

Annexe

Le programme des rencontres

JOBIM'2001

Toulouse 30,31 mai, 1 juin 2001

30 MAI : 10h30 -> 17h50

9h30-10h30 : Accueil des participants

10h30-10h45 : Présentation de la conférence

Session alignements multiples/phylogénie

Conférencier invité

10h45-11h35 : Old and new methods for multiple sequence alignments

D. Higgins

11h35-11h55 : A phylogenetic approach using supertrees to reconstruct prokaryotic history

V. Daubin, G. Perrière & M. Gouy

11h55-12h15 : Reconstruction de l'histoire de duplication de gènes répétés en tandem

O. Elemento, O. Gascuel & MP Lefranc

12h15-12h20 : T-Coffee : A novel method for fast and accurate multiple sequence alignment

C. Notredame, D. G. Higgins & J. Heringa

12h20-12h25 : Phylogenetic relationships of Mayetiola. SP (Diptera: cecidomyiidae) inferred from mitochondrial and nuclear sequences

M. Mezghani Khemakhem, H. Makni, M. Navajas & M. Marrakchi

12h25-12h30 : Analyse phylogénétique de la séquence complète du génome d'une microsporidie

F. Thomarat, M. Gouy & C.P. Vivarès

Session phylogénie

Conférencier invité

14h15-15h05 : estimation of silent and replacement substitution rate and the evolution of mammalian genes

Z. Yang

15h05-15h25 : Estimation de la valeur optimale du paramètre d'hétérogénéité des vitesses d'évolution entre sites

S. Guindon & O. Gascuel

15h25-15h30 : Variation du taux d'évolution le long des séquences de protéines

L. Dudoignon, E. Remy, JL Risler & F. Campillo

15h30-15h35 : A new experimental approach to measure the evolutionary distance between microbial species

M. Zouine, R. de Rosa & B. Labedan

Session bases de données/bases de connaissance

15h55-16h15 : Gestion coopérative d'une base de données d'une collection de sciences naturelles

R. Bossy

16h15-16h20 : GeM, un système d'analyses comparatives

G. Bronner, B. Spataro, C. Gautier & F. Rechenmann

16h20-16h25 : HCVDB : banque de données de séquences du virus de l'Hépatite C

C. Combet, F. Penin, C. Geourjon & G. Deleage

16h25-16h30 : SIMCOGEN : une base de données recensant les régions de similitudes dans les génomes complets

P. Vincens, C. André, A. Badel-Chagnon, F. Guyon & S. Hazout

16h30-16h35 : ABCkb, une base de connaissances pour l'identification et l'analyse des systèmes intégrés

J. Chabalière, Y. Quentin, C. Capponi & G. Fichant

16h35-16h40 : ELOGE : Integrated bioinformatics environment for cDNA-based gene expression profiling

P. Hingamp, S. Debono, S. Deraco, R. Tagett, S. Granjeaud, C. Bouttes, V. Stephan, P. Honoré, V. Fert & R. Houlgatte

16h40-16h45 : Design of a software platform for the analysis of breast cancer

D. Hill, C. Mazel, C. Gouinaud, JM. Petit, A. Aussem, V. Vidal, C. d'Incan & YJ. Bignon

16h45-16h50 : GENESIS : un programme dédié à l'évaluation de la fiabilité de l'identification génétique individuelle

N. Valiere

16h50-18h PAUSE/POSTERS

31 MAI : 9h30 -> 18h

Session modélisation de structures**Conférencier invité**

9h30-10h20 : Computational proteomics : machine learning protein structures

P. Baldi

10h20-10h40 : Compactage d'une base de structures protéiques recodées dans un alphabet structural

A. G. de Brevern & S. Hazout

10h40-10h45 : Co-evolution of RNA-binding domains : comparative modeling

X. Mannival, L. Ghisolfi-Nieto, G. Joseph, P. Bouvet & M. Erard

10h45-10h50 : SuMo: une méthode automatique de détection de similitudes structurales et fonctionnelles à la surface des protéines

M. Jambon, M. Errami, G. Deléages & C. Geourjon

Session modélisation de structures

11h05-11h25 : Combining protein secondary structure prediction models with ensemble methods of optimal complexity

Y. Guermeur
11h25-11h30 : Using constraint programming for learning from experiments transcriptional activation and the geometry of DNA

C. Boileau, J. Prados, H. Geiselman & L. Trilling

11h30-11h35 : Simulations Monte Carlo pour prédire la topologie de pôlypeptides

P. Derreumaux

11h35-12h30 : PAUSE/POSTERS

Session analyse de séquences**Conférencier invité**

14h30-15h20 : Titre non précisé

C Vivarès

15h05-15h25 : CL7 Determinants of CpG islands : expression in early embryo and isochore structure

L. Ponger, L. Duret & D. Mouchiroud

15h25-15h30 : Détermination de spécificités séquentielles caractérisant la localisation cellulaire des protéines de la levure *S. Cerevisiae*.

M.H. Mucchielli, P. Prum & F. Kepes

15h30-15h35 : A propos de la comparaison de structures secondaires d'ARN

L. Tichit & S. Dulucq

15h35-15h40 : Etude des contraintes sur l'usage du code génétique par un modèle de Markov conditionné par la traduction et phasé : cas des séquences codantes d'*Arabidopsis thaliana*

C. Mathé, A. Bouvier & F. Rodolphe

15h40-15h45 : Etudes des duplications intrachromosomiques chez les eucaryotes

G. Achaz, E. Coissac & P. Netter

15h45-15h50 : Homeobox gene cluster and the human genome paralogy map

F. Coulier, C. Popovici, M. Leveugle & D. Birnbaum

15h50-17h : PAUSE/POSTERS

Session analyse de séquences

17h00-17h20 : Classification de séquences protéiques : modélisation d'un critère de similitude en utilisant une typologie sur les relations entre protéines

L. Bize & B. Mangin

17h20-17h25 : Caractérisation des combinaisons de sites cis-régulateurs impliqués dans la régulation transcriptionnelle des gènes du développement chez la drosophile

D. Martin, B. Jacq, F. Maschat & D. Thieffry

17h25-17h30 : Utilisation de l'oracle des facteurs

A. Lefebvre & T. Lecroq

17h30-17h35 : Enhancing the accuracy of translation by synonymous codon usage in *Caenorhabditis elegans*

G. Marais & L. Duret

17h35-17h40 : Utilisation de la signature génomique pour la recherche de transferts horizontaux

C. Dufraigne, B. Fertil, A. Giron & P. Deschavanne

17h40-17h45 : Comparaison de l'usage des codons d'éléments transposables avec les gènes d'hôtes

E. Lerat, P. Capy & C. Biéumont

17h45-17h50 : Taux de recombinaison et distribution des éléments transposables dans le génome de *Drosophila melanogaster*

C. Rizzon, G. Marais, M. Gouy & C. Biéumont

17h55-18h : Statistical approaches for the analysis of immunoglobulin V-REGION IMGT data

C. Pommié, N. Syz, M. Ruiz, V. Giudicelli, R. Sabatier & MP. Lefranc

1er JUIN : 9h30 -> 17h

Session transcriptome/régulation

Conférencier invité

9h30-10h20 : Computational analysis of microarray data

M. Vingron

10h20-10h40 : Qualitative simulation of the initiation of sporulation in *B. subtilis*

H. de Jong, J. Geiselman, C. Hernandez & M. Page

10h40-10h45 : Automatic design of gene specific tags for transcriptome studies

V. Thareau, P. Dehais, P. Rouzé & S. Aubourg

10h45-10h50 : Une méthode pour la détection et la qualification des spots dans les images de biopuces

C. Gouinaud, V. Vidal & C. d'Incan

10h50-10h55 : Validation d'algorithmes de clustering chez la levure (*Saccharomices cerevisiae*) : cas de la réplication

I. Lesur & J.L. Campbell

10h55-11h00 : Classification de données d'expression : voisinage local et dimension

P. Brezellec, G. Didier & E. Remy

11h00-11h05 : Gene regulatory networks : hybrid models vs. timed automata

M. Nikolskaia

11h05h-12h00: PAUSE/POSTER

12h00-12h20 : Application du modèle AMMI à l'analyse de données d'expression génétique

S. Pinloche, G. Caraux, P. Dumas, O. Gascuel & Y. al Ghazi

12h20-12h40 : Regulations of the transcriptome adaptations to cellular environment: the yeast multidrug resistance phenomenon

P. Marc, F. Devaux, S. Le Crom, I. Hikkel & C. Jacq

Session analyse des séquences

14h30-15h20 : Titre non précisé

JM. Claverie

15h20-15h40 : In silico search of plant cis-acting regulatory elements

M. Lescot, S. Rombauts, G. Thijs, K. Marchal, B. de Moor, Y. Moreau & P. Rouzé

15h40-16h00 : Vers une modélisation des sites de décalage de cadre en -1 dans les génomes eucaryotes

A. Denise, M. Bekaert, L. Bidou, G. Duchateau-Nguyen, JP. Forest, C. Froidevaux, I. Hatin, JP. Rousset & M. Termier

16h00-16h20 : Définition de profils spécifiques d'enzymes pour la prédiction des voies métaboliques dans les génomes

C. Renard, C. Chevalet & D. Kahn

16h20-16h40 : Entre l'antagonisme et le mutualisme : le rôle évolutif des systèmes de restriction révélé par l'analyse comparative des fréquences de mots dans les génomes

E.P.C. Rocha, A. Danchin & A. Viari