Application BASTRI
Fiches Equipes

BEAGLE (SR0569CR)

Artificial Evolution and Computational Biology
BEAGLE (SR0462ZR) BEAGLE AISTROSIGHT (SR0933ZR)

Statut: Décision signée

Responsable : Guillaume Beslon

Mots-clés de "A - Thèmes de recherche en Sciences du numérique - 2023" : A3.3.2. Fouille de données , A6.1.1. Modélisation continue (EDP, EDO) , A6.1.3. Modélisation discrete (multi-agent, individus centrés) , A6.1.4. Modélisation multiéchelle , A6.2.7. HPC , A8.1. Mathématiques discrètes, combinatoire

Mots-clés de "B - Autres sciences et domaines d'application - 2023" : B1.1.2. Biologie moléculaire et cellulaire , B1.1.6. Biologie évolutive , B1.1.7. Biologie computationnelle , B1.1.10. Biologie des systèmes et biologie synthétique , B1.1.11. Biologie végétale , B3.5. Agronomie , B3.6. Ecologie , B9.2.1. Musique, sons , B9.2.4. Théatre , B9.9. Ethique

Domaine : Santé, biologie et planète numériques
Thème : Biologie numérique

Période : 01/01/2013 -> 31/12/2024
Dates d'évaluation : 17/10/2013 , 11/10/2017 , 15/05/2022

Etablissement(s) de rattachement : INSA LYON, U. LYON 1 (UCBL), CNRS
Laboratoire(s) partenaire(s) : LIRIS (UMR5205)

CRI : Centre Inria de Lyon
Localisation : Centre de recherche Inria de Lyon
Code structure Inria : 121014-0

Numéro RNSR : 201120997E
N° de structure Inria: SR0569CR

Présentation

La recherche de Beagle concerne la biologie computationnelle et l'évolution artificielle (génétique numérique). Nous nous positionnons à l'interface entre l'informatique et les sciences du vivant afin de produire de nouvelles connaissances en biologie par le biais de la modélisation et la simulation. En d'autre termes, nous réalisons des artéfacts - du Latin artis factum (une entité créée par l'homme plutôt que par la nature) - et nous les explorons de façon à comprendre la nature. Notre recherche est donc basée sur une stratégie interdisciplinaire : nous développons des formalismes informatiques et des outils logiciels pour la modélisation de systèmes complexes en synergie avec différentes équipes de biologie avec lesquelles nous entretenons des liens étroits. Cette approche, relevant des "sciences numériques" (ou sciences computationnelles) nous permet d'étudier des abstractions de systèmes ou processus biologiques afin de mettre au jour les principes organisationnels des systèmes cellulaires dans une logique de biologie des systèmes.

Axes de recherche

L'activité scientifique de Beagle se concentre sur deux points clés de l'organisation des systèmes biologiques :

- La "Biologie Cellulaire Computationnelle". Nous développons des modèles spatio-temporels de la cellule et de ses constituants moléculaires. Plus précisément, nous étudions les interactions complexes entre les processus de diffusion et de réaction lorsque le milieu n'est pas homogène ou lorsque le nombre de molécules impliqué est trop faible pour permettre les approximations classiques d'homogénéité. Nous nous concentrons en particulier sur les conséquences induites sur les réseaux de signalisation et sur la dynamique de transcription (stochasticité, régulation, ...). Dans ce domaine, nous essayons de travailler systématiquement en lien avec des équipes de biologie expérimentales avec lesquelles nous développons des collaborations étroites.
- Modélisation de l'évolution. Afin de mieux comprendre les structures cellulaires observées dans les organismes vivants (organisation des génomes, des réseaux de transcription ou des voies de signalisation),

Contact

- **Responsable :** Guillaume Beslon
- **Tél :** +3.3 .(0.)4. 7.2 .43. 7.4 .94
- **Secrétariat Tél :** + 3.3 .(0.)4. 7.2 .43. 6.4 .04

En savoir plus

- Site de l'équipe
- Site sur inria.fr
- Site du responsable
- Derniers Rapports d'Activité : 2015 , 2016 , 2017 , 2018 , 2019 , 2020 , 2021 , 2022 , 2023

Documents sur la structure

- Intranet
- Privés

Décisions

- 9242 (19/02/2013) : création
- 10210 (20/10/2014) : prolongation
- 13243 (10/12/2018) : prolongation
- 15193 (14/09/2022) : prolongation
- 16554 (31/10/2023) : prolongation

Localisation

- **Adresse postale :** Centre de recherche Inria de Lyon Bâtiment CEI-2 56,Boulevard Niels Bohr CS 52132 69603 Villeurbanne France
- **Coordonnées GPS :** 45.786253, 4.879797

nous proposons d'étudier, via la modélisation, leurs origines historiques ; en d'autres termes, leur évolution. Nous développons des modèles individu-centrés de l'évolution ("évolution expérimentale *in silico*) qui nous permettent d'étudier comment ces structures sont influencées par les conditions évolutives (taille de la population efficace, taux de mutation, variations environnementales, ...). Nous nous concentrons en particulier sur l'identification de pressions dites de "second ordre" telles que les pressions pour la robustesse, la variabilité ou l'évolvabilite. Là encore, nous cherchons systématiquement à comparer nos résultats avec les structures observées sur les organismes réels. Pour cela, nous faisons appel et, lorsque c'est nécessaire, développons, des outils de bioinformatique permettant de reconstruire les dynamiques évolutives à partir des génomes disponibles dans les bases de données. Nous nous rapprochons aussi des équipes de biologie expérimentale in vivo>/it>, ce qui nous permet de comparer les dynamiques réelles et simulées.

Ces deux thématiques sont totalement complémentaires puisque si, aux échelles de temps courtes, les systèmes biologiques sont contraints par les propriétés physiques de leur substrat moléculaire, ils sont aussi contraints par leur histoire évolutive qui, elle, se développe sur des temps longs. L'étude parallèles des deux échelles de temps - et, éventuellement, de leurs interactions - nous permet d'adopter un point de vue global sur les origines de l'organisation des systèmes biologiques.

Relations industrielles et internationales