

Application BASTRI

Fiches Equipes

GENSCALE (SR0562MR)

Scalable, Optimized and Parallel Algorithms for Genomics
GENSCALE (SR0507LR) □ GENSCALE

Statut: Décision signée

Responsable : Pierre Peterlongo

Mots-clés de "A - Thèmes de recherche en Sciences du numérique - 2024" : A1.1.1. Multi-cœurs, pluri-cœurs, A1.1.2. Accélérateurs matériels (GPGPU, FPGA, DSP, etc.), A1.1.3. Modèles mémoire, A3.1.1. Modélisation, représentation, A3.1.2. Gestion, interrogation et stockage, A3.1.8. Données massives (production, stockage, acheminement), A3.3.3. Analyse de données massives, A7.1. Algorithmique, A7.1.3. Algorithmique des graphes, A8.2. Optimisation, A9.6. Aide à la décision

Mots-clés de "B - Autres sciences et domaines d'application - 2024" : B1.1.4. Génétique et génomique, B1.1.7. Biologie computationnelle, B2.2.6. Maladies neuro-dégénératives, B3.5. Agronomie, B3.6. Ecologie, B3.6.1. Biodiversité

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

Période : 01/01/2013 -> 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 : 031107-1

Numéro RNSR : 201221037U
N° de structure Inria: SR0562MR

Présentation

Algorithmes pour la génomique, adaptés aux grandes masses de données, optimisés et parallèles

GenScale est une équipe de recherche en bio-informatique. Son principal objectif est de développer des méthodes, des outils et des logiciels performants pour le traitement des données génomiques. Notre recherche est motivée par le développement rapide des technologies de séquençage qui génèrent d'importants défis tant en bio-informatique qu'en science de l'information.

Nous travaillons en étroite collaboration avec des équipes en sciences du vivant (agronomie, écologie, santé).

Axes de recherche

Au sein de GenScale, la recherche est organisée en 4 principaux axes :

Structure de données

- Indexation des masses de données génomique
- Travaux sur la structure de graphe de de-Bruijn
- Développement d'une bibliothèque logicielle optimisée

Algorithmes

- Logiciels optimisés en temps et en mémoire pour le traitement des données de séquençage
- compression de données, assemblage de génome, détection de variants, métagénomique, GWAS
- Traitement de l'information : stockage sur support ADN

Parallélisme

- Multithreading, Vectorisation (SSE, AVX, ...)
- Accélération matérielles, utilisations de nouvelles technologies "Process In Memory"

Contact

- **Responsable :** Pierre Peterlongo
- **Tél :** 02.99.84.74.59
- **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

- **9130** (21/01/2013) : création
- **10687** (26/01/2015) : prolongation
- **13243** (10/12/2018) : prolongation
- **14282** (11/05/2020) : cessation du responsable
- **14283** (11/05/2020) : nomination responsable
- **15193** (14/09/2022) : prolongation
- **16026** (18/05/2023) : modification
- **16554** (31/10/2023) : prolongation
- **17544** (06/12/2024) : 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

Applications

- Environnement
- Santé
- Agronomie

Relations industrielles et internationales

International

- Sofia University, Bulgaria
- ITN European project **Alpaca**
- ITN European project **Ignite**
- Universität Düsseldorf: **Algorithmische Bioinformatik**
- Université Libre de Bruxelles, Belgique

Industrie

- UpMem, <https://www.upmem.com/>
- Deinove, <http://www.deinove.com/>