

Application BASTRI

Fiches Equipes

HELIX (SR0008PR)

Informatique et génomique

SHERPA (SR0291MR) □ HELIX □ BAMBOO (SR0323ER)

Statut: Terminée

Responsable : Alain Viari

Mots-clés de "A - Thèmes de recherche en Sciences du numérique - 2024" : *Aucun mot-clé.*

Mots-clés de "B - Autres sciences et domaines d'application - 2024" : *Aucun mot-clé.*

Domaine : STIC pour les sciences de la vie et de l'environnement
Thème : Biologie numérique et bioinformatique

Période : 07/05/2001 -> 31/12/2008

Dates d'évaluation :

Etablissement(s) de rattachement : U. LYON 1 (UCBL), CNRS
Laboratoire(s) partenaire(s) : LBBE (UMR5558)

CRI : Centre Inria de l'Université Grenoble Alpes

Localisation : Centre de recherche Inria de l'Université Grenoble Alpes

Code structure Inria : 071012-0

CRI : Centre Inria de Lyon

Localisation : Université Claude Bernard Lyon 1 - Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive (LBBE)

Code structure Inria : 0

Numéro RNSR : 200118258W

N° de structure Inria: SR0008PR

Présentation

L'équipe-projet HELIX est localisée à Grenoble (Montbonnot) et à Lyon (Villeurbanne), où elle associe l'équipe " Biométrie moléculaire, évolution et structure des génomes " au sein de l'UMR (CNRS - Université Claude Bernard) " Biométrie et biologie évolutive ".

Les objectifs de l'équipe-projet HELIX sont de concevoir et de développer des méthodes et des outils de modélisation et d'analyse des données génomiques. Ces données sont d'abord des séquences, mais également d'autres données expérimentales de diverses natures. Dans tous les cas, les activités de recherche sont dictées par la problématique biologique, et les résultats, sous la forme d'algorithmes et de systèmes, sont évalués à travers leur pertinence en informatique et en biologie.

Axes de recherche

Analyse de séquences. L'objectif est de concevoir des algorithmes à la fois efficaces et pertinents de recherche et d'appariement de motifs dans des séquences génomiques ou protéiques. Sur ce thème, l'équipe-projet participe au développement d'un environnement didactique de bioinformatique.

Génomique comparative. Le principe est de compléter les connaissances sur le génome d'une espèce à partir des informations disponibles sur d'autres espèces, en bénéficiant de la conservation de certaines propriétés, telles que l'ordre ou l'association des gènes. La connaissance des relations phylogénétiques est ici prépondérante.

Modélisation et simulation des réseaux de régulation génique.

L'insuffisance de données conduit à expérimenter des méthodes qualitatives.

Intégration de données génomiques et post-génomiques. Des modèles associant la description de classes d'objets et de leurs relations permettent le développement de bases de connaissances intégrant plusieurs niveaux biologiques, des gènes au métabolisme.

Extraction d'informations à partir de textes. La littérature scientifique reste une source importante de données, qu'il est possible de chercher et d'extraire par des démarches associant des techniques de linguistique

Contact

- **Responsable :** Alain Viari
- **Tél :** 04.76.61.54.74
- **Secrétariat Tél :** 04.76.61.53.63

En savoir plus

- Site de l'équipe
- Site sur inria.fr
- Derniers Rapports d'Activité :

Documents sur la structure

- [Intranet](#)
- [Privés](#)

Décisions

- **5093** (24/08/2006) : prolongation
- **6563** (06/02/2009) : fermeture
- **3000** (07/05/2001) : création
- **4394** (15/12/2004) : nomination responsable

Localisation

- **Adresse postale :** Centre de recherche Inria de l'Université Grenoble Alpes Inovallée 655 Avenue de l'Europe - CS 90051 38334 Montbonnot CEDEX France
- **Coordonnées GPS :** 45.218, 5.807

computationnelle et de représentation des connaissances.

Relations industrielles et internationales

- Association avec l'équipe SwissProt, du " Swiss Institute of Bioinformatics " (SIB) à Genève
- Participation au programme ESF (European Science Foundation) " Integrated Approaches to Functional Genomics "
- Sociétés Génome Express (Grenoble) et Hybrigenics (Paris), dans le cadre du consortium GénoStar, qui associe également l'Institut Pasteur (Paris). Ce consortium vise le développement d'un environnement modulaire de génomique exploratoire.
- Génoplante
- Centre de Recherche Européen de Xerox (XRCE)