

Programme des journées du PEPI IBIS

Jeudi 6 juin

9h30 - 10h : accueil & café

10h - 10h30 : présentation des journées et du PEPI IBIS

Session thématique "Nouvelles technologies et nouveaux outils"

Keynote : Apprentissage profond pour la prédiction de phénotypes à partir de données d'expression. **Blaise Hanczar**, Laboratoire Informatique, Biologie Intégrative et Systèmes Complexes

11h15 - 11h40 SNPPer, un outil web maison de visualisation des SNPs et de leurs effets le long du génome. **Frédérique Bitton**

11h40 - 11h55 ViSEAGO: Easier data mining of biological functions organized into clusters using Gene Ontology and semantic similarity. **Aurélien Brionne**

11h55 - 12h20 Identification d'ARNs long codants avec feelNS. **Fabrice Legeai**

12h30 - 14h00 : pause déjeuner (buffet)

Session thématique "Reproductibilité - Containerisation - Nextflow / Snakemake"

Keynote : Pourquoi et comment créer du code Facile à identifier, Accessible, Interopérable et Réutilisable ? **Claire Toffano-Nioche**, CNRS

14h45 - 15h10 Utilisation de Snakemake pour la détection de variants sur la plateforme EPITRANS/IPS2 Paris-Saclay. **Joseph Tran**

15h10 - 15h35 Vers un système d'informations global dédié à la sélection chez les plantes, bilan après 10 années passées à l'Inra. **Yannick De Oliveira**

15h35 - 16h00 [titre à venir]. **Jacques Lagnel**

16h00 - 16h30 : pause

Session thématique "Analyses de données -omics"

16h30 - 16h55 Detection of transcriptional regulatory motifs specific to plant gene responses in stress conditions. **Margot Correa**

16h55 - 17h20 Détection de variations structurales chez le blé tendre. **Hélène Rimbart**

17h20 - 17h45 Etude fonctionnelle du microbiote racinaire par des approches de méta-transcriptomique. **Susete Alves Carvalho**

17h45 - 18h10 Transcriptomique par RNA-Seq avec ou sans référence chez les légumineuses. **Jonathan Kreplak**

18h30 : Apéritif

Vendredi 7 juin

8h45 - 9h : accueil

Session thématique "Biostatistiques"

Keynote : Corrélations, explications et limites. **Marie-Laure Martin-Magniette**

9h45 - 10h10 On the use of interaction terms in GLMs to model complex experimental designs: the example of RNA-Seq data. **Hugo Varet**

10h10 - 10h35 Identification of new proteins involved in a biological process by analyzing protein-protein interaction networks extracted from quantitative mass spectrometry data. **Marie-Hélène Mucchielli**

10h35 - 11h : pause

Session thématique "Analyses de données -omics"

Keynote : Single-cell sequencing @ UCAGenomiX. **Kevin Lebrigand**, IPMC, CNRS

11h45 - 12h10 Bioinformatique et pan-génomique du maïs, retour d'expérience et défis. **Johann Joëts**

12h10 - 12h35 Biogéographie des microorganismes des sols à l'échelle de la France. **Sébastien Terrat**

12h35 - 14h : pause déjeuner (buffet)

Session thématique "Analyses de données -omics"

Keynote : Introduction à l'analyse bioinformatique de données *shotgun*. **Florian Plaza-Onate**, MetaGenoPolis, INRA

14h45 - 15h10 Comparaison d'outils pour l'inférence et la fouille de réseaux bactériens au sein du microbiote intestinal humain. **Louisa Hadj Abed**

15h10 - 15h50 Présentation des services proposés par les plateformes bioinformatiques ([Genotoul](#), [Migale](#), [URGI](#)). **Claire Hoede, Valentin Loux, Hadi Quesneville**

15h50 - 16h : clôture des journées