



[Mot de passe oublié ?](#) [Créer un compte](#)

#### Navigation

[Accueil](#)  
[Description](#)  
[Fonctionnement de JOBIM virtuel](#)  
[Programme](#)  
[Actes de la conférence](#)  
[Mini-symposium](#)  
[Sessions e-Poster](#) ▼  
[Conférenciers invités](#)  
[Inscription](#)  
[Comités](#) ▼  
[Partenaires](#)  
[Twitter](#)  
[Slack](#)  
[Offres d'emploi](#)  
[Goodies](#)

#### SUPPORT

[Documentation](#)  
[@ Contact](#)

## Programme

[Semaine](#) [Mar. 30](#) [Mer. 01](#) [Jeu. 02](#) [Ven. 03](#) [Liste](#)

### mardi 30 juin 2020

Heures	événement
11:00 - 12:30	Test de connexion initial ( <a href="#">Salle 2</a> ) - jobim2020-contact@lirmm.fr
13:00 - 14:00	Ouverture ( <a href="#">Salle 1</a> )
13:00 - 13:10	> ouverture de JOBIM 2020 - -
13:10 - 13:50	> discours des invités d'honneur et créateurs de JOBIM Marie-France Sagot et Olivier Gascuel - -
13:50 - 13:55	> le mot de la SFBI - -
14:00 - 15:00	Keynote: Flora Jay ( <a href="#">Salle 1</a> ) - Creating Artificial Genomes using Generative Networks
15:00 - 15:10	Pause
15:10 - 16:10	Phylogénie et Evolution ( <a href="#">Salle 2</a> )
15:10 - 15:30	> A Fast Likelihood Method to Reconstruct and Visualize Ancestral Scenarios - <i>Anna Zhukova</i>
15:30 - 15:50	> Quantifying transmission dynamics of acute hepatitis C virus infections in a heterogeneous population using sequence data - <i>Gonché Danesh</i>
15:50 - 16:10	> Evolution of replication origins in vertebrate genomes: rapid turnover despite selective constraints - <i>Florian Massip</i>
15:10 - 16:10	Réseaux et Systèmes ( <a href="#">Salle 3</a> )
15:10 - 15:30	> Inferring ligand-receptor interactions from single-cell and bulk transcriptomic data - <i>Jacques Colinge</i>
15:30 - 15:50	> Formalizing and enriching phenotype signatures using Boolean networks - <i>Meline Wery</i>
15:50 - 16:10	> Inferring biochemical reactions and metabolite structures using a molecular transformation approach - <i>Gabriel Markov</i>
16:10 - 16:30	Pause
16:30 - 17:30	Posters & démos ( <a href="#">Salle virtuelle des posters</a> ) - 1

### mercredi 1 juillet 2020

Heures	événement
09:00 - 10:00	Keynote: Kjell Petersen ( <a href="#">Salle 1</a> ) - E-infrastructure, platforms and services provided by Elixir Norway
10:00 - 11:00	Posters & démos ( <a href="#">Salle virtuelle des posters</a> ) - 2
11:00 - 12:40	Session plateformes et services en bioinformatique ( <a href="#">Salle 2</a> )
11:00 - 11:20	> Ensembl 2020, data growth - Species Quick Release Processing - <i>Marc Chakiachvili</i>
11:20 - 11:40	> nf-core, a community effort for collaborative, peer-reviewed analysis pipelines - <i>Maxime Garcia</i>
11:40 - 12:00	> Fostering Open Science and FAIR practices among the IFB infrastructures : the OpenLink and maDMP4LS projects - <i>Julien Seiler / Olivier Collin</i>
12:00 - 12:20	> What's new on IFB NNCR Cluster(s) ? - <i>Gildas Le Corguille / Julien Seiler</i>
12:20 - 12:40	> Bio2M platform: find everything in your RNA-Seq data - <i>Anthony Boureux</i>
11:00 - 12:20	Statistiques et Apprentissage Automatique ( <a href="#">Salle 3</a> )
11:00 - 11:20	> Consensus clustering applied to multi-omic disease subtyping - <i>Marie-Galadriel Briere</i>
11:20 - 11:40	> Bringing ABC inference to the machine learning realm : AbcRanger, an optimized random forests library for ABC - <i>François-David Collin</i>
11:40 - 12:00	> On the accuracy in high-dimensional linear models and its application to genomic selection - <i>Charles-Elie Rabier</i>

Heures	événement
12:00 - 12:20	> Towards CNNs Representations for Small Data Classification - <i>Khawla Seddiki</i>
12:40 - 14:00	Pause
14:00 - 15:00	Keynote: Martin Weigt ( <a href="#">Salle 1</a> ) - Protein sequence landscapes: from data-driven models to evolution-guided sequence design
15:00 - 15:10	Pause
15:10 - 17:40	Mini Symp. Long reads ( <a href="#">Salle 1</a> ) - <a href="#">Programme</a>
15:10 - 17:40	> Long reads in the wide - <i>Jean-Marc Aury, Commissariat à l'Energie Atomique (CEA), Genoscope, Institut de Biologie François-Jacob - Vincent Lucroix, ERABLE, Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive UMR5558 - Hélène Touzet, 2. Univ. Lille, CNRS, Inserm, CHU Lille, Institut Pasteur de Lille, US 41 - UMS 2014 - PLBS, bilille, F-59000 Lille, France., 3. Univ. Lille, CNRS, Centrale Lille, UMR 9189 - CRISTAL - Centre de Recherche en Informatique Signal et Automatique de Lille, F-59000 Lille, France.</i>
15:10 - 17:40	Mini Symp. Deep learning ( <a href="#">Salle 2</a> ) - <a href="#">Programme</a>
15:10 - 17:40	> Deep learning for omics - <i>Laurent Jacob, Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive - Raphaël Mourad, Laboratoire de Biologie Cellulaire et Moléculaire du Contrôle de la Prolifération - Vera Pancaldi, Centre de Recherche en Cancérologie de Toulouse - Elissar Nasseredine, CBI, Toulouse - Vincent Rocher, Syndicat interdépartemental pour l'assainissement de l'agglomération parisienne - Mathys Grapotte, Sanofi-Aventis R&amp;D, Institut de Génétique Moléculaire de Montpellier, Laboratoire d'Informatique de Robotique et de Microélectronique de Montpellier - Arnaud Abreu, Laboratoire des sciences de l'ingénieur, de l'informatique et de l'imagerie</i>
15:10 - 17:40	Mini Symp. RNA structure ( <a href="#">Salle 3</a> ) - <a href="#">Programme</a>
15:10 - 17:40	> RNA structure, design and interaction with proteins - <i>Petr Sulc, Rockefeller University - Samuela Pasquali, Cibles Thérapeutiques et conception de médicaments - Fabrice Leclerc, Institut de Biologie Intégrative de la Cellule - Sebastian Will, Laboratoire d'Informatique de l'École polytechnique [Palaiseau]</i>

## jeudi 2 juillet 2020

Heures	événement
09:00 - 10:00	Keynote: Johannes Söding ( <a href="#">Salle 1</a> ) - Methods for the analysis of big data in metagenomics and systems medicine
10:00 - 11:00	Posters & démos ( <a href="#">Salle virtuelle des posters</a> ) - 3
11:00 - 12:00	Génomique Fonctionnelle ( <a href="#">Salle 2</a> )
11:00 - 11:20	> Automated Inference of Gene Regulatory Networks Using Explicit Regulatory Modules - <i>Clemence Reda</i>
11:20 - 11:40	> Chromosight: a computer vision based program for pattern recognition in chromosome contact maps - <i>Cyril Matthey-Doret</i>
11:40 - 12:00	> Reproducibility first: mining CLIP-seq data to understand the Exon Junction Complex - <i>Toni Paternina</i>
11:00 - 12:40	NGS & Algorithmique ( <a href="#">Salle 3</a> )
11:00 - 11:20	> Long-read error correction: a survey and qualitative comparison - <i>Pierre Morisse</i>
11:20 - 11:40	> UMI-VarCal: a new UMI-based variant caller that efficiently improves low-frequency variant detection in paired-end sequencing NGS libraries - <i>Vincent SATER</i>
11:40 - 12:00	> Towards a better understanding of the low discovery rate of short-read based insertion variant callers - <i>Wesley Delage</i>
12:00 - 12:20	> Overcoming uncollapsed haplotypes in long-read assemblies of non-model organisms - <i>Nadège Guiguelmoni</i>
12:20 - 12:40	> REINDEER: efficient indexing of k-mer presence and abundance in sequencing datasets - <i>Camille Marchet</i>
12:40 - 14:00	Pause
14:00 - 15:00	Keynote: Andrea Rau ( <a href="#">Salle 1</a> ) - Integrative and interactive analyses of multi-omics data
15:00 - 15:10	Pause
15:10 - 16:30	AG SFBI ( <a href="#">Salle 2</a> )
16:30 - 16:55	Présentation GDR-BIM ( <a href="#">Salle 2</a> )
16:55 - 17:20	Présentation IFB ( <a href="#">Salle 2</a> )
17:20 - 17:30	Présentation JeBIF ( <a href="#">Salle 2</a> )

## vendredi 3 juillet 2020

Heures	événement
09:00 - 10:20	Médecine Computationnelle ( <a href="#">Salle 1</a> )
09:00 - 09:20	> Guidelines for cell-type heterogeneity quantification based on a comparative analysis of reference-free DNA methylation deconvolution software - <i>Clémentine Decamps</i>
09:20 - 09:40	> Designing a statistical and user friendly application to analyse cell imaging - <i>Rachel Torchet</i>
09:40 - 10:00	> PRECISE: A domain adaptation approach to transfer predictors of drug response from pre-clinical models to tumors - <i>Soufiane Mourragui</i>
10:00 - 10:20	> Using the Human Cell Atlas for tracking SARS-CoV-2 entry factors - <i>Christophe Becavin</i>

Heures	événement
09:00 - 11:00	Protéines & Structure ( <a href="#">Salle 2</a> )
09:00 - 09:20	> Local conformations in ordered and intrinsically disordered proteins - <i>Alexandre G. de Brevern</i>
09:20 - 09:40	> A new mechanism of glucose transport by GluT1 discovered in molecular dynamics simulations - <i>Tatiana Galochkina</i>
09:40 - 10:00	> ComPotts: Optimal alignment of coevolutionary models for protein sequences - <i>Hugo Talibert</i>
10:00 - 10:20	> Docking of RNA Hairpin on Protein Using a Fragment-Based Method - <i>Antoine Moniot</i>
10:20 - 10:40	> Computational methods for RNA complexes secondary structure prediction - <i>Fariza Tahiri</i>
10:40 - 11:00	> InterPro: the protein classification database - <i>Typhaine Paysan-Lafosse</i>
11:00 - 11:15	Pause
11:15 - 12:15	Keynote: Nuria Lopez-Bigas ( <a href="#">Salle 3</a> ) - Computational analysis of cancer genomes
12:15 - 12:30	Clôture ( <a href="#">Salle 3</a> )

Personnes connectées : 2

