Application BASTRI
Fiches Equipes

SEQUOIA (SR0031AR)

Algorithmes pour analyse à grande échelle de séquences biologiques
SEQUOIA SEQUOIA2 (SR0422XR)

Statut: Terminée

Responsable : Grigory Koutcherov

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 : 01/07/2007 -> 31/12/2009
Dates d'évaluation : 08/10/2009

Etablissement(s) de rattachement : U. LILLE 1 (USTL), CNRS, U. LILLE 3 (UCDG)
Laboratoire(s) partenaire(s) : LIFL (UMR8022)

CRI : Centre Inria de l'Université de Lille
Localisation : Centre Inria de l'Université de Lille
Code structure Inria : 101020-0

Numéro RNSR : 200718280U
N° de structure Inria: SR0031AR

Présentation

Depuis une quinzaine d'années, la bioinformatique a connu une progression remarquable et est devenu un domaine de recherche riche et très actif. Cette évolution est intimement liée au développement spectaculaire des technologies de séquençage qui a abouti à un grand volume disponible de données de séquences, ainsi qu'à l'avènement de nouvelles technologies en génomique et protéomique (puces à ADN pour l'analyse d'expression de gènes, spectrométrie de masse, ...). En outre, des découvertes récentes en biologie moléculaire, telles que la révision du rôle des ARN non-codants, ont posé de nouveaux défis à la bioinformatique. Alors que la bioinformatique moderne emploie des modèles et méthodes mathématiques très divers, l'analyse de séquences reste sa composante centrale.

L'objectif principal de notre équipe-projet est de définir des modèles appropriés et des méthodes efficaces pour l'analyse à grande échelle de séquences biologiques. L'accent est mis sur l'annotation de régions non-codantes - gènes à ARN et séquences régulatrices - à l'aide de méthodes de génomique comparative. Nous travaillons également sur l'analyse de séquences protéiques ainsi que sur le traitement informatique de peptides non-ribosomiaux. Une attention particulière est portée au développement de logiciels opérationnels, leur validation sur les données biologiques et leur mise à dispositin publique. La plupart des projets de recherches proposés est effectué en collaboration avec des biologistes.

Axes de recherche

- Similarité de séquences et séquences répétées
- Analyse d'ARN non-codants
- Analyse de séquences cis-régulatrices
- Analyse à grande échelle de régions non-codantes
- Analyse de peptides non-ribosomaux
- Analyse de séquences protéiques

Logiciels

- Bioinformatics software server

Relations industrielles et internationales

- *Collaborations locales* : UMR 8161 (Institut de Biologie de Lille, CNRS -

Contact

- **Responsable :** Grigory Koutcherov
- **Tél :** 03.59.57.79.16
- **Secrétariat Tél :** 03.59.57.78.37

En savoir plus

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

Documents sur la structure

- Intranet
- Privés

Décisions

- 5808 (25/09/2007) : création
- 6252 (30/09/2008) : changement de rattachement
- 6675 (31/03/2009) : cessation du responsable
- 6676 (31/03/2009) : nomination responsable
- 7014 (16/12/2009) : fermeture

Localisation

- **Adresse postale :** Centre Inria de l'Université de Lille Parc Scientifique de la Haute Borne 40, avenue Halley Bât.A, Park Plaza 59650 Villeneuve d'Ascq France
- **Coordonnées GPS :** 50.606, 3.149

Institut Pasteur de Lille - Université Lille 1 - Université Lille 2), laboratoire ProBioGem, IRI

- *Projets nationaux* : ANR "Brasero", ARC INRIA "Flash", projet Inter-Génopole, GDR Bioinformatique Moléculaire, GDR Informatique Mathématique
- *Collaborations internationales* : Université de Varsovie (projet Polonium), Institut Russe de Problèmes Mathématique en Biologie (projet ECO-NET), Université Libre de Bruxelles, Université de Montréal, Université de Haifa, Université de Moscou, Université de Boston