

Arcolris - BemTeVi

Modélisation et algorithmique en biologie moléculaire Modelização e algoritmia em biologia molecular

Marie-France Sagot Inria Rhône-Alpes Projet HELIX UMR 5558 Biométrie
et Biologie Évolutive Université Claude Bernard, Lyon I

Yoshiko Wakabayashi (Arcolris, INRIA) et Carlos Eduardo Ferreira (BemTeVi, FAPESP)

www.inrialpes.fr/helix/people/sagot/team/projects/associated_team_osp_helix

Descriptif

De manière générale, ce projet a pour but l'étude de l'évolution, la structure et la fonction des différents éléments et mécanismes du vivant à l'échelle moléculaire. L'approche choisie pour répondre aux questions liées à ces thématiques passe par la modélisation mathématique d'objets et de mécanismes biologiques, éventuellement suivie par la conception d'algorithmes spécifiques.

Les principaux thèmes abordés sont :

- 1 - analyse des séquences et modèles d'évolution moléculaire (recherche et inférence de motifs complexes, étude des propriétés statistiques des séquences, modèles et algorithmes d'alignements)
- 2 - génomique comparative à grande échelle et dynamique des génomes (calcul de distances de réarrangements, détection et analyse des segments conservés entre génomes, alignements avec inversions)
- 3 - phylogénie (distance entre arbres, graphes phylogénétiques)
- 4 - réseaux biochimiques (recherche et inférence de motifs et de modules, reconstruction de voies métaboliques)

Résultats obtenus

Les résultats présentés ici sont le fruit de cette collaboration France/Brésil, les résultats obtenus indépendamment par chacune des équipes ne sont pas indiqués mais sont déjà intégrés dans des travaux communs.

Thématique 1:

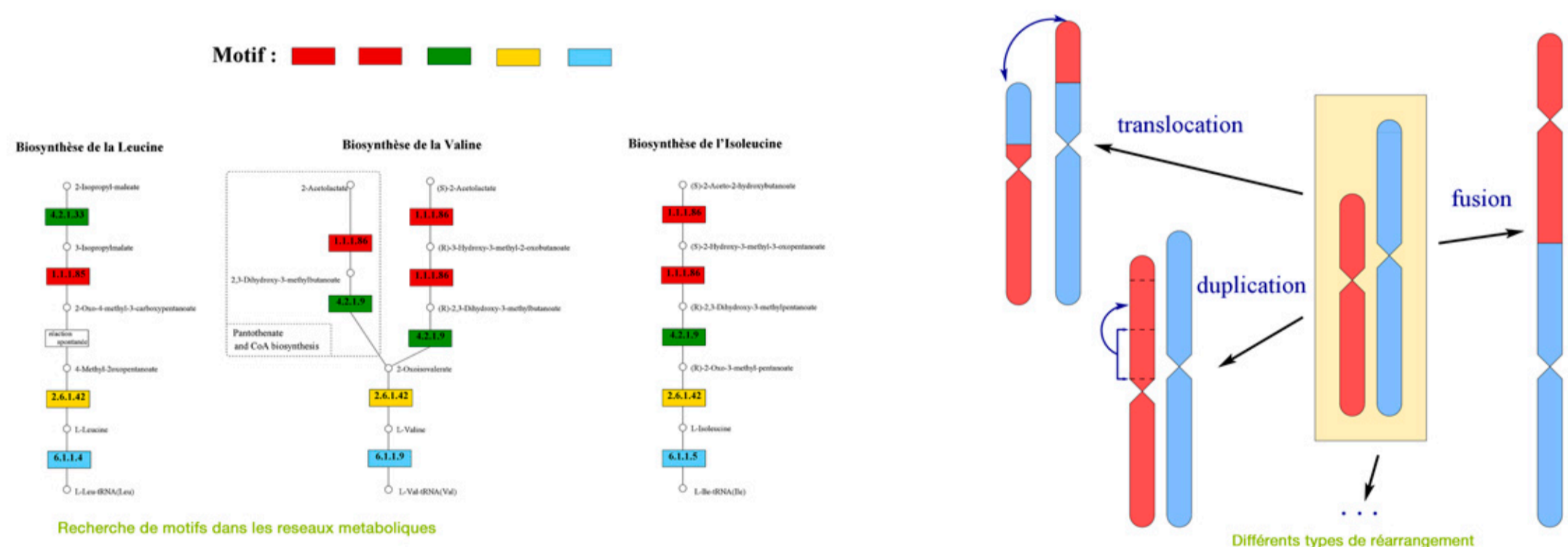
- ☐ Mise au point d'un algorithme d'identification de gènes par homologie en utilisant uniquement l'information de séquence
- ☐ Méthode de filtrage pour l'alignement multiple de longues séquences génomiques (en cours)

Thématique 2-3:

- ☐ Mesure de distance entre arbres phylogénétiques et conception d'un algorithme d'approximation pour calculer cette distance
- ☐ Algorithme de tri de permutation par transpositions (en cours)
- ☐ Détection des points de cassure sur un génome par alignements (en cours)

Thématique 4:

- ☐ Algorithme et résultats de complexité sur la recherche de motifs dans les réseaux métaboliques



Publications communes

R. Tavares, S. S. Adi, P. Blayo and M.-F. Sagot

Utopia: an exact generic core algorithm for gene prediction using homology. (en cours de soumission)

M.-F. Sagot and Y. Wakabayashi

Pattern inference under many guises. in B. Reed and C. L. Sales (eds.), Recent advances in algorithms and combinatorics, Springer Verlag, 2003.

E. M. Rodrigues, M.-F. Sagot and Y. Wakabayashi

Some approximation results for the maximum agreement forest problem. in APPROX and RANDOM 2001, Lecture Notes in Computer Science, vol. 2129, pages 159-169, Springer Verlag.

V. Lacroix, C. G. Fernandes and M.-F. Sagot

Reaction motifs in metabolic networks. accepté à WABI'05, à paraître dans un volume de Lecture Notes in Bioinformatics, Springer Verlag