

# Laboratoire de biologie informatique et théorique (1994-)



François Major



Nadia El Mabrouk



Miklós Csűrös

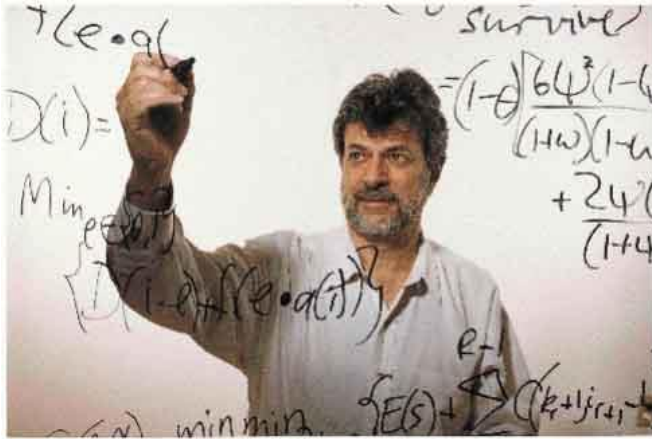


Sylvie Hamel

# 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 Csűrös**



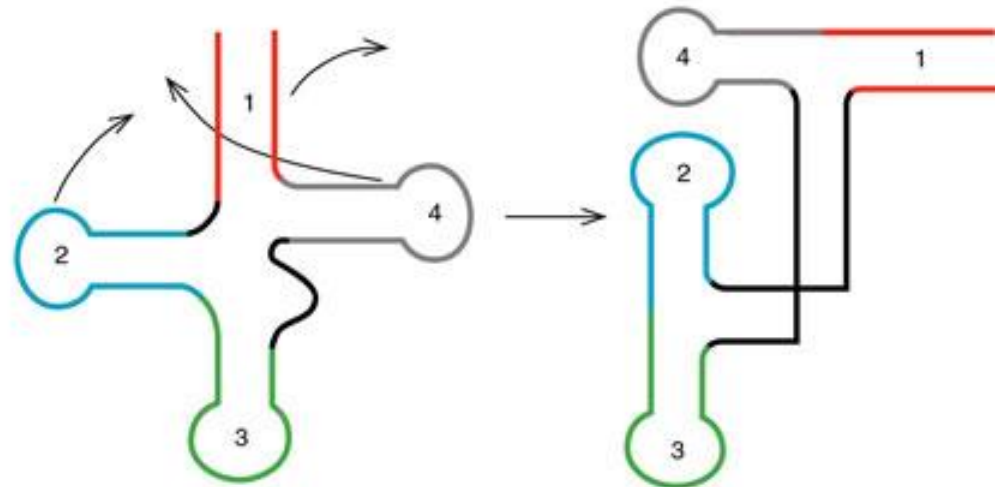
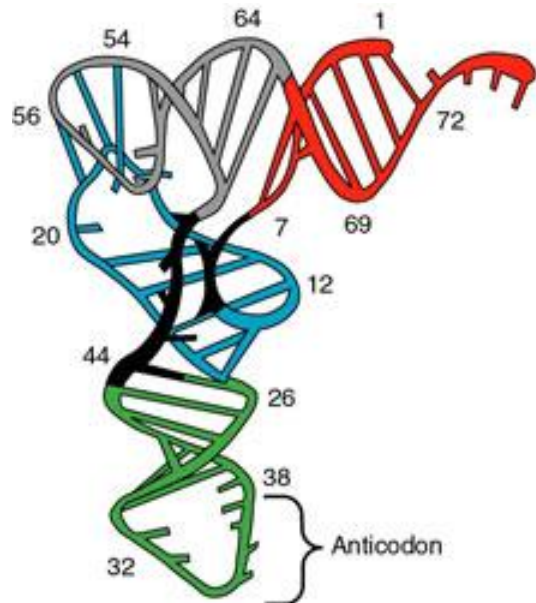
**Sylvie Hamel**

# 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.

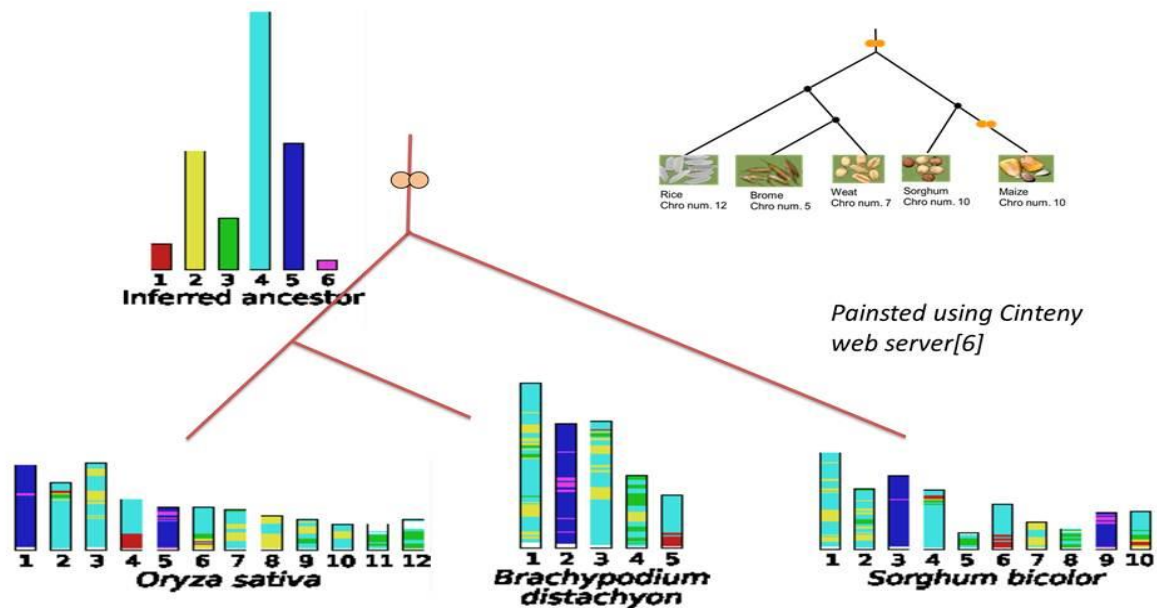


# Thèmes de recherche du lab



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



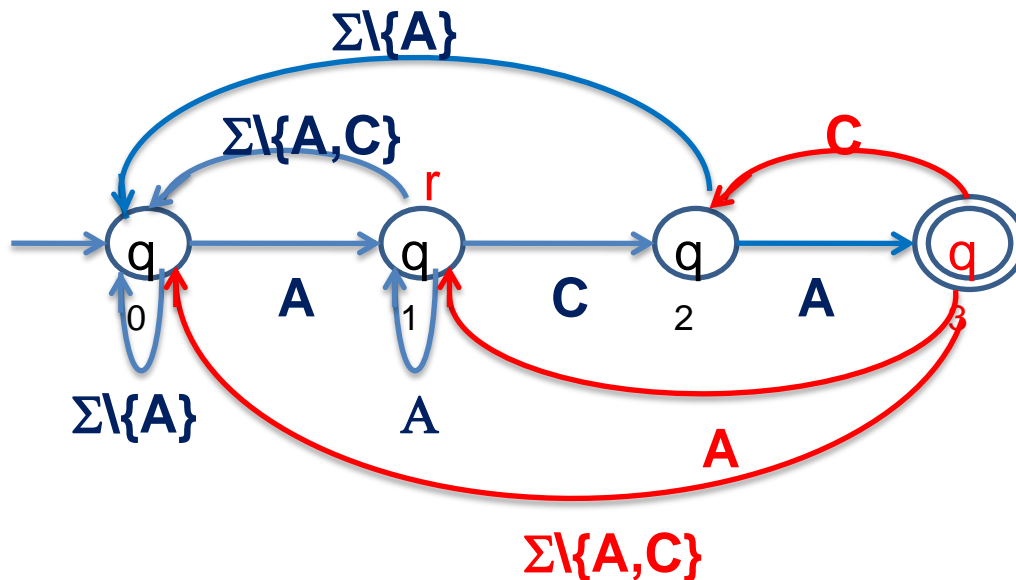
- **Évolution moléculaire**: contenu en gènes des génomes, structure exon-intron, pseudogènes, etc.
- **Phylogénie**
- **Analyse de séquences**
- **Méthodes de séquençage**

# Thèmes de recherche du lab



Sylvie Hamel

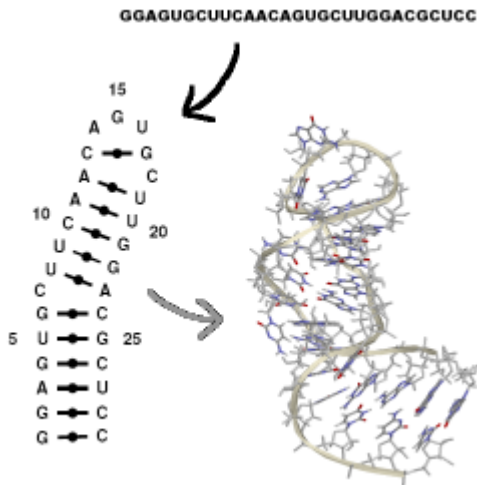
- Méthodes de Pattern-Matching pour **l'analyse des séquences**
- Théorie des langages et des automates.
- Combinatoire des mots.






# 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**

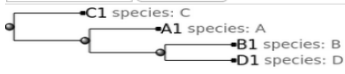
**Gene Sequences**  
>A1  
CTCGGCCGATCCGGAGAGACGGGCTTCAAAGCTGCCTGACGACGTTGTGGCCCGCTAACAAAA  
TCCTCCCAAATAAGCCCCCTGAGCGTCGGTTGAACA  
>B1  
GCCCTGGTCCGGCCGACCAGAAGCCGAAATATACGCTTTACGGCTCTTGGCCCGGGTGGCTT  
ACCTTGCAGAAATCGAGGCCCTCCGTTAATTCCTGT  
>C1  
TGCATTATACACCGGCTATATTTGCTCTTTACCCGCTACTTGGATAAGCATGGCATAGCTTTTAA  
TCGGAGCCCTCCGTACACGGTACGATCGCACGC  
>D1  
CTCCTGAGATCAATACGTATACCAGTGTCTCTGTGACGAGCAAGCCTAACGGGAGATACAC  
CGCCAAAGTCCGTGTAATACGACTCGTGCAAAAT

Format :    
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



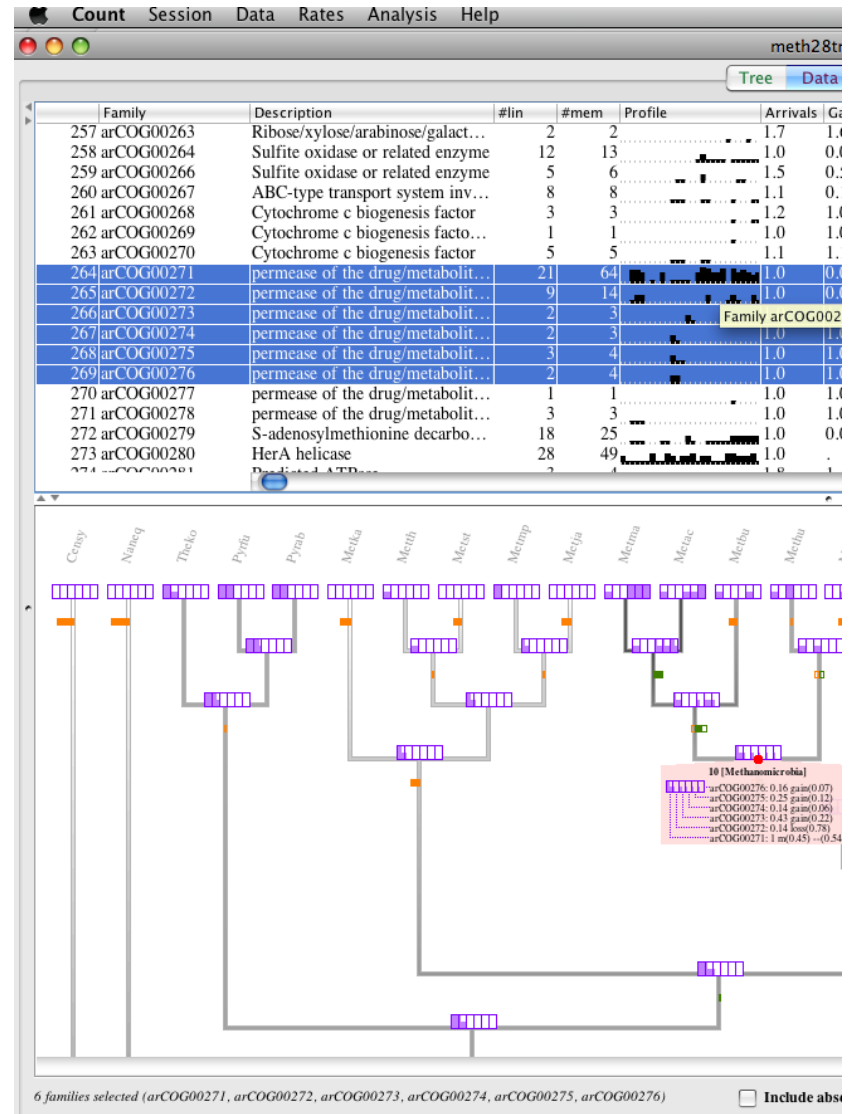
Speciation  Duplication  Loss  Non-Apparent Duplication

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