

Application BASTRI

Fiches Equipes

GENSCALE (SR0507LR)

Scalable, Optimized and Parallel Algorithms for Genomics
GENSCALE □ GENSCALE (SR0562MR)

Statut: Terminée

Responsable : Dominique Lavenier

Mots-clés de "A - Thèmes de recherche en Sciences du numérique - 2023" : *Aucun mot-clé.*

Mots-clés de "B - Autres sciences et domaines d'application - 2023" :
Aucun mot-clé.

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

Période : 01/01/2012 -> 31/12/2012
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 : 031107-0

Numéro RNSR : 201221037U
N° de structure Inria: SR0507LR

Présentation

L'évolution fulgurante des biotechnologies, au cours de ces dix dernières années, a complètement bouleversé la manière d'appréhender les recherches liées aux sciences de la vie. L'extraction d'informations biologiques pertinentes à partir des masses de données issues du séquençage haut débit, implique désormais une algorithmique de pointe capable de relever les défis applicatifs apportés par ces nouvelles technologies.

Dans ce contexte, les recherches de l'équipe GenScale se concentrent sur les traitements des données génomiques à grande échelle. D'un point de vue informatique, il s'agit de concevoir des algorithmes qui optimisent les temps d'exécution, qui minimisent l'espace mémoire et qui se déploient sur des calculateurs parallèles.

Nos travaux sont menés en forte interaction avec des équipes de recherche en sciences de la vie (agronomie, écologie, santé).

Axes de recherche

La comparaison d'objets biologiques représente une activité majeure de la bioinformatique. Nos recherches se structurent donc naturellement par rapport à cette thématique selon les 3 axes suivants :

- Comparaison de séquences :
 - annotation à grande échelle,
 - analyse de données métagénomiques
- Comparaison de génomes :
 - locale : recherche de variants (SNPs, indels, ...)
 - globale : génomique comparative
- Comparaison de structures :
 - Classification de familles protéiques

Ces axes sont complétés par une activité de recherche transversale (l'assemblage) permettant de produire, en partie, ces objets à partir des données de séquençage haut débit.

Relations industrielles et internationales

International

- University of Chile, Santiago, Chile
- Colorado State University, USA
- CWI, Algorithmic Computational Biology, Amsterdam, Netherlands

Contact

- **Responsable :** Dominique Lavenier
- **Tél :** 02. 9.9 .84. 7.2 .17
- **Secrétariat Tél :** 02. 9.9 .84. 7.4 .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

- [8410](#) (12/01/2012) : création

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

- Sofia University, Bulgaria
- Federal University of Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil Laboratório Nacional de Computação Científica, Petropolis, Brazil
- Dept. of Mathematics, Statistics and Scientific Computing, UNICAMP, Campinas, Sao Paulo, Brazil

Industrie

- GenomeQuest : <http://www.genomequest.com/>
- Korilog : <http://www.korilog.com/>
- Fasteris : <http://www.fasteris.com/>