

Lundi 10 juin : 9h00 – 21h30

Session 1 : Génomique, bases de données

Président : Laurent MOUCHARD

Invité

9h15–10h15 *Pathway/genome databases : concepts and software tools*
Peter D. KARP (États-Unis – Stanford Research Institute)

Communication

10h15–10h35 *GIN-Tools : vers une suite logicielle pour l'intégration, l'analyse, et la simulation des réseaux génétiques*
Claudine CHAOUÏYA, Claude SABATIER, Catherine VERHEECKE-MAUZE, Bernard JACQ et Denis THIEFFRY

Présentations flashs

10h35–10h40 *GeneDB : a repository for genome resources* (72)

Arnaud KERHORNOU et The Sanger Institute Pathogen Sequencing Unit

10h40–10h45 *Genopage : A database of all protein modules encoded by completely sequenced genomes* (39)

Sarah COHEN BOULAKIA, Christine FROIDEVAUX, Emmanuel WALLER et Bernard LABEDAN

10h45–10h50 *The Ensembl Project* (88)

Emmanuel MONGIN et al.

10h50–10h55 *RTKdb : database of receptor tyrosine kinase* (54)

Julien GRASSOT, Guy PERRIÈRE et Guy MOUCHIROUD

10h55–11h00 *HOPPSIGEN : une base de donnée dédiée à l'étude des rétropseudogènes* (58)

Adel KHELIFI, Isabelle GONÇALVES, Laurent DURET et Dominique MOUCHIROUD

11h00–12h00 **pause posters (pairs), flashs du matin**

Communications

12h00–12h20 *Le projet GénoGRID : une grille expérimentale pour la génomique*

Dominique LAVENIER, Hugues LEROY, Michel HURFIN, Rumen ANDONOV, Laurent MOUCHARD et Frédéric GUINAND

12h20–12h40 *Évolution des génomes des métazoaires*

Étienne DANCHIN, Laurent ABI-RACHED, André GILLES et Pierre PONTAROTTI

12h40–14h15 **pause déjeuner**

Session 2 : Génomique, évolution, phylogénie

Président : Alain GUÉNOCHE

Invité

14h15–15h15 *Protein topology – techniques for pattern matching, pattern discovery and structure comparison*

David GILBERT (Grande Bretagne – Bioinformatics Research Centre – Glasgow)

Communication

15h15–15h35 *TripleML : une méthode de reconstruction phylogénétique améliorant les méthodes de distances*

Vincent RANWEZ et Olivier GASCUEL

Présentations flashs

15h35–15h40 *Substitution matrices for contextual alignment* (60)

Anna GAMBIN et Jerzy TYSZKIEWICZ

15h40–15h45 *Recherche de motifs dans les arbres phylogénétiques* (56)

Jean-François DUFAYARD, Laurent DURET, Guy PERRIÈRE et François RECHENMANN

15h45–15h50 *Analysis of the phylogenetic distribution of isochores in vertebrates and a test of the thermal stability hypothesis* (18)

Elise BELLE

15h50–15h55 *Impact du contexte génomique sur l'insertion et l'évolution des rétropseudogènes* (57)

Isabelle GONÇALVES, Laurent DURET et Dominique MOUCHIROUD

- 15h55–16h00 *Compartimentation génomique par un chromosome hybride. Exemple des régions subtélomériques de Saccharomyces cerevisia* (43)
Alexandre DE BREVERN, France LOIRAT, Anne BADEL-CHAGNON, Pierre VINCENS et Serge HAZOUT
- 16h00–16h05 *Comparaison de la composition nucléotidique entre éléments transposables et gènes de leur hôte* (5)
Olivier ANDRIEU, Dominique ANXOLABÉHÈRE et Hadi QUESNEVILLE
- 16h05–17h05 **pause posters (impairs), flashs de l'après-midi**

Communications

- 17h05–17h25 *Phylogénies d'espèces estimées à partir d'un grand nombre de gènes*
Céline BROCHIER, Éric BAPTESTE et Hervé PHILIPPE
- 17h25–17h45 *L'estimation des variations du taux de recombinaison dans un génome eucaryote : limites méthodologiques*
Gabriel MARAIS
- 17h45–20h30 visite de Saint-Malo *intra-muros*
- 20h30–21h30 cocktail

Mardi 11 juin : 9h00 – 1h00

Session 3 : Annotations, motifs

Président : Guy PERRIÈRE

Invité

- 9h00–10h00 *Microbial protein annotation in SWISS-PROT*
Amos BAIROCH (Suisse – Swiss Institute of Bioinformatics – Genève)

Communication

- 10h00–10h20 *G+C3 structuring along the genome : A universal feature in Bacteria*
Vincent DAUBIN et Guy PERRIÈRE

Présentations flashs

- 10h20–10h25 *Corépartition de motifs le long d'une séquence : analyse statistique et application aux sites Chi chez E. coli* (65)
Gaëlle GUSTO et Sophie SCHBATH
- 10h25–10h30 *Comparaison de minisatellites* (21)
Sèverine BÉRARD et Éric RIVALS
- 10h30–10h35 *Un algorithme d'indexation de motifs approchés* (20)
Johann PELFRÈNE, Saïd ABDEDDAÏM et Joël ALEXANDRE
- 10h35–10h40 *MoDEL : Inférence de motifs avec un algorithme évolutionniste* (69)
David HERNANDEZ, Robin GRAS, Frédérique LISACEK et Ron D. APPEL
- 10h40–10h45 *Fouille de données à l'aide de HMM : application à la détection de répétitions intragénomiques* (66)
Sébastien HERGALANT, Bertrand AIGLE, Pierre LEBLOND et Jean-François MARI
- 10h45–10h50 *Apprentissage automatique de modèles de chaînes de Markov cachées pour la détection des gènes bactériens* (86)
Pierre NICOLAS, Philippe BESSIÈRES, Anne-Sophie TOCQUET, Kevin BRYSON, Bernard PRUM, Florence MURI et François RODOLPHE
- 10h50–10h55 *Traitement Statistique des Résultats de SELEX* (59)
Damien EVEILLARD et Yann GUERMEUR
- 10h55–11h00 *GénoLink, un outil d'exploration et d'annotation fonctionnelle de génomes* (75)
Laurent LABARRE, Jérôme WOJCIK, Alain MEIL, Jean-Louis DIVOL, Vincent SCHÄCHTER, Claudine MÉDIGUE, Yves VANDENBROUCK, Alain VIARI, François RECHENMANN et Patrick DURAND

11h00–12h00 **pause posters (impairs), flashs du matin**

Communications

- 12h00–12h20 *Integrating quality-based clustering of microarray data with Gibbs sampling for the discovery of regulatory motifs*
Yves MOREAU, Gert THIJS, Kathleen MARCHAL, Frank DE SMET, Janick MATHYS, Magali LESCOT, Stéphane ROMBAUTS, Pierre ROUZÉ et Bart DE MOOR
- 12h20–12h40 *Classification de données répétées issues de puces à ADN. Application à l'analyse de profils d'expression*
Olivier MARTIN, Gilles CELEUX et Christian LAVERGNE
- 12h40–14h30 pause déjeuner

Session 4 : Jam session (post-génomique, structure, bases de données, ...)

Président : Alain VIARI

Invité

14h30–15h30 *Successful combination of computational and experimental methods in post genomic drug discovery*
Mohammad AFSHAR (Grande Bretagne – *RiboTargets*)

Communication

15h30–15h50 *Simulation de la cinétique de repliement de molécules d'ARN avec pseudonœuds*
Alain XAYAPHOUMMINE et Hervé ISAMBERT

Présentations flashs

15h50–15h55 *Parallélisations d'une méthode de reconnaissance de repliements de protéines* (31)
Julien PLEY, Rumen ANDONOV, Jean-François GIBRAT, A. MARIN et V. POIRRIEZ

15h55–16h00 *L'analyse de protéines sur une grille de ressources informatiques* (25)
Christophe BLANCHET, Christophe COMBET et Gilbert DELÉAGE

16h00–16h05 *Vers une analyse bioinformatique des régions cis-régulatrices de Drosophila melanogaster à l'échelle génomique* (14)
D. MARTIN, M. LESCOT, F. MASCHAT, D. THIEFFRY et B. JACQ

16h05–16h10 *GATE : un modèle orienté objet dédié à l'analyse des éléments transposables des génomes eucaryotes* (104)
Carène RIZZON, Christian BIÉMONT et Manolo GOUY

16h10–16h15 *SubScript, une base de données dédiée aux expériences de transcriptome chez Bacillus subtilis* (89)
Sandrine MOREIRA, Laetitia MARISA, Antoine DANCHIN et Ivan MOSZER

16h15–16h20 *FLAGdb++, an integrative database around plant genomes* (7)

Sébastien AUBOURG, Franck SAMSON, Véronique BRUNAUD, Michel CABOCHE et Alain LECHARNY

16h20–16h25 *Modélisation d'un entrepôt de données dédié à l'analyse du transcriptome hépatique* (64)
Émilie GUÉRIN, Fouzia MOUSSOUNI, Brice COURSELAUD et Olivier LORÉAL

16h25–16h30 *Outil d'aide au clonage positionnel* (103)
Guénola RICARD, Sophie GALLINA et Philippe FROGUEL

16h30–17h30 **pause posters (pairs), flashs de l'après-midi**

Communications

17h30–17h50 *On the properties of sequences of reversals that sort a signed permutation*
Anne BERGERON, Cedric CHAUVE, Tzvika HARTMAN et Karine ST-ONGE

17h50–18h10 *Automatic classification of objects with propagation : an algorithm and its application to the identification of ABC transporters*
Julie CHABALIER, Yves QUENTIN, Gwennaële FICHANT et Cécile CAPPONI

18h10–19h30 forum emploi-formations ;
réunion du comité de programme JOBIM

20h30–1h00 diner de gala
concert des *Churchfitters*

Mercredi 12 juin : 9h00 - 16h20

Session 5 : Réseaux, données d'expression

Président : Denis THIEFFRY

Invité

9h00–10h00 *Inferring, modeling and simulating biopathways*
Satoru MIYANO (Japon – *Human Genome Center* – Tokyo)

Communication

10h00–10h20 *Analyse de données cinétiques de l'expression du génome : une approche par modélisation*
Pierre VINCENS, Myriam OUAKNINE, Anne BADEL-CHAGNON, Gaele LELANDAIS et Serge HAZOUT

Présentations flashes

- 10h20–10h25 *Qualitative modeling of the cell cycle in the fly* (13)
Marie-Christine VALLET, Bela NOVAK et Denis THIEFFRY
- 10h25–10h30 *PIMRider, une plate-forme intégrée d'exploration de grands réseaux d'interactions protéiques* (76)
Alain MEIL, Fabien PETEL, Patrick REYNAUD, Jérôme WOJCIK et Yvan CHEMAMA
- 10h30–10h35 *VisualGNA : a graphical user interface for the qualitative simulation of genetic regulatory networks* (68)
Céline HERNANDEZ, Hidde DE JONG, Johannes GEISELMANN et Michel PAGE
- 10h35–10h40 *Application de la classification supervisée au filtrage de phrase mentionnant des interactions géniques dans MedLine* (94)
Mohamed OULD ABDEL VETAH, Claire NÉDELLEC et Philippe BESSIÈRES
- 10h40–10h45 *Étude de données d'expression par analyse en composantes principales fonctionnelles* (11)
Vincent BARRA
- 10h45–10h50 *Deciphering cis-acting regulatory elements in plant and drosophila promoter sequences* (15)
Magali LESCOT, Gert THIJIS, Stephane ROMBAUTS, Patrice DÉHAIS, David MARTIN, Denis THIEFFRY, Bernard JACQ, Yves MOREAU, Pierre ROUZÉ et Jacques VAN HELDEN
- 10h50–10h55 *Heart differentially expressed genes revealed by EST sampling* (84)
Karine MÉGY, Stéphane AUDIC et Jean-Michel CLAVERIE
- 10h55–11h00 *Extraction de classes : application à des données d'analyse de gènes* (16)
Alain GUÉNOCHE et Magali LESCOT
- 11h00–12h00 **pause posters (pairs et impairs), flashes du matin**

Communications

- 12h00–12h20 *Séparation de sources pour l'analyse de données d'expression*
Pierre CHIAPPETTA, Marie-Christine ROUBAUD et Bruno TORRÉSANI
- 12h20–12h40 *Prediction, distribution and evolution of intrinsic transcription terminators in bacterial genomes*
Thierry VERMAT, Yves VANDENBROUCK, Alain VIARI et Yves D'AUBENTON CARAFA
- 12h40–14h30 pause déjeuner

Session 6 : Protéines, protéomique

Président : Gilbert DELÉAGE

Invité

- 14h30–15h00 *Highly parallelized cellular biochips*
Bruno LE PIOUFLE (France – ENS Cachan)

Communications

- 15h00–15h20 *New approaches of computational proteomics*
Robin GRAS, Markus MÜLLER, David HERNANDEZ, Patricia HERNANDEZ, Nadine ZANGGER, Patricia PALAGI, Pierre-Alain BINZ, Frédérique LISACEK et Ron D. APPEL
- 15h20–15h40 *SuMo : a software that detects 3D sites shared by protein structures*
Martin JAMBON, Anne IMBERTY, Gilbert DELÉAGE et Christophe GEOURJON
- 15h40–16h00 *Detection of non-related proteins in low identity multiple sequence alignments*
Mounir ERRAMI, Christophe GEOURJON et Gilbert DELÉAGE
- 16h00–16h20 *Étude bioinformatique des réseaux d'interactions : PRODISTIN, une nouvelle méthode de classification fonctionnelle des protéines*
Christine BRUN, Jérôme WOJCIK, Alain GUÉNOCHE et Bernard JACQ
- 16h20 clôture du colloque

Navette Palais du Grand Large - Gare SNCF pour le train de 17h22