

Alexandre DE BREVERN Directeur de Recherche INSERM à l'Institut National de la Transfusion Sanguine.

Alexandre G. de Brevern est Directeur de Recherche INSERM à l'Institut National de la Transfusion Sanguine (INTS) au sein de l'unité INSERM UMR_S 1134, Université Paris Diderot, Sorbonne Paris Cité, laboratoire d'excellence GR-Ex. Bioinformaticien Structuraliste, il a soutenu une thèse de doctorat et une Habilitation à Diriger des Recherches sur des nouvelles stratégies d'analyses et de prédiction des structures tridimensionnelles des protéines. Directeur adjoint de l'équipe Dynamique des Structures & des Interactions des Macromolécules Biologiques, il a publié une centaine d'articles et, mis à disposition 13 services webs et bases de données accessibles à la communauté scientifique. Alexandre G. de Brevern a obtenu le prix du Groupe de Graphisme et Modélisation Moléculaire (GGMM) en 2001 et le prix Maurice Nicloux de la Société Française de Biochimie et Biologie Moléculaire (SFBBM) en 2011. Il a été au le conseil scientifique de la Société Française de Bioinformatique (SFBI) en 2008-2010, et à celui de la SFBBM (2012-2016). Il a été nommé au CoNRS en section 16 : Chimie du vivant et pour le vivant : conception et propriétés de molécules d'intérêt biologique, ainsi qu'en Commission interdisciplinaire 43 : Modélisation des systèmes biologiques, bioinformatique (2010-2012). Puis pour la mandature suivante (2013-2016), il a été nommé en Section 20 : Biologie moléculaire et structurale, biochimie, et élu en Commission interdisciplinaire 51 : Modélisation et analyse des données et des systèmes biologiques : approches informatiques, mathématiques et physiques, ainsi qu'au Bureau de cette dernière.

Principales publications :

- Alexandre G. de Brevern, Catherine Etchebest and Serge Hazout, "Bayesian probabilistic approach for predicting backbone structures in terms of protein blocks", *Proteins*, 2000, 41(3), 271-287.
- Catherine Etchebest, Cristina Benros, Serge Hazout and Alexandre G. de Brevern, "A structural alphabet for local protein structures: improved prediction methods", *Proteins*, 2005,59(4):810-827.
- Jean-Christophe Gelly and Alexandre G. de Brevern, "Protein Peeling 3D: News tools to analyze protein structures", *Bioinformatics*, 2011, 27(1):132-3.
- Jean-Christophe Gelly , Agnel P. Joseph, Narayasami Srinivasan and Alexandre G. de Brevern, "iPBA : A tool for protein structure comparison using sequence alignment strategies", *Nucleic Acid Res*, 2011, 39:W18-23.
- Alexandre G. de Brevern, Aurélie Bornot, Pierrick Craveur, Catherine Etchebest and Jean-Christophe Gelly, "PredyFlexy: Flexibility and Local Structure prediction from sequence", *Nucleic Acid Res*, 2012, 40:W317-322.
- Bohdan Schneider, Jerny Cerný, Daniel Svozil, Petr Cech, Jean-Christophe Gelly and Alexandre G. de Brevern, "Bioinformatic analysis of the protein/DNA interface", *Nucl Acid Res*, 2014, 42(5):3381-3394.
- Pierrick Craveur, Josph Rebehmed and Alexandre G. de Brevern, "PTM-SD: a database of structurally resolved and annotated post-translational modifications in proteins", *Database*, 2014: bau041.
- Yassine Ghouzam, Guillaume Postic, Alexandre G. de Brevern and Jean-Christophe Gelly, "Improving protein fold recognition with hybrid profiles combining sequence and structure evolution", *Bioinformatics*, 2015, 31(23):3782-3789.