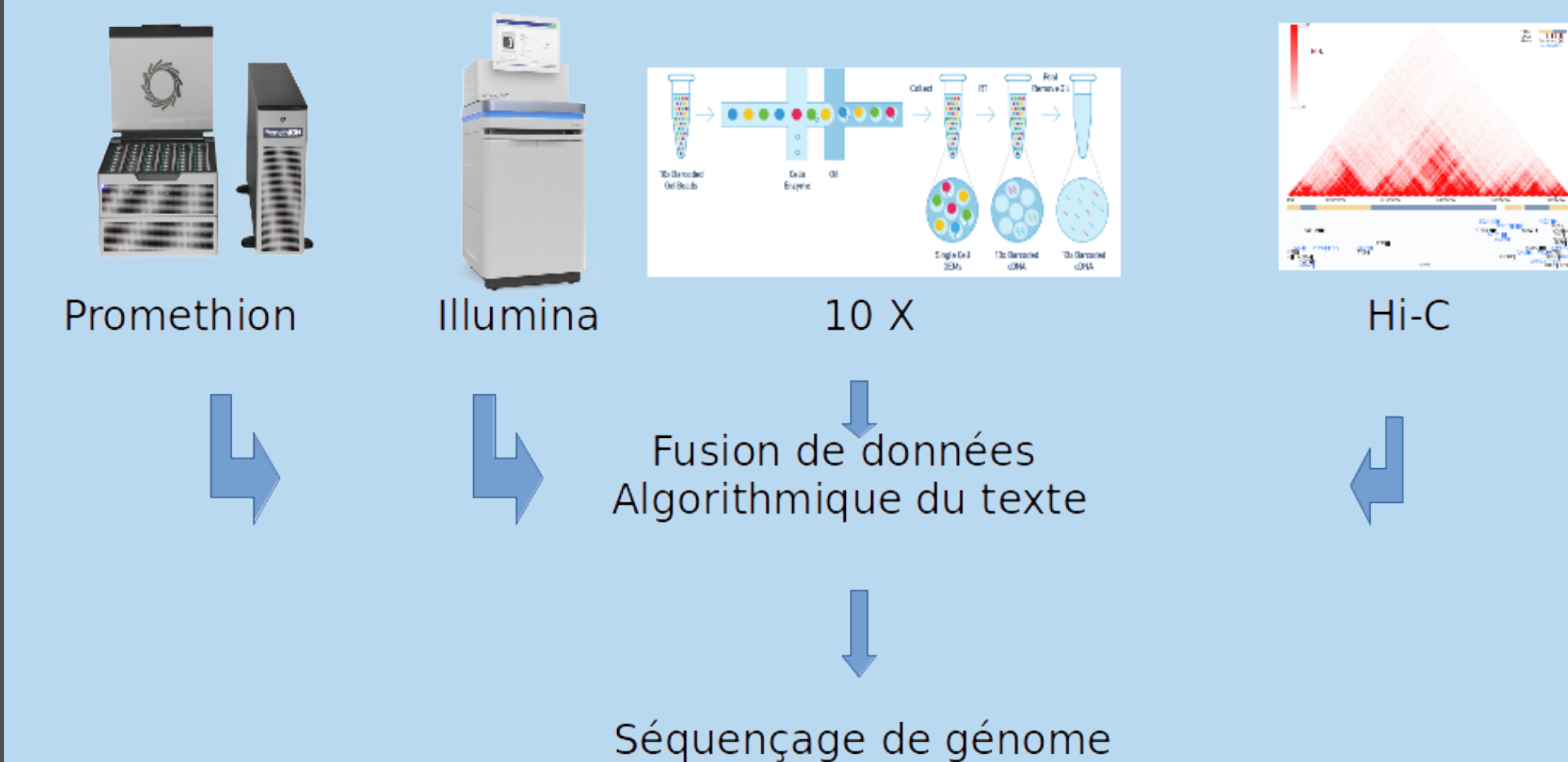


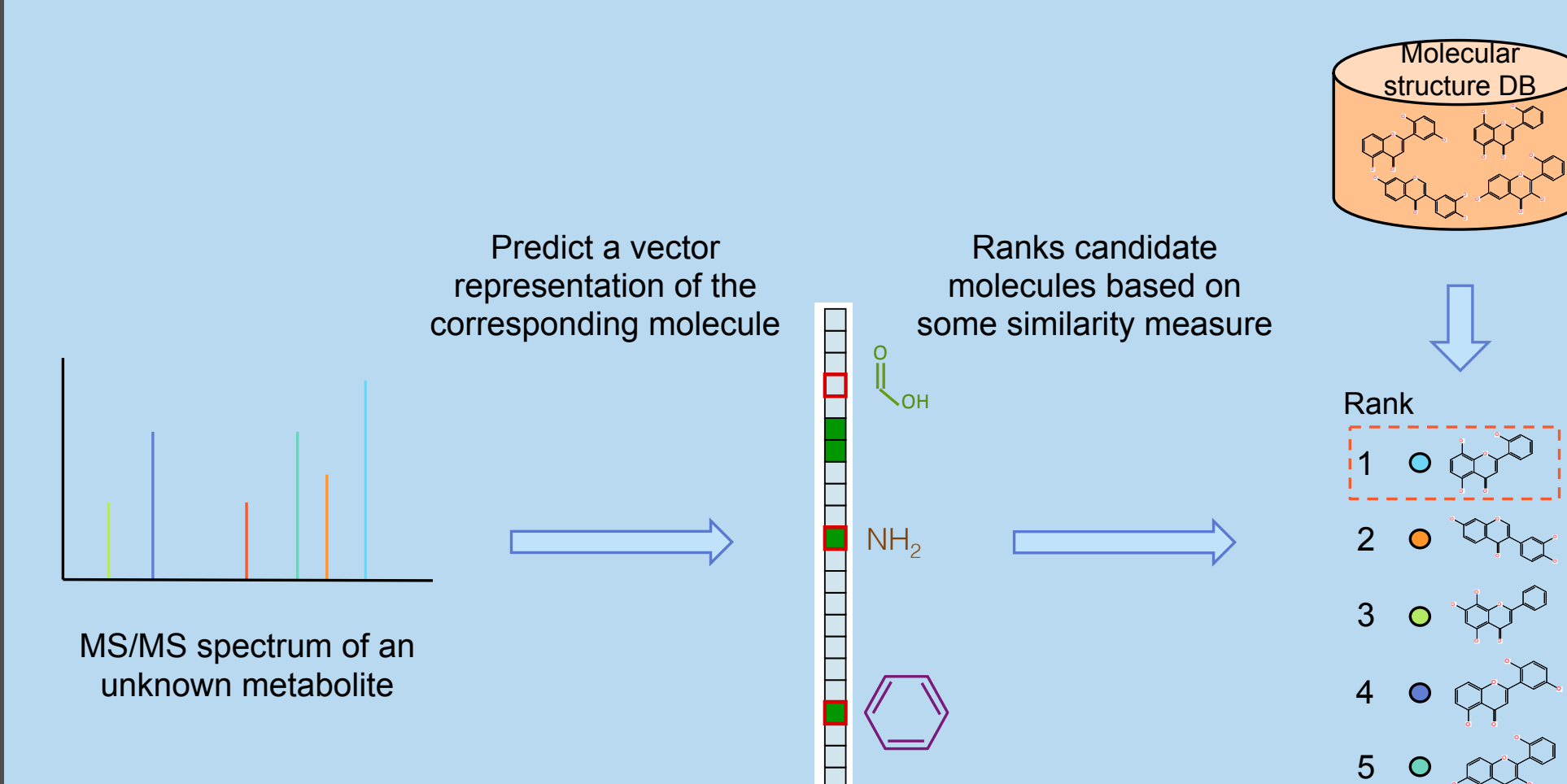
Introduction

L'équipe a pour objectif de développer et de mettre à disposition des biologistes des méthodes mathématiques, statistiques et informatiques permettant de contribuer à la compréhension du vivant.

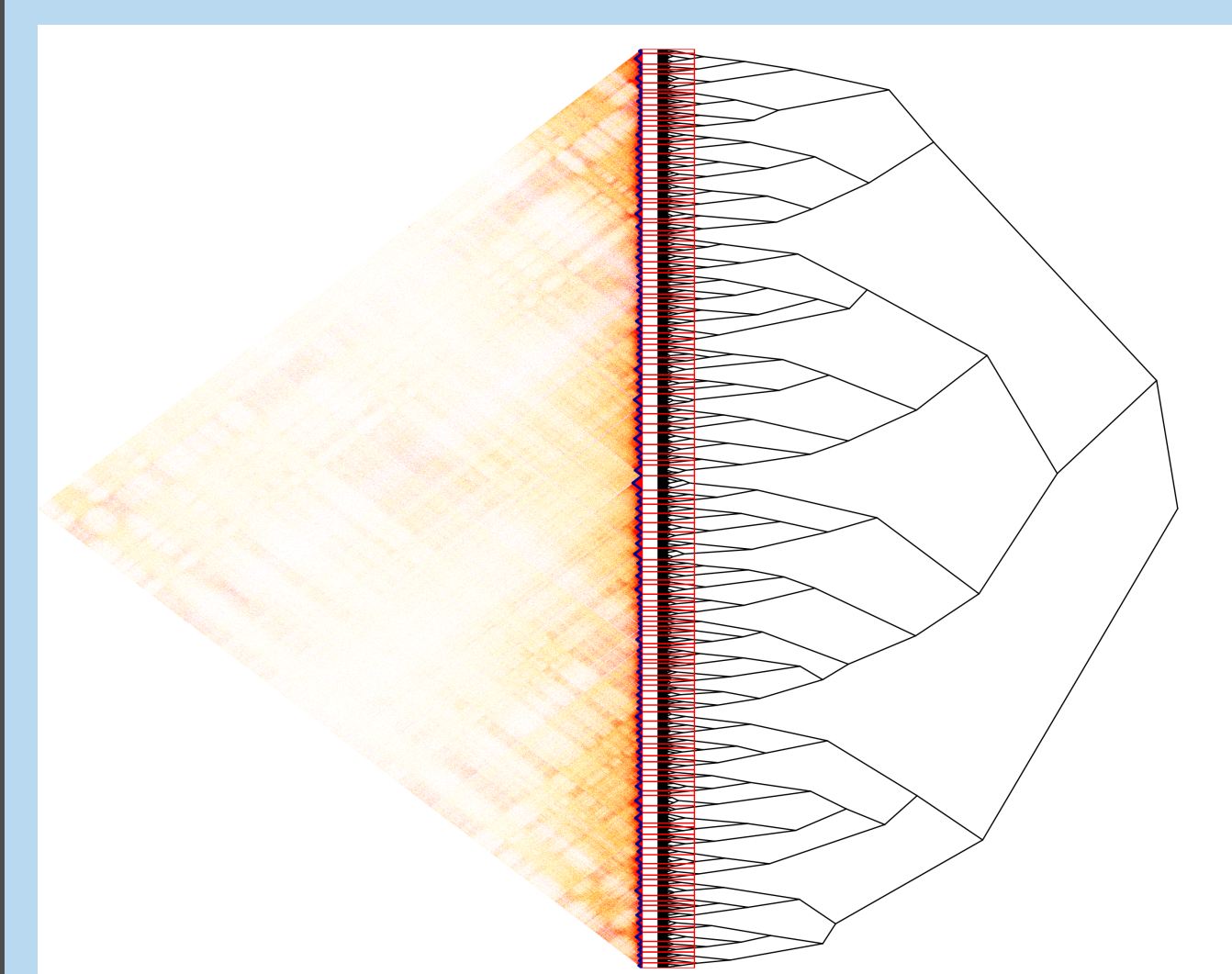
Assemblage de génomes



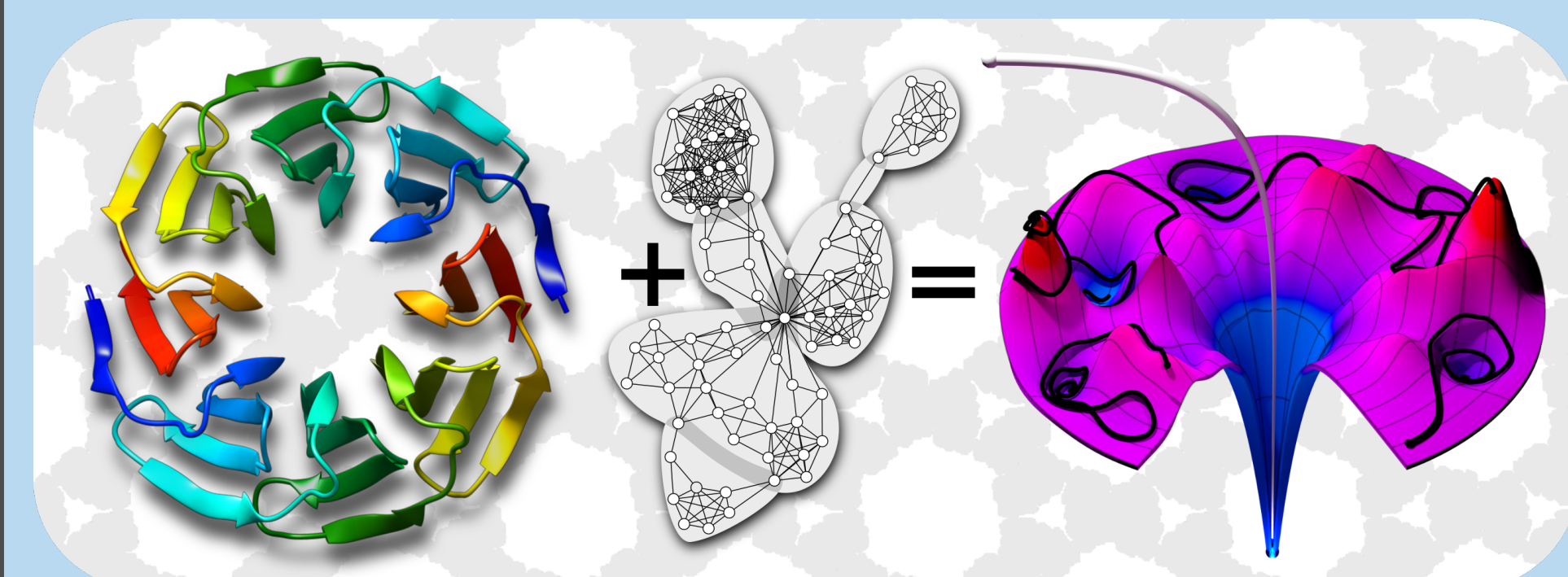
Apprentissage statistique



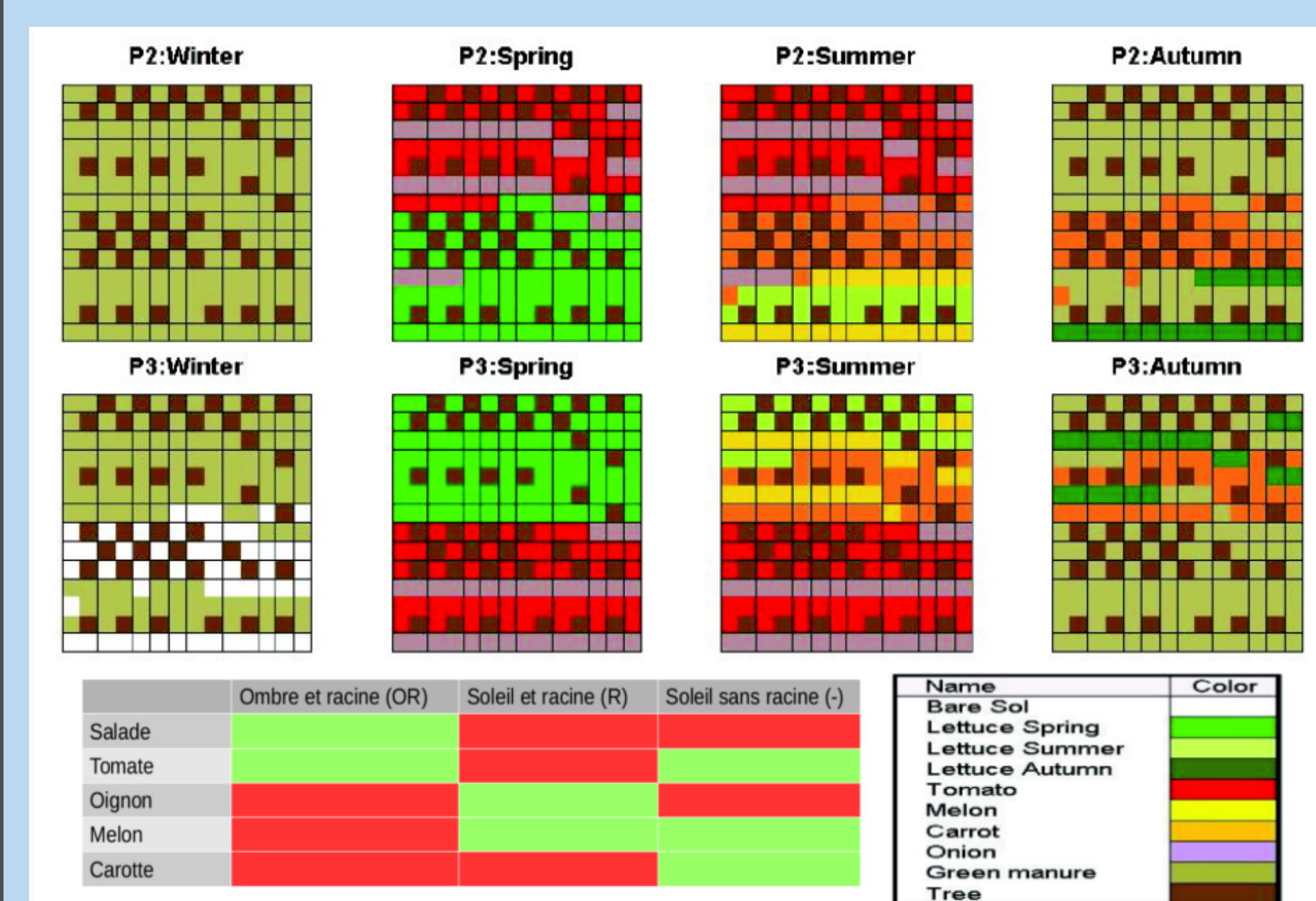
Clustering hiérarchique



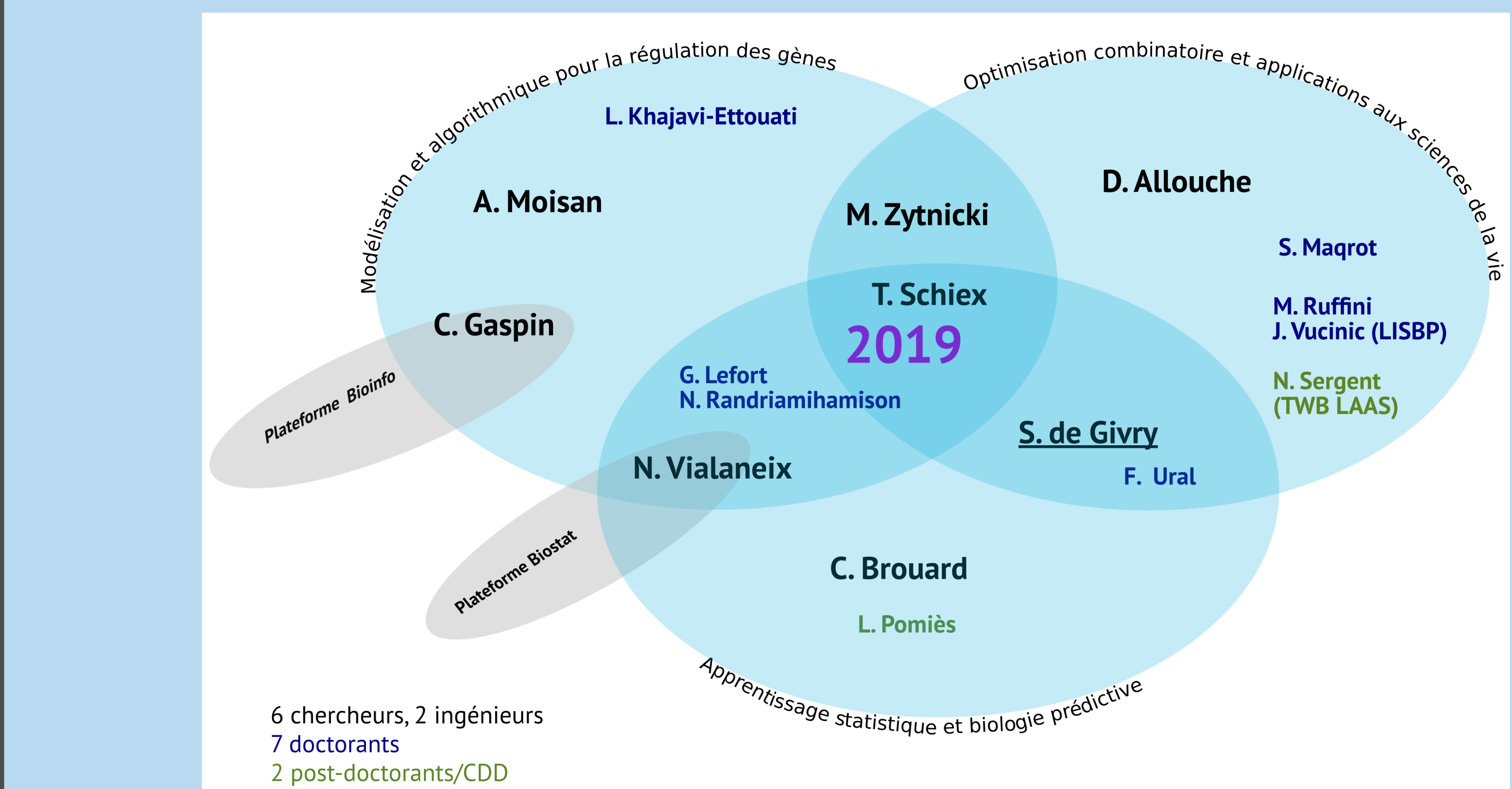
Conception de protéines



Conception de verger-maraîcher



Composition de l'équipe



Travaux méthodologiques

- Algorithmique du texte (éléments transposables, TEDNA)
- Apprentissage supervisé et non supervisé (cartes auto-organisatrices R/SOMbrero, réseaux de neurones, forêts aléatoires, méthodes à noyaux, régression inverse pour la calibration de données fonctionnelles R/SISIR)
- Fouille de données, imputation de données manquantes (R/RNaseqNet)
- Intégration de données (données longitudinales, approche multi-noyaux R/mixKernel)
- Inférence et analyse de réseaux (données multiples, méta-analyse, réseaux bayésiens, champs de Markov)
- Optimisation combinatoire et intégration discrète (modèles graphiques, réseaux de fonctions de coût toulbar2, programmation par contraintes, programmation linéaire à variables 0/1 baryonyx)

Travaux finalisés

- Annotation de génomes (prédiction des gènes du chêne, de la tomate, du tournesol et de nématodes EuGene)
- Assemblage de génomes (SeqOccIn) et traitement des données de séquençage (narcolepsie)
- Biologie prédictive (bio-marqueurs pour lutter contre la mortalité porcine, identification de métabolites R/ASICS)
- Détection d'ARNs non codants (Listeria)
- Conception algorithmique de protéines (biotechnologies, santé, biologie synthétique, chimie verte...)

Thèses en cours

- **L. Khajavi-Ettouati** – 2017-2020 – Analyse de données RNAseq pour la narcolepsie – R. Liblau (INSERM), M. Zytnicki.
- **G. Lefort** – 2018-2021 – Intégration de données métabolomiques par quantification de données haut débit et application à l'analyse des causes de la mortalité périnatale chez le porc – **N. Vialaneix**, R. Servien (InTheRese, INRA), L. Liaubet (GenPhySE, INRA), H. Quesnel (PEGASE, INRA)
- **S. Maqrot** – 2015-2019 – Méthodes d'optimisation combinatoire en programmation mathématique pour la conception de vergers maraîchers – **S. de Givry**, G. Quesnel (MIAT), M. Tchamitchian (EcoDev, INRA).
- **N. Randriamihamison** – 2018-2021 – Classification hiérarchique sous contrainte de contiguité pour l'analyse de données Hi-C – **N. Vialaneix**, M. Chavent (IMB/Inria), P. Neuvial (IMT/CNRS), S. Foissac (GenPhySE).
- **M. Ruffini** – 2017-2020 – Méthodes pour le design de protéines – **T. Schiex**, S. Barbe (INSA/LISBP).
- **F. Ural-Trösser** – 2018-2021 – Exact Methods for Bayesian Network Structure Learning – G. Katsirelos (Link, INRA), **S. de Givry**.
- **J. Vucinic** – 2017-2020 – Design de protéines et flexibilité – **T. Schiex**, S. Barbe (INSA/LISBP).

La photo de l'équipe

