-Yvette
- Compétences
 - Bash, Python, Snakemake, Slurm
 - Git, apptainer
 - Bio structurale prédictive et générative:
AlphaFold, RFDiffusion, ProteinMPNN
- Interventions dans formation AlphaFold
 - Helper/formateur ChimeraX + Use case “Criblage d’interactions protéiques”



Thibault Tubiana

■ ORCID : 0000-0002-6490-4602

■ Page Web : tubiana.github.io

■ Institut :

- Institut de biologie cellulaire intégrative (I2BC)

■ Équipes / GT :

- IMAPP

■ Ville :

- Gif-sur-Yvette

■ Compétences

- Python, bash

- Modélisation Moléculaire AlphaFold & co, Boltz

- Simulation de dynamique moléculaire

- Protéines virales

- Screening / Docking.

■ Interventions dans formation AlphaFold

- Helper / Formateur visualisation & ChimeraX.



Sylvain Marthey



■ ORCID : <https://orcid.org/0009-0008-5253-473X>

■ Institut :

- INRAE, unité MaIAGE

■ Équipes / GT :

- Equipe INRAE StatInfOomics

■ Ville :

- Jouy-en-Josas

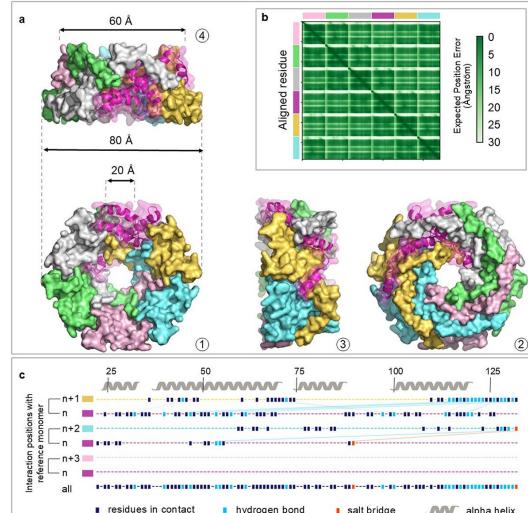
■ Compétences

- Conception développement workflows d'analyse
- Conception et développement d'application web et d'outils de visualisation
- Génomique / Protéomique / Bioinfo Structurale
- Python / Perl / Bash / Awk / Javascript / sge / slurm / Snakemake / Conda / Module / ...
- AlphaFold / Pymol / Pisa / FoldSeek
- Formation

■ Interventions dans formation AlphaFold

- Helper

Predicted hexameric structure of MAM-ΔLP



Vilela Rodrigues, et al. (2025). Gut Microbes

migale  MaIAGE 

Migale Bioinformatics Facility
We provide several services for scientists to deal with life sciences data

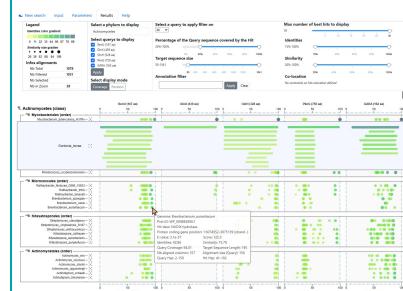
Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2026
Module 19 - 28 et 29 mai 2026

Modélisation *in silico* de structures 3D de protéines. Prédiction de mutations, de fixation de ligands

Genaëlle André & Sylvain Marthey

Théorie 20 % - Pratique 80 % - 10 stagiaires par session¹ - 1 poste informatique par stagiaire

WHOPPER Web application for Hands-On identification of Proteins co-occurrence among Phyla, focused on user ERgonomics



Marthey et al (2025). BioRxiv

 28 & 29 mai 2026
Jouy-en-Josas

Philippe Hupé



- ORCID : 0000-0001-8468-3424
- Page Web : <https://curie.fr/plateforme/curiecoretech-bioinformatique-cubic>
- Institut :
 - Institut Curie U1331
- Équipes / GT :
 - CUBIC (plateforme de bioinformatique)
- Ville :
 - Paris
- Compétences
 - Gestion de données FAIR
 - Bash, Python, Nextflow, Slurm
 - apptainer, git
 - Informatique, Bioinformatique
 - HPC
- Interventions dans formation AlphaFold
 - Helper



Frédéric Jarlier



■ ORCID : [0000-0002-8690-7898](https://orcid.org/0000-0002-8690-7898)

■ Page Web :

■ Institut :

□ Institut Curie U1331

■ Équipes / GT :

□ CUBIC (plateforme de bioinformatique)

■ Ville :

□ Paris

■ Compétences

□ Bash, Python, Nextflow, Slurm

□ apptainer, git

□ Informatique, Bioinformatique

■ Interventions dans formation AlphaFold

□ Helper ChimeraX + AlphaFold + AFM



INSTITUT FRANÇAIS DE BIOINFORMATIQUE

Duvert Quentin

- ORCID : [https://orcid.org/0000-0002-1393-200X](#)
- Page Web : [https://quentinduvert.com](#)
- Instituts :
 - Institut Curie
 - Institut Français de Bioinformatique
- Équipe :
 - Plateforme de bioinformatique de l’Institut Curie
- Ville :
 - Paris
- Compétences
 - Nextflow
 - Git
 - Singularity apptainer
 - Slurm
- Interventions
 - helper



Samuel Murail

■ ORCID : <https://orcid.org/0000-0002-3842-5333>

■ Page Web :

<https://samuelmurail.github.io/PersonalPage/>

■ Institut :

□ Université Paris Cité

■ Équipes / GT :

□ TPM2PI (Peptides Thérapeutiques: Modulation des Interactions Protéine-Protéine)

□ Plateforme RPBS

■ Ville :

□ Paris

■ Compétences

□ Simulation de DM

□ Bioinformatique structurale

□ Web Server

□ Programmation

■ Interventions dans formation AlphaFold

□ Helper/formateur

Inserm
La science pour la santé
From science to health

RPBS
Ressource Parisienne en BioInformatique Structurale

BIOLOGIE
Fonctionnelle &
Adaptative

Services
RPBS-IFB
RPBS-ChemBioFrance
Technologies
Cloud computing Hébergement de matériel propriétaires
AlphaFold 2 - ColabFold
MTOpenScreen
docker

AlphaFold Analysis

Melting temperature

Structural space exploration

Hierarchical Cluster Dendrogram VH_VL_MH02-p105

PC1 vs PC2 - VH_VL_MH02-p105

Nessim Raouraoua

■ ORCID : [0009-0005-5652-684X](#)

■ Institut :

- Université de Lille

■ Équipes / GT :

- UGSF: Unité de Glycobiologie structurale et fonctionnelle

■ Ville :

- Villeneuve-d'Ascq

■ Compétences

- Bioinformatique structurale
- Programmation
- Calcul

■ Interventions dans formation AlphaFold

- Formateur MassiveFold
- Helper

MASSIVEFOLD



Guillaume Brysbaert



■ ORCID : [0000-0002-6807-6621](https://orcid.org/0000-0002-6807-6621)

■ Page Web :

<https://scholar.google.fr/citations?user=gEgkBFkAAAAJ&hl=fr&oi=ao>

■ Institut :

- CNRS

■ Équipes / GT :

- UGSF: Unité de Glycobiologie structurale et fonctionnelle - Equipe BIND
- Plate-forme Bilille

■ Ville :

- Villeneuve-d'Ascq

■ Compétences

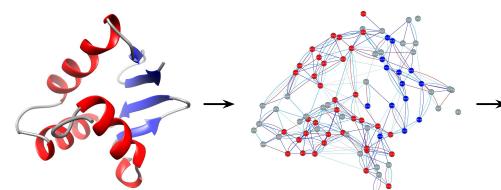
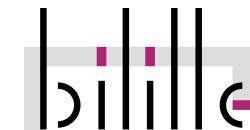
- Bioinformatique structurale
- Réseaux biologiques
- Calcul

■ Interventions dans formation AlphaFold

- Formateur MassiveFold

MASSIVEFOLD

Université
de Lille



Christophe Blanchet



Institut :

- CNRS, Institut Français de Bioinformatique

Équipes / GT :

- Equipe Cloud IFB-core / PRABI-AMSB
- GT IFB M1. Calcul Et Stockage
- MUDIS4LS WP2 & WP4
- Cloud4SAMS WP3

Ville :

- Villeurbanne

Compétences

- Bioinformatique
- Calcul scientifique et infrastructure distribuée
- Infrastructures cloud et HPC/IA
- Intégration d'applications bioinformatiques

Interventions dans formation AlphaFold

- Organisateur et formateur



Support - [fr] Se connecter

RainBio - Appliances bioinformatiques dans le cloud

Catalogue des appliances bioinformatiques dans le cloud, filtrez-les en utilisant les termes présents dans l'ontologie EDAM, ou en langage naturel.

App Store (62) Appliances Outils Topics

Analytique

- R - base, R - tidyverse, Shiny, Web interface
- Biomarkers, Oncology, W

BatchComparativeGenomics

- ImageJ2, Jupyter, MACS2, Ma
- FastQC, Nextflow, pandas, Prekka
- Imaging, Mathematics, Statist

Cytoscope

- Blusens virtuel, Cytoscope, X2
- Gro, XFCE
- Bioinformatics, Data visu

EBAME-Anvio

- Genomics, Omics, Metageno
- Proteins, Immunology, Transcri

formation_CIRI

- DESeq2, FastQC, HISAT2, RSE
- FastQC, TrimGAL

Formation_LBBE-NGS 2024

- BEDTools, Biocductor, DES
- eq2, HISAT2, IGV - Integrative Ge

frangipane

- AllySS, biopython, BWA, CD
- HIT, Docker, Jupyter, python3, S

génomique_environnement

- Bioconductor, BLAST, Bioinf
- 2, Cutadapt, FastQC, HMMER, R

integron_finder

- HMMER, Infernal, prodigal

ateliersUJAR2AD

- FastQC, SPades

CoursAnalysesNanoporeSG

- bandage, Jupyter

Domics

- Bioconductor, DESeq2, DRomi
- c, R - base, RStudio, Shiny

DomicsInterpreter

- Bioconductor, DESeq2, DRomi
- c, R - base, RStudio, Shiny

ETBI Reseaux

- BioDyale, Bureau vir
- tual, compositions, R, Cytoprot

Transcriptomics, Séquenc

- Sequencing, Chip-seq, Molecul
- ar biology, Data architecture, D

Literature and language, Trans

- criptomics, Sequence a

Transcriptomics, Séquenc

- Sequencing, Chip-seq, Molecul
- ar biology, Data architecture, D

Jupyter

- Julia, Jupyter, R - base