Application BASTRI

Fiches Equipes

DYLISS (SR0589KR)

Dynamics, Logics and Inference for biological Systems and Sequences
DYLISS (SR0506PR) DYLISS

Statut: Décision signée

Responsable : Olivier Dameron

Mots-clés de "A - Thèmes de recherche en Sciences du numérique - 2023" : A3.1.1. Modélisation, représentation , A3.1.2. Gestion, interrogation et stockage , A3.1.7. Données ouvertes , A3.1.10. Données hétérogènes , A3.2.3. Inférence , A3.2.4. Web sémantique , A3.2.5. Ontologies , A3.2.6. Données liées , A3.3.3. Analyse de données massives , A7.2. Logique , A8.1. Mathématiques discrètes, combinatoire , A8.2. Optimisation , A9.1. Connaissances , A9.2. Apprentissage , A9.7. Algorithmique de l'intelligence artificielle , A9.8. Raisonnement

Mots-clés de "B - Autres sciences et domaines d'application - 2023" : B1.1.2. Biologie moléculaire et cellulaire , B1.1.7. Biologie computationnelle , B1.1.10. Biologie des systèmes et biologie synthétique , B2.2.3. Cancer , B2.2.5. Maladies du système immunitaire

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

Période : 01/07/2013 -> 30/06/2025
Dates d'évaluation : 11/10/2017 , 15/05/2022

Etablissement(s) de rattachement : CNRS, U. RENNES
Laboratoire(s) partenaire(s) : IRISA (UMR6074)

CRI : Centre Inria de l'Université de Rennes
Localisation : Centre Inria de l'Université de Rennes
Code structure Inria : 031106-1

Numéro RNSR : 201221035S
N° de structure Inria: SR0589KR

Présentation

Le but du projet est de modéliser les acteurs clés de processus d'adaptation biologiques, en utilisant des systèmes formels pour structurer et combiner les informations issues de données génomiques et physiologiques. Le but de ces approches s'appuyant sur des connaissances est de gagner en sensibilité et en expressivité pour l'identification de régulateurs clés, *via* une abstraction discrète et structurée de l'information génomique et physiologique. Les méthodes combinent de l'intégration de données avec de la programmation logique par contraintes (pour identifier les spécificités génomiques et physiologiques des espèces étudiées), l'analyse de séquences biologiques avec des langages formels et de l'apprentissage grammatical (visant la caractérisation fine des acteurs dans les séquences génomiques), la modélisation dynamique à l'aide d'approches symboliques (pour quantifier l'impact de l'environnement sur le système), et les technologies du Web Sémantique pour structurer et explorer les données et les connaissances.

Axes de recherche

D'un point de vue applicatif, la principale question est de combler les lacunes de connaissances sur les organismes étudiés, en s'appuyant sur l'information disponible pour les espèces modèles et en tirant partie des observations sur la réponse physiologique des organismes. L'information génomique est vue comme un texte structuré, dont les principales caractéristiques sont caractérisées par des méthodes d'apprentissage grammatical. Les structures génomiques vérifiant ces propriétés sont ensuite caractérisées et identifiées dans des génomes complets à l'aide de langages formels dédiés. Les observations à l'échelle physiologique sont considérées comme des indices sur les spécificités des organismes étudiées, qui sont exploitées dans un cadre de programmation logique, de dynamique symbolique, et de fouille de données.

Relations industrielles et internationales

Nos travaux en programmation logique sont développés en étroite collaboration

Contact

- **Responsable :** Olivier Dameron
- **Tél :** 02.99.84.74.46
- **Secrétariat Tél :** 02.99.84.74.03

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

- 9607 (10/09/2013) : création
- 13243 (10/12/2018) : prolongation
- 13558 (15/04/2019) : cessation du responsable
- 13560 (15/04/2019) : nomination responsable
- 15193 (14/09/2022) : prolongation
- 16554 (31/10/2023) : prolongation

Localisation

- **Adresse postale :** Centre Inria de l'Université de Rennes 263, avenue du Général Leclerc Campus universitaire de Beaulieu 35042 Rennes Cedex France
- **Coordonnées GPS :** 48.116, -1.64

avec l'équipe "Processing and Information systems" de T. Schaub à l'université de Potsdam (co-encadrement d'étudiants). L'étude de réseaux de signalisation est faite en étroite collaboration avec le groupe de J. Saez-Rodriguez à Aachen (Allemagne) et C. Guziolowski (Irccyn, Nantes). Les questions dynamiques sont étudiées avec un groupes de collaborateurs français (ANR Biotempo) et avec le CMM à l'université du Chili (Centre Inria au Chili - CIRIC). Les applications visent la biologie marine et environnementale, en s'appuyant sur des collaborations à long-terme : Station biologique de Roscoff (biologie marie, projet Investissement d'avenir IDEALG, Oursins), Center for Genome Regulation in Chile (microbiologie environnementale, ligne de recherche "omique" du centre CIRIC), INRA Rennes (biologie environnementale, ANR FatInteger and MirnAdapt), INSERM-IRSET Rennes (toxicologie, mécanismes impliqués dans la fibrose, Projet ANSES et plan Cancer TGFsysbio).