

# Application BASTRI

## Fiches Equipes

### DYLISS (SR0506PR)

Dynamics, Logics and Inference for biological Systems and Sequences  
DYLISS □ DYLISS (SR0589KR)

**Statut:** Terminée

**Responsable :** Anne Siegel

**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 :** 01/01/2012 -> 31/12/2013

**Dates d'évaluation :**

**Etablissement(s) de rattachement :** CNRS, U. RENNES 1  
**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 :** 031106-0

**Numéro RNSR :** 201221035S  
**N° de structure Inria:** SR0506PR

### Présentation

Le but du projet est de modéliser les acteurs clés de processus d'adaptation biologiques, en utilisant des systèmes formelles pour structurer et combiner les informations issues de données génomiques et physiologiques. Nos méthodes formelles visent à identifier et quantifier les rôles respectifs des régulations génétiques et des influences de l'environnement sur une cellule en réponse à une perturbation externe. 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. En particulier, les abstractions complexes permettent de s'intéresser à des organismes non-modèles pour lesquelles les perturbations génétiques sont délicates à réaliser et rendent les approches probabilistes du domaine moins efficaces. 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), et de la modélisation dynamique à l'aide d'approches symboliques (pour quantifier l'impact de l'environnement sur le système).

### Axes de recherche

D'un point de vue applicatif, la principale question est de combler les lacunes de connaissances sur les organismes étudiés (non modèles), en s'appuyant sur l'information disponible pour les espèces modèles (cousines éloignées), 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 et de dynamique symbolique.

### Relations industrielles et internationales

Nos travaux en programmation logique sont développés en étroite collaboration avec l'équipe "Processing and Information systems" de T. Schaub à l'université de Potsdam (Financement Egide, co-encadrement d'étudiants). Les questions d'apprentissage et de compression font l'objet de collaboration avec le "Grupo de Procesamiento de Lenguaje Natural" of Córdoba en Argentina (programme Inria/MynCit). Les questions dynamiques sont étudiées avec un groupes de

### Contact

- **Responsable :** Anne Siegel
- **Tél :** 02.99.84.74.48
- **Secrétariat Tél :** 02.99.84.74.03

### En savoir plus

- Site de l'équipe
- Site sur [inria.fr](http://inria.fr)
- Site du [responsable](#)
- Derniers Rapports d'Activité : [2016](#), [2017](#), [2018](#), [2019](#), [2020](#), [2021](#), [2022](#), [2023](#)

### Documents sur la structure

- [Intranet](#)
- [Privés](#)

### Décisions

- [8409](#) (12/01/2012) : création
- [9024](#) (06/12/2012) : 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

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 marine, 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 Rennes (santé, CPER BasicLab).