

Laboratoire de biologie informatique et théorique (1994-)



François Major



Nadia El Mabrouk



Miklós Csűrös

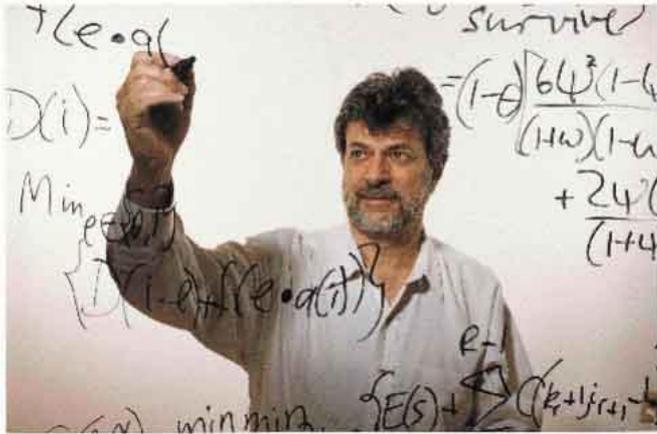


Sylvie Hamel

Qu'est-ce que la Bioinformatique?

- Apparue dans les années 1960, après que les biologistes aient découverts comment séquencer de l'ADN et des protéines.
- Champs multidisciplinaire impliquant la **biologie**, **l'informatique**, **les mathématiques**, **les statistiques** dont l'objectif est d'**analyser les séquences biologiques** et de **prédire la fonction et la structure des macromolécules**.
- Application à l'agriculture, la pharmacologie, la médecine.
- Discipline qui évolue en fonction des nouveaux problèmes posés par la biologie.

Petite histoire de la Bioinformatique à la FAS



En 1971, David Sankoff a initié le domaine de la biologie computationnelle au CRM, en collaboration avec Robert Cedergren du Département de Biochimie.



Mathieu Blanchette
McGill



Guillaume Bourque
GenomeQuebec



David Bryant
Univ. Otago, NZ



John Kececioğlu
Univ. Arizona



François Major



Nadia El-Mabrouk



**Sébastien
Lemieux**



Miklós Csürös



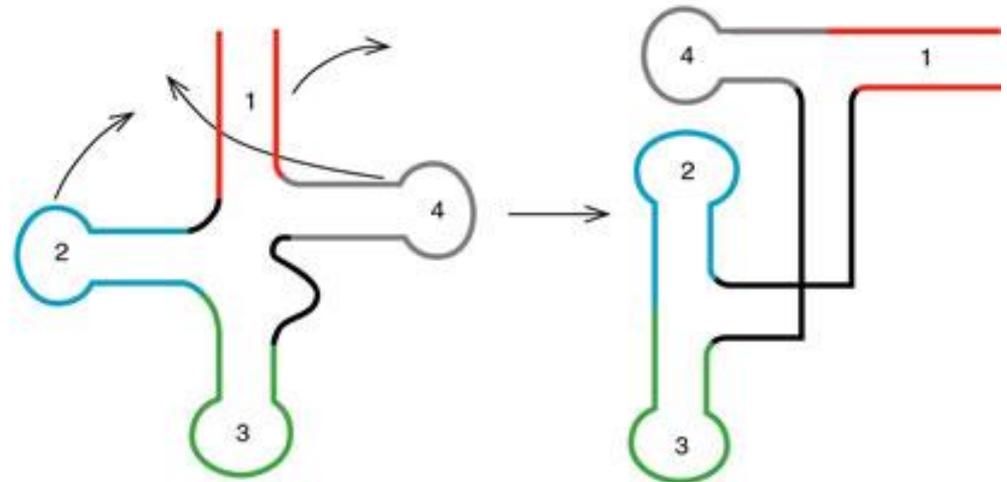
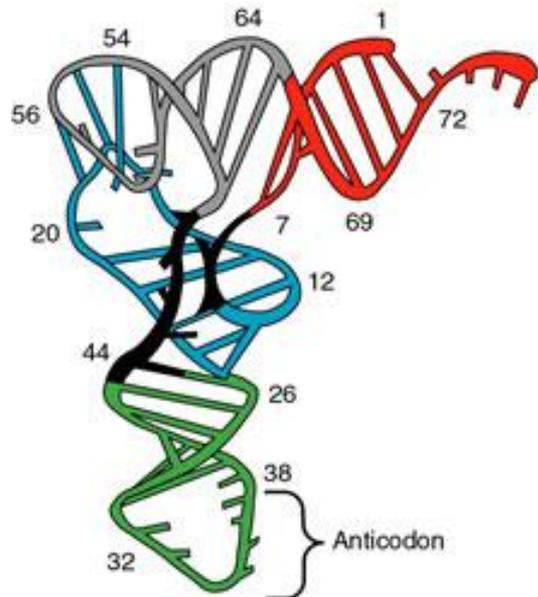
Sylvie Hamel

Thèmes de recherche du lab



François Major

- Analyser, modéliser et déterminer les **structures secondaires et tertiaires des ARN**
- Ingénierie des ARN: Synthétiser des ARN artificiels ayant des fonctions spécifiques.

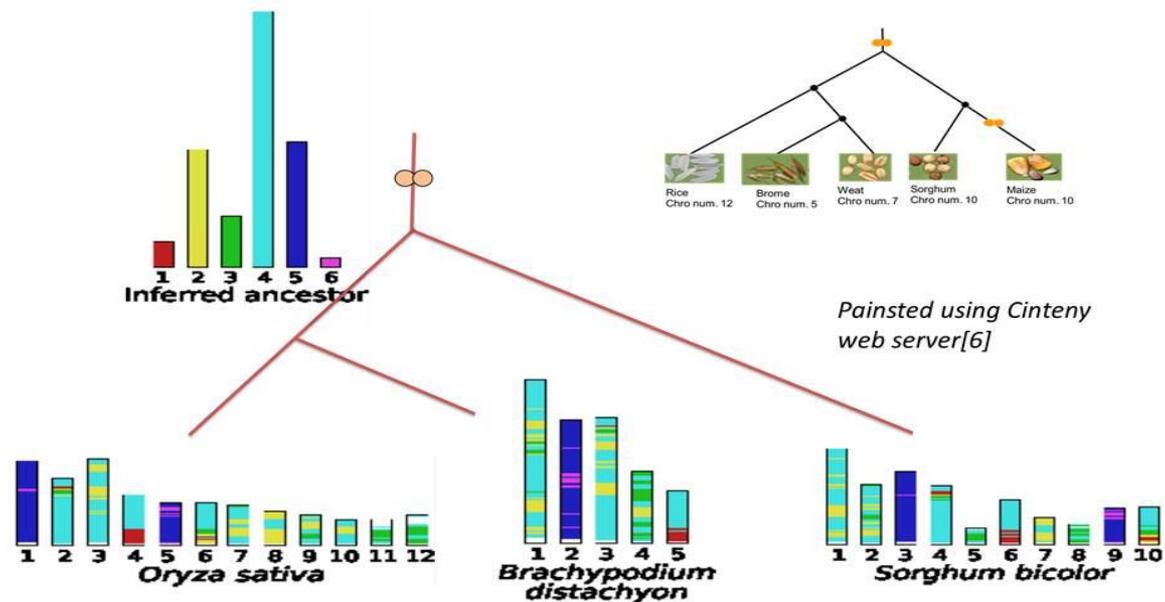


Thèmes de recherche du lab



Nadia El-Mabrouk

- **Méthodes algorithmiques** pour la génomique comparative
- Réarrangements génomiques
- Inférence d'histoires évolutives
- Familles de gènes



Thèmes de recherche du lab



Miklós Csűrös



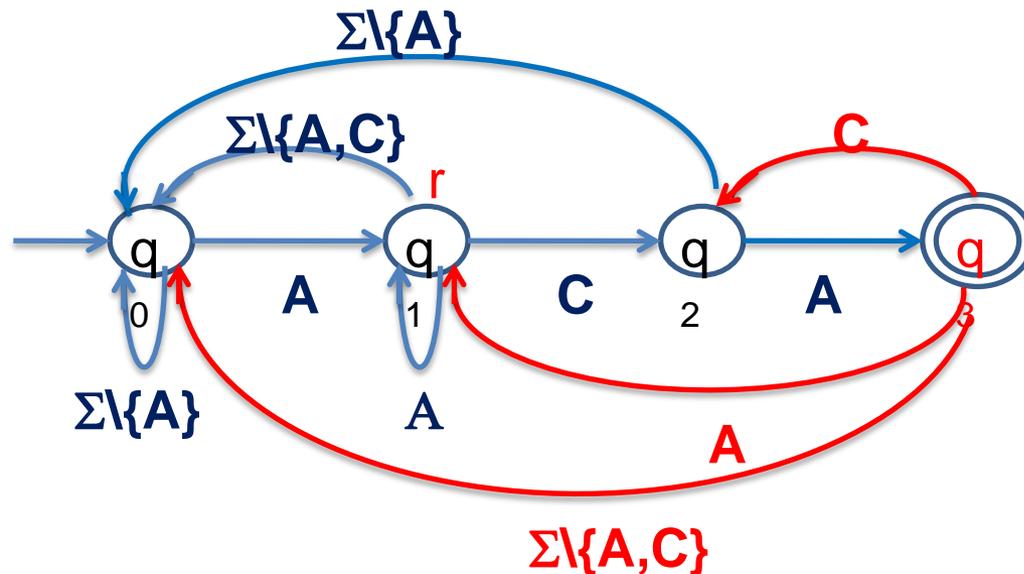
- **Évolution moléculaire**: contenu en gènes des génomes, structure exon-intron, pseudogènes, etc.
- **Phylogénie**
- **Analyse de séquences**
- **Méthodes de séquençage**

Thèmes de recherche du lab



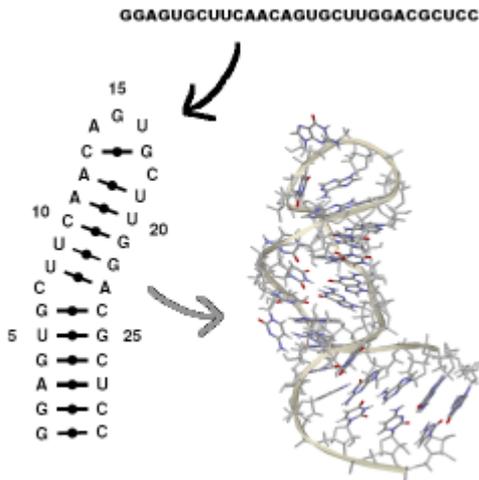
Sylvie Hamel

- Méthodes de Pattern-Matching pour **l'analyse des séquences**
- Théorie des langages et des automates.
- Combinatoire des mots.



Logiciels

- MC-Fold et MC-Sym: Prédiction de structures secondaires d'ARN à partir de la séquence.
- Utilisés plus de 1 000 fois par mois par des chercheurs du monde entier.
- A fait l'objet d'une publication dans la revue Nature en 2008.



Exemples Logiciels



Species Tree
((A,C),(B,D));
- OR -
Ensembl Species Tree

Gene Tree
((A1::A,B1::B,D1::D),C1::C);
- OR -
Ensembl Gene Tree ID :

Gene Distances

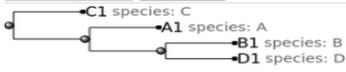
Gene Sequences
>A1
CTCGGCCGATCCGGAGAGACGGGCTTCAAAGCTGCCTGACGACGTTGTGGCCCGCTAACAAAA
TCCTCCCAAATAAGCCCCCTGAGCGTCGGTTGAACA
>B1
GCCCTGGTCCGGCCGACCAAGCCGAAATATACGCTTTACGGCTCTTGGCCCGGGTGGCTT
ACCTTGCAGAAATCGAGGCCCTCCGTTAATTCCTGT
>C1
TGCATTATACCCGCTATATTTGCTCTTTACCCGCTACTTGGATAAGCATGGCATAGCTTTTAA
TCGGAGCCCTCCGTACACGGTACGATCGCACGC
>D1
CTCCTGAGATCAATACGTATACCAGTGTCTCTGTGACGAGCAAGCCTAACGGGAGATACAC
CGCCAAAGTCCGTGTAATACGACTCGTGCAAT

Format :
Data type :
Align
Calculate distance matrix from sequences

PolytomySolver
Run PolytomySolver
Mode :
 Contract gene tree branches with support lower than :
Solution Limit :
Path Limit :

ParalogyCorrector
Run ParalogyCorrector
Orthologs :

Tree 1 (Log-likelihood : -543.60692)
Search



data:2.2.2rev1004

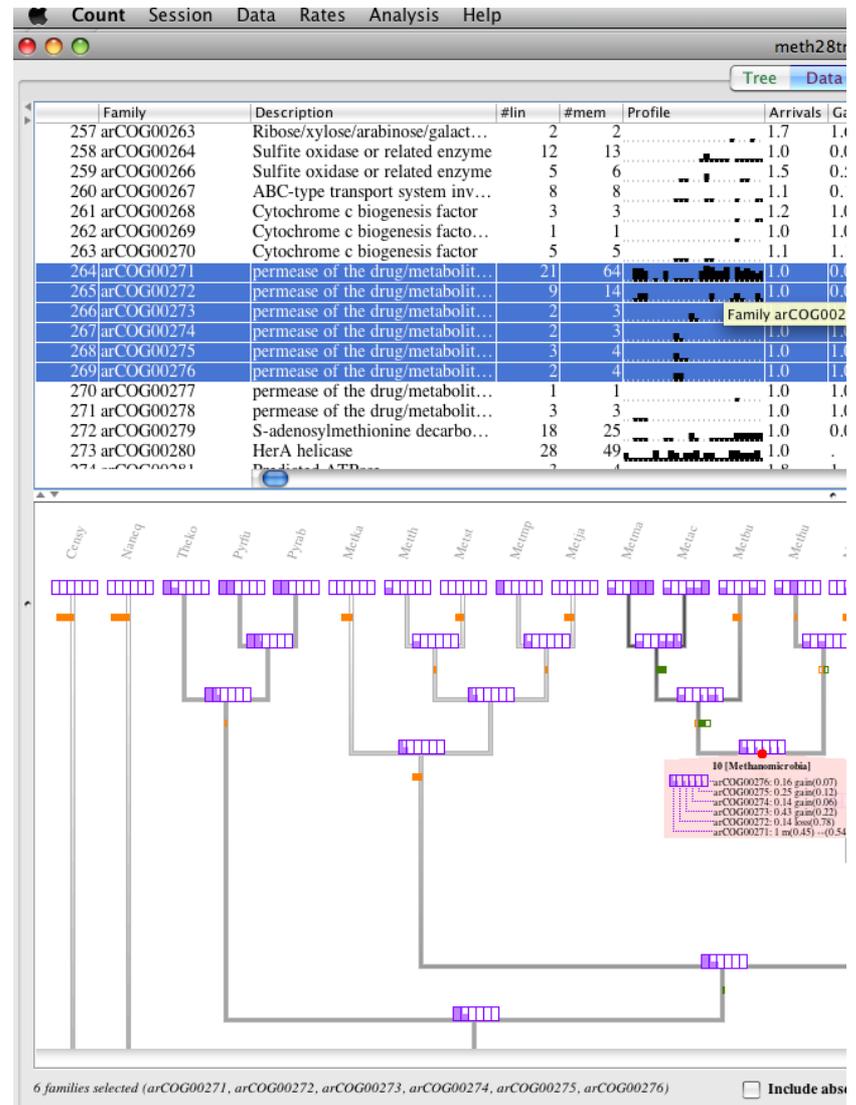
Speciation Duplication Loss Non-Apparent Duplication

(C1:1|&&NHX|dist=1.0:name=C1:support=1.0:genes=C1:_nid=0:type=0:species=C),
(A1:1|&&NHX|dist=1.0:name=A1:|length=0.31:support=1.0:genes=A1:_nid=2:length=0.3

- Correction d'arbres de gènes.
- Utilisé en particulier dans le projet de séquençage et d'annotation du génome de la plante *Rhazia*.
- Publication dans Nature Scientific Reports en 2016.

Logiciels

- **Count:** évolution de répertoire génique (20-30 projets de comparaison de génomes complets)
- **Malin:** analyse évolutive de perte et gain d'introns



Organisation de conférences



CENTRE
DE RECHERCHES
MATHÉMATIQUES

14th RECOMB Comparative Genomics Satellite Workshop
October 11 - 14, 2016



Cours de bioinformatique

Hiver:

- **IFT6292: Bioinformatique moléculaire**

François Major

Mardi et vendredi de 12h30 à 14h30

- **IFT6299: Sujets en bioinformatique**

Miklos Csürös

Automne:

- **IFT6291: Bio-informatique génomique**

Nadia El-Mabrouk ou Syvie Hamel

N'hésitez pas à venir nous voir!



François Major



Nadia El Mabrouk



Miklós Csűrös



Sylvie Hamel