



—Mardi 7 septembre 2010—

09h00–10h00 Accueil des participants

10h00–10h15 Présentation de Jobim

10h15–11h05 Conférence invitée

Algorithmic Challenges from New Sequencing Technologies

S. RAHMANN

11h05–11h10 Présentation courte – poster 1

Characterization of the Bcl-2 family using structure-aided HMM framework

A. AOUACHERIA, V. RECH DE LAVAL, G. DELÉAGE et C. COMBET

11h10–11h15 Présentation courte – poster 2

Fast and accurate multiple sequence alignment of large and diversified sets of distant homologues

M. BARBA, O. LESPINET et B. LABEDAN

11h15–11h20 Présentation courte – poster 3

Functional and structural disorder: comparative genomics and genetic interactions distinguish functional roles of disorder

J. BELLAY, S. HAN, M. MICHAUT, G. BADER, C. MYERS et P. KIM

11h20–11h25 Présentation courte – poster 4

Computational analysis of the dynamics of logical regulatory graphs

D. BÉRENGUIER, C. CHAOUIYA, É. RÉMY et D. THIEFFRY

11h25–11h30 Présentation courte – poster 5

A Rendering Method for Small Molecules up to Macromolecular Systems: HyperBalls Accelerated by Graphics Processors

M. CHAVENT, A. VANEL, B. LEVY, B. RAFFIN, A. TEK et M. BAADEN

11h30–12h00 Pause café

12h00–12h25 Présentation longue

Design and exploitation of a versatile *Arabidopsis* whole-Genome Tiling Array

C. BÉRARD, S. DÈROZIER, S. BALZERGUE, T. MARY-HUARD, F. ROUDIER, S. ROBIN, A. LECHARNY, V. COLOT, M. CABOCHE, S. AUBOURG et M.-L. MARTIN-MAGNIETTE

12h25–12h50 Présentation longue

Structural and functional genomics in grapevine through FLAGdb++

S. DÈROZIER, C. GUICHARD, F. SAMSON, J.-P. TAMBY, V. BRUNAUD, V. THAREAU, C. CARON, M. TCHOUMAKOV, R. BACILIERI, A.-F. ADAM-BLONDON et S. AUBOURG

12h50–13h15 Présentation longue

Bioinformatic predictions and experimental validation of cis-regulatory modules in development: Application to cardiogenesis in *D. melanogaster*

D. POTIER, S. AERTS, C. HERRMANN et L. PERRIN

13h15–14h30 Pause déjeuner

14h30–15h20 Conférence invitée

Human Genome Diversity: from demography to natural selection

G. LAVAL¹

15h20–15h25 Présentation courte – poster 6

Lineage-specific orthologous gene loss and pseudogenisation, automated analysis in Metazoans

J. DAINAT, J. THOMPSON, O. POCH, P. PONTAROTTI et P. GOURET

15h25–15h30 Présentation courte – poster 7

Plume: Promoting Economical, Useful and Maintained Software for the Higher Education and the Research Community

C. DANTEC et E. COURCELLE

15h30–15h35 Présentation courte – poster 8

The IntAct molecular interaction database and data distribution with PSICQUIC

M. DUMOUSSEAU, S. ORCHARD, B. ARANDA, S. KERRIEN, J. KHADAKE, M. DUESBURY et H. HERMJAKOB

15h35–15h40 Présentation courte – poster 9

IMGT/3Dstructure-DB and tools for immunoglobulins (IG) or antibodies, T cell receptors (TR), MHC, IgSF and MhcSF structural data

F. EHRENMANN et M.-P. LEFRANC

15h40–15h45 Présentation courte – poster 10

MetaBoFlux: a method to analyse flux distribution in metabolic networks

A. GHOZLANE, F. BRINGAUD, F. JOURDAN et P. THÉBAULT

15h45–15h50 Présentation courte – poster 11

IMGT-ONTOLOGY for immunogenetics and immunoinformatics information systems

V. GIUDICELLI et M.-P. LEFRANC

15h50–17h00 Pause café – Session posters (n° 1 à 11 et 27 à 60)

17h00–17h25 Présentation longue

An efficient algorithm for gene/species trees parsimonious reconciliation with losses, duplications, and transfers

J.-P. DOYON, C. SCORNAVACCA, G. SZÖLLŐSI, V. RANWEZ et V. BERRY

17h25–17h50 Présentation longue

Replication-associated mutational strand asymmetry in the human genome

¹En remplacement de L. QUINTANA-MURCI.

C.-L. CHEN, B. AUDIT, L. DUQUENNE, G. GUILBAUD, A. RAPPAILLES, Y. D'AUBENTON-CARAFI,
O. HYRIEN, A. ARNEODO et C. THERMES

17h50–17h55 Présentation courte – poster 12

CoBaltDB: Complete bacterial and archaeal orfeomes subcellular localization database and associated resources

D. GOUDENÈGE, S. AVNER, C. LUCCHETTI-MIGANEH et F. BARLOY-HUBLER

17h55–18h00 Présentation courte – poster 13

Origin of Phenotypic Specificities in Wine Yeast through a Genomic Approach

C. GUÉRIN, H. CHIAPELLO et P. NICOLAS

18h00–18h05 Présentation courte – poster 14

Structural Analysis of Proteins with Tandem Repeats by Hybrid Approaches

A. KAJAVA

18h05–18h10 Présentation courte – poster 15

Evaluating Genome Browsers Using a Software Qualification Method

T. LACROIX, V. LOUX, A. GENDRAULT, J.-F. GIBRAT et H. CHIAPELLO

18h10–18h15 Présentation courte – poster 16

Web Services for Microbial Genome Annotation using Data Integration

C. MICHOTEY, L. LEGRAND, H. CHIAPELLO, V. LOUX, A. GENDRAULT, J.-F. GIBRAT et C. CARON

18h30–... Apéritif

—*Mercredi 8 septembre 2010*—

09h00–09h30 Assemblée de la SFBI

09h30–10h20 Conférence invitée

Dynamic Assembly of Proteins: characterization, prediction and design

R. GUEROIS

10h20–10h25 Présentation courte – poster 17

Exact distribution of a pattern in a set of random sequences

G. NUEL, L. REGAD, J. MARTIN et A.-C. CAMPROUX

10h25–10h30 Présentation courte – poster 18

Influence of the rearrangement rates on the organization of genome transcription

D. PARSONS, C. KNIBBE et G. BESLON

10h30–10h35 Présentation courte – poster 19

METEOR – a platform for quantitative metagenomic profiling of complex ecosystems

N. PONS, J.-M. BATTO, S. KENNEDY, M. ALMEIDA, F. BOUMEZBEUR, B. MOUMEN, P. LÉONARD, E. LE CHÂTELIER, S. EHRLICH et P. RENAULT

10h35–10h40 Présentation courte – poster 20

Prediction of patterns of interest from protein primary sequence through structural alphabet

C. REYNÈS, L. REGAD, R. SABATIER et A.-C. CAMPROUX

10h40–10h45 Présentation courte – poster 21

Scalability of large-scale protein domain inference

C. REZVOY, D. KAHN et F. VIVIEN

10h45–12h00 Pause café – Session posters (n° 12 à 21 et 61 à 95)

12h00–12h25 Présentation longue

Structural-alphabet motifs in protein loop structures: from structure to function

L. REGAD, J. MARTIN et A.-C. CAMPROUX

12h25–12h50 Présentation longue

Protein sequences classification by means of feature extraction with substitution matrices

R. SAIDI, M. MADDOURI et E. MEPHU-NGUIFO

12h50–13h15 Présentation longue

Exploring the Monochromatic Landscape in Yeast using Genetic Interactions and Known Processes Reveals the Importance of Protein Complexes

M. MICHAUT, A. BARYSHNIKOVA, M. COSTANZO, C. MYERS, B. ANDREWS, C. BOONE et G. BADER

13h15–14h30 Pause déjeuner

14h30–15h20 Conférence invitée

Biodiversity and DNA Barcoding

P. TABERLET

15h20–15h25 Présentation courte – poster 22

Counting RNA pseudoknotted structures

C. SAULE, M. RÉGNIER, J.-M. STEYAERT et A. DENISE

15h25–15h30 Présentation courte – poster 23

Computational biology exploration of the enzymatic diversity of an uncharacterised prokaryotic protein family

A. SMITH, M. SALANOUBAT, J. WEISSENBACH, C. MÉDIGUE et D. VALLENET

15h30–15h35 Présentation courte – poster 24

The Small, Slow and Specialized CRISPR and Anti-CRISPR of *Escherichia* and *Salmonella*

M. TOUCHON et E. ROCHA

15h35–15h40 Présentation courte – poster 25

Differentiation of allelic frequencies analysis identifies short genomic regions with signatures of artificial selection between canine breeds

A. VAYSSE, A. RATNAKUMAR, T. DERRIEN, K. LINDBLAD-TOH, C. ANDRÉ, M. WEBSTER et C. HITTE

15h40–15h45 Présentation courte – poster 26

ppALIGN: posterior probabilities for score-based alignments

S. WOLFSHEIMER, A. HARTMANN et G. NUEL

15h45–16h15 Pause café

16h15–16h40 Présentation longue

Ultra-fast sequence clustering from similarity networks with SiLiX

V. MIELE, S. PENEL et L. DURET

16h40–17h05 Présentation longue

Integrating *omics* data by using a gene neighboring based distance

P. BORDRON, D. EVEILLARD et I. RUSU

17h05–17h30 Présentation longue

Piecewise smooth hybrid systems as models for networks in molecular biology

V. NOËL, S. VAKULENKO et O. RADULESCU

17h30–18h30 Départ en bus pour le Château du POUGET

18h30–... Soirée de Gala

—Jeudi 9 septembre 2010—

09h30–10h00 Assemblée du GdR BiM

10h00–10h10 Présentation de JeBiF

10h10–11h00 Conférence invitée

Computational Engineering of Synthetic Gene Circuits

J. STELLING

11h00–12h00 Pause café – Session posters (n° 22 à 26 et 96 à 128)

12h00–12h25 Présentation longue

Parametric robustness in gene networks: reliable functioning with unreliable components

O. RADULESCU, A. GORBAN et A. ZINOVYEV

12h25–12h50 Présentation longue

The carbon assimilation network in *Escherichia coli* is densely connected and largely sign-determined by directions of metabolic fluxes

V. BALDAZZI, D. ROPERS, Y. MARKOWICZ, D. KAHN, J. GEISELMANN et H. DE JONG

12h50–13h15 Présentation longue

Weighted-Lasso for Structured Network Inference from Time Course Data

C. CHARBONNIER, J. CHIQUET et C. AMBROISE

13h15–14h30 Pause déjeuner

14h30–15h20 Conférence invitée

Cells, Images and Numbers: a numerical view at biological imaging

J.-C. OLIVO-MARIN

15h20–15h45 Présentation longue

Genetic dissection of post-transcriptional regulation of gene expression

M. CLÉMENT-ZIZA et A. BEYER

15h45–16h10 Présentation longue

Mining microarray data for regulatory interactions with TranscriptomeBrowser

A. BERGON, C. LEPOIVRE, F. LOPEZ, D. THIEFFRY, J. IMBERT, C. BRUN, C. HERRMANN et D. PUTHIER

16h10 Clôture de JOBIM 2010 – Présentation de JOBIM 2011

Journées satellites

—*Lundi 6 septembre 2010*—

Biodiversité et Bioinformatique :

Journée organisée par Nicolas GALTIER et Arnaud ESTOUP.

Cette réunion satellite a pour objectif de faire un tour d’horizon des avancées conceptuelles et technologiques récentes en bioinformatique pour l’écologie et l’évolution, et de favoriser les échanges entre les chercheurs de cette communauté et ceux de la bioinformatique moléculaire.

Les recherches visant à décrire, comprendre, et prédire la diversité du vivant s’appuient traditionnellement sur une forte composante de biostatistique et modélisation. Ces dernières années, l’apparition de jeux de données massifs dans de nombreux domaines (séquençage, génotypage, morphologie, traits d’histoire de vie, démographie, analyses spatiales) ont stimulé le développement de méthodes, algorithmes, bases de données et logiciels dédiés à l’analyse de la biodiversité.

Site web : <http://www.jobim2010.fr/?q=fr/node/24>

Contact : Nicolas.Galtier@univ-montp2.fr

Débuter une carrière en bioinformatique :

Journée organisée par l’Association RSG-France – JeBiF.

Comment choisir son laboratoire de thèse ? Comment trouver un postdoc ? Partir aux États-Unis ou pas ? Est-ce possible de travailler dans le privé avec une formation en bioinformatique ? Y a-t-il des postes en bioinformatique dans le secteur académique ? Un début de carrière en bioinformatique est souvent source de nombreuses questions. L’objectif de cette journée satellite est de regrouper toutes les personnes intéressées par ces questions, pour les poser ou y répondre, et de les discuter tous ensembles sous la forme de différentes tables rondes.

Site web : <http://www.jebif.fr/>

Contact : iscb.rsg.france@gmail.com

MOQA (Méta-données et Ontologies pour la Qualité des Annotations):

Journée organisée par Isabelle MOUGENOT.

La journée satellite MOQA se veut un lieu d’échange propice à des discussions scientifiques fructueuses autour des modèles de données et de connaissances dans les sciences du vivant. L’accent est, plus volontiers, mis sur la génomique fonctionnelle, et notamment sur l’interprétation des séquences biologiques, cependant tout autre champ d’investigation du vivant reste le bienvenu. En effet, il s’agit plutôt, au travers cette journée, de débattre de problèmes qui restent ouverts dans les sciences du vivant, comme par exemple de traiter de l’importance de disposer de données de qualité et partageables ou encore de systèmes interopérables.

Les thématiques listées ci-dessous seront tout particulièrement d'intérêt :

- annotation, méta-données, qualité et traçabilité ;
- annotations des séquences, standards de données et interprétations des séquences biologiques ;
- vocabulaires contrôlés et ontologies en biologie ;
- approches du Web Sémantique et intégration en bioinformatique.

La journée MOQA est un prolongement, en terme d'activité d'animation, des journées satellites JOBIM nommées OGSB'05 et OGSB'06 et des actions concertées incitatives (ACI IMPBio) OntoBio et IsiBio.

La journée reprendra les thèmes introduits lors de la journée MOQA du GdR BiM. La jour-née sera organisée de manière concertée avec la journée Annotation des génomes (le vendredi 10 septembre).

Site web : <http://www.jobim2010.fr/?q=fr/node/38>

Contact : isabelle.mougenot@lirmm.fr

ModgraphII (Modèles graphiques probabilistes pour l'intégration de données hétérogènes et la découverte de modèles causaux en biologie):

Journée organisée par Florence D'ALCHÉ-BUC, Simon DE GIVRY, Louis WEHENKEL, Philippe LERAY, Gérard RAMSTEIN et Christine SINOQUET.

Initiée à l'occasion de JOBIM, en 2009, la journée thématique MODGRAPH est destinée à rassembler des chercheurs en bioinformatique, biologie et mathématiques, s'intéressant, dans le domaine de la fouille de données complexes, à l'utilisation des modèles graphiques probabilistes, pour résoudre des problèmes posés par la recherche en biologie. Ces modèles, dont font partie les réseaux bayésiens, permettent de décrire des relations causales entre variables d'intérêt, au moyen de graphes probabilisés. Les réseaux bayésiens se révèlent un outil adapté pour obtenir des connaissances à partir de données caractérisées par une part d'incertain et découvrir des liens entre les données. Ce formalisme est actuellement situé au cœur d'une recherche en plein essor, notamment en bioinformatique. Dans ce domaine, la liste des champs d'application est longue : annotation structurale et fonctionnelle des protéines ; alignement multiple et reconstruction phylogénétique ; sélection robuste de variables pour l'analyse du transcriptome ; inférence de réseaux de régulation de gènes, y compris de réseaux à structure variable au cours du temps ; extraction de sous-structures modulaires dans les réseaux biologiques ; diagnostic médical, prévision d'évolution de maladies ; identification de facteurs causaux dans les maladies ; analyse de liaison génétique ; reconstruction d'haplotypes ; intégration de données hétérogènes...

Lors de la journée, conférences et communications présentent un ensemble de travaux récents ou en cours de développement, centrés sur l'apprentissage et l'inférence statistique liées à ce type de modèle, ainsi que sur des applications en biologie. Moment convivial de discussions et d'échanges, cette journée anime la thématique des réseaux bayésiens et autres modèles graphiques probabilistes, dans le domaine de la bioinformatique.

Site web : <http://www.lina.univ-nantes.fr/conf/modgraph2010/>

Contact : modgraph@univ-nantes.fr

—Vendredi 10 septembre 2010—

Annotations des génomes et génomique comparée :

Journée organisée par Karyn MÉGY et Stéphanie SIDIBÉ-BOKS.

Le but de cette journée satellite GTGC est de discuter des stratégies, des outils et des résultats relatifs à l'annotation et à la comparaison de génomes.

Avec l'avancée des techniques de séquençage et la réduction de leur coût, nous assistons à une explosion de génomes séquencés. Mais le séquençage en lui-même n'est qu'une première étape, l'annotation et la comparaison de ces génomes sont nécessaires pour une exploitation optimale de ces données. Lors de cette journée, différents groupes présenteront l'avancée de leur recherche en matière d'annotation et de comparaison de génomes.

Site web : <http://www.jobim2010.fr/?q=fr/node/42>

Contact : kmegy@ebi.ac.uk

Modélisation dynamique et simulation des réseaux biologiques :

Journée organisée par Grégory BATT, Jérémie BOURDON, Claudine CHAOUIYA, Hidde DE JONG, Damien EVEILLARD, Adrien RICHARD, Delphine ROPERS, Olivier ROUX, Anne SIEGEL et Denis THIEFFRY.

Il existe une forte activité en France autour des méthodes mathématiques et informatiques permettant d'étudier les caractéristiques de la dynamique des réseaux biologiques. Il s'agit de faire un point sur les récentes avancées de cette thématique. Cette réunion a également pour but d'animer la communauté de la thématique, notamment en permettant aux jeunes doctorants ou post-doctorants de présenter leurs travaux et dialoguer avec un panel de chercheurs du domaine.

Cette journée satellite se place dans la continuité des journées du même nom organisée depuis 2003.

Site web : <http://www.jobim2010.fr/?q=fr/node/36>

Contact : satellite_modelisation@sympa.univ-nantes.fr

—Le Réseau National de BioInformatique—

Descriptif : Les différentes institutions françaises en charge de la recherche dans le domaine des sciences de la vie ont choisi d'unir leurs efforts pour mettre en œuvre une politique concertée en termes d'infrastructures. Dans le domaine de la bioinformatique cette stratégie a permis de structurer un réseau qui forme un centre national virtuel (ReNaBi). Ce réseau est une structure de concertation et de coordination qui a pour objectif de favoriser la coordination de l'activité des plateformes et de mieux répondre aux besoins des équipes de recherche en biologie (utilisant des approches expérimentale ou *in silico*), à travers notamment :

- la mise à disposition et l'aide à l'utilisation de logiciels et de moyens de calcul performants ;
- la facilitation de l'accès aux données publiques ;
- de l'accompagnement de projets ;
- une offre de formation dans le domaine des méthodes et des outils bioinformatiques.

ReNaBi contribue à l'animation scientifique et cherche à favoriser la valorisation des résultats des travaux de recherche en bioinformatique réalisés par les équipes nationales. Le réseau participe aussi à l'intégration des plateformes de bioinformatique nationales dans l'infrastructure européenne et internationale (projet Européen ELIXIR). Pour atteindre ces objectifs, les membres de ReNaBi s'efforcent de mutualiser leurs efforts :

- en se concertant pour planifier et organiser les actions d'animation, de support et de formation ;
- en favorisant les échanges de compétences et la réutilisation du code développé sur les différentes plateformes
- en s'associant pour construire des projets impliquant plusieurs plateformes notamment pour la mise au point et le développement d'outils
- en coordonnant la communication relative aux ressources offertes par les différentes plateformes
- en contribuant de façon coordonnée aux initiatives visant à structurer une infrastructure bioinformatique à l'échelle européenne et internationale.

Fonctionnement : ReNaBi bénéficie d'un budget de 50 K€/an (GIS IBI SA) permettant de soutenir des actions de coordination et d'animation qui contribuent aux objectifs du réseau.

Ateliers thématiques il s'agit de favoriser les échanges de savoir faire entre les plateformes sur un thème donné ;

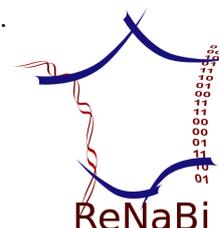
Journées scientifiques elles ont pour objectif de rassembler biologistes et bio informaticiens pour faire le point sur les méthodes et outils dans un domaine scientifique ou technologique donné ;

JOBIM il s'agit de la conférence nationale annuelle de bioinformatique, pendant laquelle sont présentés de nombreux travaux impliquant les plateformes ;

Coordination internationale il s'agit de garantir la présence française dans les structures de coordination des infrastructures bioinformatiques européennes et internationales (prise en charge de cotisations et de frais de mission) ;

Projets transversaux il s'agit du soutien à la coordination de projets réalisés en collaboration entre plusieurs plateformes (financement de réunions de travail, etc.).

Pour plus de détails, voir le site : <http://www.renabi.fr/>



—*Le GdR « Bioinformatique Moléculaire »*—

Le GdR 3003 intitulé « Bioinformatique Moléculaire » (BiM) est une structure d'animation scientifique, pluridisciplinaire créée par le CNRS en 2006, et renouvelée pour quatre ans en 2010. Il rassemble une communauté de plus de 100 équipes en France, totalisant plus de 1 100 chercheurs, enseignants-chercheurs et ingénieurs des différentes disciplines mères de la bioinformatique : biologie, informatique, mathématiques, physique. Le GdR contribue à l'animation scientifique et la structuration de la communauté bioinformatique, et participe à la réflexion prospective sur les enjeux de la recherche en bioinformatique en France et à l'international. Il sert de porte voix à notre communauté vers les instances du CNRS.

Le GdR permet l'organisation de manifestations scientifiques de part son soutien financier. Par exemple pour l'année 2010 : l'atelier « Statistical Methods for Post-Genomic Data » en janvier à Marseille, le Colloque « Bioinformatique et Séquençage Haut-Débit » en mars à Paris, la conférence JOBIM en septembre à Montpellier, ainsi que des écoles jeunes chercheurs telles que « l'École de Printemps en Apprentissage au Tomatique » en mai en baie de Somme. Quatre appels à propositions de manifestations sont envoyés chaque année en direction de la communauté, auxquels les porteurs de manifestations répondent en soumettant une demande financière légère qui est ensuite évaluée par le comité scientifique du GdR. Si approbation le montant du soutien est transféré du GdR vers un compte d'un laboratoire CNRS. Le GdR finance aussi des échanges de doctorants ou jeunes docteurs entre équipes, pour des séjours courts.

Le GdR couvre toutes les thématiques de la discipline bioinformatique. Pour la période 2010-2013, cinq axes thématiques sont recensés comme prioritaires :

1. Analyse des séquences
2. Évolution, phylogénie et génomique comparative
3. Structure et interactions des macromolécules
4. Transcriptome, protéome, modélisation, inférence et analyse des réseaux biologiques.
5. Axe transversal sur les données Haut-débit.

Le comité directeur pour la période 2010-2013 est formé d'un directeur, Éric RIVALS (CNRS, Montpellier), et de deux directeurs adjoints, Sophie SCHBATH (INRA Jouy-en-Josas) et Eduardo ROCHA (Pasteur, Paris). Le GdR est soutenu par l'Institut des sciences biologiques (INSB) et l'Institut des sciences informatiques et de leurs interactions (INS2I) du CNRS.

Pour plus de détails, voir le site : <http://www.gdr-bim.fr>

Liste des posters

Les 26 premiers posters font également l'objet de présentations courtes durant la conférence.

1. Characterization of the Bcl-2 family using structure-aided HMM framework
A. AOUACHERIA, V. RECH DE LAVAL, G. DELÉAGE et C. COMBET
2. Fast and accurate multiple sequence alignment of large and diversified sets of distant homologues
M. BARBA, O. LESPINET et B. LABEDAN
3. Functional and structural disorder: comparative genomics and genetic interactions distinguish functional roles of disorder
J. BELLAY, S. HAN, M. MICHAUT, G. BADER, C. MYERS et P. KIM
4. Computational analysis of the dynamics of logical regulatory graphs
D. BÉRENGUIER, C. CHAOUIYA, É. RÉMY et D. THIEFFRY
5. A Rendering Method for Small Molecules up to Macromolecular Systems: HyperBalls Accelerated by Graphics Processors
M. CHAVENT, A. VANEL, B. LEVY, B. RAFFIN, A. TEK et M. BAADEN
6. Lineage-specific orthologous gene loss and pseudogenisation, automated analysis in Metazoans
J. DAINAT, J. THOMPSON, O. POCH, P. PONTAROTTI et P. GOURET
7. Plume: Promoting Economical, Useful and Maintained Software for the Higher Education and the Research Community
C. DANTEC et E. COURCELLE
8. The IntAct molecular interaction database and data distribution with PSICQUIC
M. DUMOUSSEAU, S. ORCHARD, B. ARANDA, S. KERRIEN, J. KHADAKE, M. DUESBURY et H. HERMIAKOB
9. IMGT/3Dstructure-DB and tools for immunoglobulins (IG) or antibodies, T cell receptors (TR), MHC, IgSF and MhcSF structural data
F. EHRENMANN et M.-P. LEFRANC
10. MetaBoFlux: a method to analyse flux distribution in metabolic networks
A. GHOZLANE, F. BRINGAUD, F. JOURDAN et P. THÉBAULT
11. IMGT-ONTOLOGY for immunogenetics and immunoinformatics information systems
V. GIUDICELLI et M.-P. LEFRANC
12. CoBaltDB: Complete bacterial and archaeal orfeomes subcellular localization database and associated resources
D. GOUDENÈGE, S. AVNER, C. LUCCHETTI-MIGANEH et F. BARLOY-HUBLER
13. Origin of Phenotypic Specificities in Wine Yeast through a Genomic Approach
C. GUÉRIN, H. CHIAPELLO et P. NICOLAS
14. Structural Analysis of Proteins with Tandem Repeats by Hybrid Approaches
A. KAJAVA

15. Evaluating Genome Browsers Using a Software Qualification Method
T. LACROIX, V. LOUX, A. GENDRAULT, J.-F. GIBRAT et H. CHIAPELLO
16. Web Services for MIcrobial Genome Annotation using Data Integration
C. MICHOTEY, L. LEGRAND, H. CHIAPELLO, V. LOUX, A. GENDRAULT, J.-F. GIBRAT et C. CARON
17. Exact distribution of a pattern in a set of random sequences
G. NUEL, L. REGAD, J. MARTIN et A.-C. CAMPROUX
18. Influence of the rearrangement rates on the organization of genome transcription
D. PARSONS, C. KNIBBE et G. BESLON
19. METEOR – a platform for quantitative metagenomic profiling of complex ecosystems
N. PONS, J.-M. BATTO, S. KENNEDY, M. ALMEIDA, F. BOUMEZBEUR, B. MOUMEN, P. LÉONARD, E. LE CHÂTELIER, S. EHRLICH et P. RENAULT
20. Prediction of patterns of interest from protein primary sequence through structural alphabet
C. REYNÈS, L. REGAD, R. SABATIER et A.-C. CAMPROUX
21. Scalability of large-scale protein domain inference
C. REZVOY, D. KAHN et F. VIVIEN
22. Counting RNA pseudoknotted structures
C. SAULE, M. RÉGNIER, J.-M. STEYAERT et A. DENISE
23. Computational biology exploration of the enzymatic diversity of an uncharacterised prokaryotic protein family
A. SMITH, M. SALANOUBAT, J. WEISSENBACH, C. MÉDIGUE et D. VALLENET
24. The Small, Slow and Specialized CRISPR and Anti-CRISPR of *Escherichia* and *Salmonella*
M. TOUCHON et E. ROCHA
25. Differentiation of allelic frequencies analysis identifies short genomic regions with signatures of artificial selection between canine breeds
A. VAYSSE, A. RATNAKUMAR, T. DERRIEN, K. LINDBLAD-TOH, C. ANDRÉ, M. WEBSTER et C. HITTE
26. ppALIGN: posterior probabilities for score-based alignments
S. WOLFSHEIMER, A. HARTMANN et G. NUEL
27. IMGT/HighV-QUEST: A High-Throughput System and Web Portal for the Analysis of Rearranged Nucleotide Sequences of Antigen Receptors - High-Throughput Version of IMGT/V-QUEST
E. ALAMYAR, V. GIUDICELLI, P. DUROUX et M.-P. LEFRANC
28. "GenoVA", a new approach to assess intraspecies genetic variability in complex genomic mixes
M. ALMEIDA, N. PONS, J.-M. BATTO, E. LE CHÂTELIER, F. BOUMEZBEUR, N. SANCHEZ, N. LEGRAVET, C. DELORME, S. KENNEDY, S. EHRLICH et P. RENAULT
29. DroPNet: Bioinformatics web platform for functional and proteomics data analysis
A. BAILLIE, M. AGIER, E. MEPHU-NGUIFO et V. MIROUSE
30. Conformational Rearrangements of Lipases Investigated by Molecular Dynamics Simulations
S. BARBE, F. BORDES, A. MARTY, L. MOUREY, S. TRANIER, P. MONSAN, M. REMAUD-SIMÉON et I. ANDRÉ
31. MolliGen 3.0, evolution of a database dedicated to the comparative genomics of molluscans
A. BARRÉ, C. LEMAÎTRE, P. THÉBAULT, A. DE DARUVAR, A. BLANCHARD et P. SIRAND-PUGNET

32. UniProt knowledge database and cross references
B. BELY et M. JESUS-MARTIN
33. Extension of SEGM web server to stochastic evolution of tetranucleotides and pentanucleotides
E. BÉNARD et C. MICHEL
34. RENABI GRISBI - Grande Infrastructure pour la Bioinformatique
C. BLANCHET, C. GAUTHEY, O. COLLIN, T. MARTIN, N. MELAB, F. PLEWNIAK, F. SAMSON, B. SPATARO et C. CARON
35. Reliable identification of hundreds of proteins without peptide fragmentation
P. BOCHET, F. RÜGHEIMER, T. GUINA, P. BROOKS, D. GOODLETT, P. CLOTE et B. SCHWIKOWSKI
36. PROTIC workshop: a bioinformatics environment for proteomics data analysis, validation and integration
J.-P. BOUCHET, D. JEANNIN, K. LEYRE, M. FAUROBERT, L. GIL, D. JACOB, A. DE DARUVAR, C. LALANNE, C. PLOMION, R. FLORÈS, B. VALOT, M. ZIVY, O. LANGELLA et J. JOETS
37. An exhaustive mapping method for NGS short reads reveals deficiency of heuristic approaches
F. BOUMEZBEUR, N. PONS, J.-M. BATTO, M. GIRAUD, P. RENAULT et S. EHRlich
38. Exploring the transcriptional response of *Arabidopsis* under stress conditions by a graph-mining approach highlights new insights into key metabolic pathways
F. BOYER, F. COMBES, A. LINDLOF, J. BOURGUIGNON et Y. VANDENBROUCK
39. Development of a workflow for SNP detection with Galaxy
M. BRAS et S. ARNOUX
40. Définition de patchs 3D et fouille relationnelle pour la caractérisation et la prédiction de sites d'interactions protéine-protéine
E. BRESSO, M. SMAÏL-TABBONE et M.-D. DEVIGNES
41. Mining sequence similarity and microsynteny for functional inference
V. CALDERON, R. BARRIOT, S. DE BENTZMANN, Y. QUENTIN et G. FICHANT
42. The EvolScope project : an extension of the MicroScope platform to study the evolution of bacterial polymorphism from high-throughput sequencing data
B. CHANE-WOON-MING, G. SALVIGNOL, D. VALLENET, S. CRUVEILLER et C. MÉDIGUE
43. Transposition detection using NGS approaches in Asian Rice
C. CHAPPARO, M. ELBAIDOURI, N. PICAULT, O. PANAUD et F. SABOT
44. MGCA: a flexible tool for phylogenomic analysis of prokaryotic genomes
K. CHENNEN, P. LECHAT, É. HIRCHAUD, R. CAHUZAC, P. DEHOUX et C. DAUGA
45. A joint experimental and simulation study of aging and protein aggregation in *E. coli*
A.-S. COQUEL, A. DEMAREZ, H. BERRY et A. LINDNER
46. MetExplore: a web server to link metabolomic experiments and genome-scale metabolic networks
L. COTTRET, D. WILDRIDGE, F. VINSON, M. BARRETT, M.-F. SAGOT, H. CHARLES et F. JOURDAN
47. Gene-rich Domains of the Mammalian Chromatin Display Oscillatory Contact Frequencies
F. COURT, J. MIRO, C. BRAEM, M.-N. LE LAY-TAHA, A. BRISEBARRE, F. ATGER, T. GOSTAN, M. WEBER, G. CATHALA et T. FORNÉ
48. RNAspace: a web application for ncRNA identification
M.-J. CROS, A. DE MONTE, J. MARIETTE, P. BARDOU, D. GAUTHERERT, H. TOUZET et C. GASPIN

49. MGX – Montpellier GenomiX: Plateforme de services en génomique
C. DANTEC, J.-P. DESVIGNES, É. DUBOIS, A. BRISEBARRE, G. BARONIAN, H. PARRINELLO,
 D. SÉVERAC, S. LIBAT et L. JOURNOT
50. Identification of cis-regulatory elements and functional associations from clusters of
 genes co-expressed during *Drosophila* zygotic activation
É. DARBO, T. LECUIT, D. THIEFFRY et J. VAN HELDEN
51. ARPAS: logiciel de gestion de collection de ressources biologiques
S. DEMEY, F. BIMET, E. BÉGAUD, D. CLERMONT, B. CAUDRON, B. PAPIEROK et C. BIZET
52. SNiPlay, a web application for SNP analysis
A. DEREPPER, S. NICOLAS, L. LECUNFF, R. BACILIERI, A. DOLIGEZ, J.-P. PEROS, P. THIS
 et M. RUIZ
53. Discriminating between spurious and significant matches
H. DEVILLERS, M. EL KAROUI et S. SCHBATH
54. Using R for data management in plant ecophysiology information systems
C. DOMERG, J. FABRE, V. NÈGRE, P. NAUDIN, V. GEORGESCU et A. TIREAU
55. MeRy-B: a web knowledgebase for the storage, visualization, analysis and annotation
 of plant metabolomics profiles obtained from NMR
H. DUMAZET, L. GIL, C. DEBORDE, A. MOING, S. BERNILLON, D. ROLIN, A. DE DARUVAR
 et D. JACOB
56. The PSICQUIC Interface – a portal into the world of the Interactome
M. DUMOUSSEAU, S. ORCHARD, B. ARANDA, S. KERRIEN et H. HERMJAKOB
57. Assessing bioinformatics tools for metalloproteins identification: the iron-sulphur pro-
 teins case study
J. ESTELLON, S. OLLAGNIER DE CHOUDENS, S. ALVES-CARVALHO, M. FONTECAVE et Y.
 VANDENBROUCK
58. Using ontologies for R functions management
 J. FABRE, C. DOMERG, É. GENNARI, A. GRANIER, V. NÈGRE, P. NEVEU et A. TIREAU
59. Logical modelling of the regulatory network controlling the formation of egg appendages
 in *Drosophila*
A. FAURÉ, B. VREEDE, É. SUCENA et C. CHAOUIYA
60. Comparison of mapping softwares for next generation sequencing data
J. FAYOLLE, J.-F. GIBRAT, V. LOUX et S. SCHBATH
61. Towards a multi-scale and formalized representation of protein sequence-structure-
 function relationships – the nSLTP family as a case of study
C. FLEURY, M.-F. GAUTIER, P. LARMANDE, S. PÉRÈS, F. DE LAMOTTE, F. MOLINA et M.
 RUIZ
62. CSPD: a database and search engine for carbonylated proteins
S. GAGNOT, S. DUKAN, C. BROCHIER-ARMANET et E. TALLA
63. Polymorfind: an automatic pipeline for detecting SNP and indel in sequences of PCR
 products from heterozygous species
S. GAILLARD, F. FOUCHER et A. PERNET
64. Mixed-formalism hierarchical modeling and simulation with BioRica
A. GARCIA, D. SHERMAN et R. ASSAR
65. Logical modelling of MAPK pathways
L. GRIECO, L. CALZONE, A. ZINOVYEV, B. KAHN-PERLES et D. THIEFFRY
66. Bio++: Object-oriented libraries for sequence analysis, population genetics, molecular
 evolution and phylogenetics
 L. GUÉGUEN, J. DUTHEIL, S. GAILLARD, B. BOUSSAU, G. DUGAS et K. BELKHIR

67. Prédiction de la structure secondaire des protéines : mise en œuvre optimisée de l'architecture en cascade
Y. GUERMEUR et F. THOMARAT
68. Chado Controller: un superviseur pour la confidentialité, la qualité et le suivi des annotations
V. GUIGNON, G. DROC, C. POIRON, J. LENGELLE, O. GARSMEUR, F.-C. BAURENS et S. SIDIBÉ-BOCS
69. HBVdb: A knowledge database for the *Hepatitis B Virus*
J. HAYER, F. JADEAU, G. DELÉAGE et C. COMBET
70. Validation automatique des sites de phosphorylations par comparaison de scores et intégration d'annotations protéiques sur des données LC/MS-MS
V. HOURDEL, O. JARDIN-MATHE et M. VANDENBOGAERT
71. BYKdb: A database of bacterial tyrosine kinases
F. JADEAU, C. GRANGEASSE, G. DELÉAGE et C. COMBET
72. Role of geography and languages in shaping population genetic structure
F. JAY, O. FRANÇOIS et M. BLUM
73. T-REKS and PRDB: new tools for large scale analysis of protein tandem repeats
J. JORDA et A. KAJAVA
74. RNA-seq data analysis provides evidence for a new molecular mechanism generating antisense transcripts in human cells
P. KAPRANOV, F. OZSOLAK, S. KIM, S. FOISSAC, D. LIPSON, C. HART, S. ROELS, C. BOREL, S. ANTONARAKIS, A. MONAGHAN, B. JOHN et P. MILOS
75. Using HOARE logic for constraining parameters of discrete models of gene networks
Z. KHALIS, G. BERNOT et J.-P. COMET
76. Control of lipase enantioselectivity by engineering the substrate binding site: An investigation using mixed molecular modelling and robotic-based path planning approaches
V. LAFQUIÈRE, S. BARBE, D. GUIEYSSE, J. CORTES, P. MONSAN, T. SIMÉON, M. REMAUD-SIMÉON et I. ANDRÉ
77. IMGT/LIGMotif: a tool for immunoglobulin and T cell receptor gene identification and description in large genomic sequences
J. LANE, P. DUROUX et M.-P. LEFRANC
78. Orylink: a personalized integrated system for plant functional genomic analysis
P. LARMANDE et G. DROC
79. MobyNet: user-centered large spectrum service integration over distributed sites
S. LARROUDÉ, J. MAUPETIT, H. MÉNAGER, B. NÉRON, A. SALADIN, B. CAUDRON et P. TUFFÉRY
80. Un visualisateur dynamique de synténie pour génomes microbiens
P. LECHAT, J. TORRENT et I. MOSZER
81. TriAnnot V2.0 a friendly web interface for monocot genomic sequences automatic annotation
P. LEROY, H. SAKAI, F. CHOLET, N. GUILHOT, M. SEIDEL, H. OHYANAGI, A. BERNARD, C. PELEGRIN, T. FLUTRE, S. REBOUX, M. ALAUX, H. NUMA, T. TANAKA, N. AMANO, K. MAYER, T. ITOH, H. QUESNEVILLE et C. FEUILLET
82. Bovine promoter annotation platform for the identification of transcription factor binding sites in genes involved in early pregnancy
M. LEVEUGLE, V. LOUX et J.-F. GIBRAT
83. OrthoInspector : comprehensive orthology analysis and visual exploration
B. LINARD, J. THOMPSON, O. POCH et O. LECOMPTE

84. Reconstruction and validation of the genome-scale metabolic model of *Yarrowia lipolytica* iNL750
N. LOIRA et D. SHERMAN
85. Development of knowledge-based system for analysing the effects of single nucleotide polymorphisms on the protein function
T. LUU, N. NGUYEN, A. FRIEDRICH, J. MULLER, L. MOULINIER et O. POCH
86. Exploring the biodiversity of the world largest ecosystem: BioMarKs project first results and bioinformatics challenges
F. MAHÉ, S. AUDIC, R. CHRISTEN, J.-M. CLAVERIE, H. OGATA, J. DOLAN, B. EDVARDSEN, W. KOOISTRA, R. MASSANA, J. PAWLOWSKI, T. RICHARDS, T. STOECK et C. DE VARGAS
87. A Novel Approach for Comparative Genomics & Annotation Transfer
A. MANCHERON, R. URICARU et É. RIVALS
88. Génolevures, bases de connaissance et annotation des génomes des levures hémiascomycètes
T. MARTIN, D. SHERMAN et P. DURRENS
89. 3D Printing Service @ RPBS – MTi
J. MAUPETIT, B. VILLOUTREIX et P. TUFFÉRY
90. Logical modelling of drosophila signalling pathways
A. MBODJ, D. BÉRENGUIER, G. JUNION, E. FURLONG et D. THIEFFRY
91. VectorBase, a home for invertebrate vectors of human pathogens
K. MÉGY, G. KOSCIELNY et D. LAWSON
92. Assemblage de génomes bactériens séquencés par NGS : comparaison d'outils et choix de paramètres
F. MELCHIORE, C. GUÉRIN, P. NICOLAS et V. LOUX
93. Towards the unbiased prioritization of Huntington Disease targets using network-based analysis of genome-wide datasets
 L. MESROB, F.-X. LEJEUNE, C. BICEP, J.-P. VERT et C. NERI
94. PEPOP ou le design de peptides ciblant des épitopes discontinus
V. MOREAU, V. DEMOLOMBE, G. LAVIGNE, È. DUPAS et C. GRANIER
95. TuberGAS: annotation and visualization of the Black Truffle genome
E. MORIN, B. HILSELBERGER, É. TISSERANT, B. BRAULT, B. NOËL, B. PORCEL, J. AMSELEM, P. WINCKER et F. MARTIN
96. GWAS-AS: assistance for a thorough evaluation of advanced algorithms dedicated to genome-wide association studies
T. MORISSEAU, R. MOURAD, C. DINA, P. LERAY et C. SINOQUET
97. Investigate Genome Structure and Genes Regulation: a Novel Approach to Identify a Co-Expression Among and Between Groups of Nearby Genes
M. QUEDRAOGO, S. LÊ et F. LECERF
98. Anatomy of druggable pockets and associated ligands
S. PÉROT et A.-C. CAMPROUX
99. Digital gene expression data, cross-species conservation and noncoding RNA
N. PHILIPPE, F. RUFFLÉ, É. BOU-SAMRA, A. BOUREUX, É. RIVALS et T. COMMES
100. BioDesc : gestion d'un entrepôt multiformat de descriptions de ressources bioinformatiques
 P. PICOUET, Z. DOUGHI, L. BRILLET, E. CORRE, C. CARON, O. COLLIN, F. MOREEWS et X. BAILLY
101. IMGT/mAb-DB: the IMGT® database for therapeutic monoclonal antibodies
C. POIRON, Y. WU, C. GINESTOUX, F. EHRENMANN, P. DUROUX et M.-P. LEFRANC

102. Food-Microbiome, une étude d'éco-génomique appliquée à des écosystèmes fromagers
N. PONS, S. KENNEDY, A. HERMET, E. LE CHÂTELIER, M. ALMEIDA, J.-M. BATTO, F. BOUMEZBEUR, B. QUINQUIS, N. GALLERON, J.-L. JANY, G. BARBIER, Y. BRYGOO, C. DELORME, E. GUÉDON et P. RENAULT
103. ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery
N. PULLANDRE, A. LAMBERT, S. BROUILLET et G. ACHAZ
104. PALmapper: Fast and Accurate Spliced Alignments of RNA-seq Reads
G. RAETSCH, G. JEAN, A. KAHLES, S. SONNENBURG, F. DE BONA, K. SCHNEEBERGER, J. HAGMANN et D. WEIGEL
105. Sequence analysis of the proteins involved in CaCO₃ biomineralization
P. RAMOS-SILVA, F. MARIN, G. DELÉAGE et C. COMBET
106. Hierarchical classification of helical distortions related to proline
J. REY, J. DEVILLÉ et M. CHABBERT
107. Stratégie de recherche et d'annotations de nouvelles synthétases non-ribosomiales à partir de génomes bactériens
Z. SACI, M. PUPIN, J. DRAVEL, F. KRIER, S. CABOCHE, P. JACQUES et V. LECLÈRE
108. RNA locally optimal secondary structures
A. SAFFARIAN, M. GIRAUD et H. TOUZET
109. Functional prediction in the scope of large-scale multi-class learning
R. SAIDI, S. ARIDHI, M. AGIER, G. BRONNER, D. DEBROAS, L. D'ORAZIO, F. ENAULT, S. GUILLAUME et E. MEPHU-NGUIFO
110. Comparing graph-based representations of protein for mining purposes
R. SAIDI, M. MADDOURI et E. MEPHU-NGUIFO
111. POTChIPS: a new method for ChIP-chip data analysis
F. SALIPANTE, C. REYNÈS, L. JOURNOT, C. DANTEC et R. SABATIER
112. Processus d'analyse statistique pour la découverte de biomarqueurs en diagnostic médical
N. SALVETAT, È. DUPAS, K. KAMINSKI et F. MOLINA
113. Estimating the size of the *S. cerevisiae* interactome
L. SAMBOURG et N. THIERRY-MIEG
114. Development and optimization of metagenomic analyses
L. SIEGWALD, F. TEXIER et C. HUBANS-PIERLOT
115. BioInformatic analyses of sex-determination in Tilapia (*Oreochromis spp*)
L. SOLER, M. CONTE, T. KOCHER, J.-F. BAROILLER, H. D'COTTA et I. MOUGENOT
116. Pipeline for the pre-processing of Illumina reads
É. SOUCHE, S. BRISSE et I. MOSZER
117. A high throughput multi-technological Research Information Management System for the Joomla CMS: DJEEN
O. STAHL, A. GUILLE, P. FINETTI, P. GRENOT et G. BIDAUT
118. Proteoscan-DB: an open-source pipeline for automatic validation of phosphopeptides from CID MS spectra
M. TAUZIN, A. LERMINE, M. ROSSIGNOL et C. NESPOULOUS
119. EuPathDomains: The Divergent Domain Database for Eukaryotic Pathogens
N. TERRAPON, A. GHOUILA, O. GASCUEL, F. GUERFALI, D. LAOUINI, É. MARÉCHAL et L. BRÉHÉLIN
120. TFM-Explorer: mining cis-regulatory regions in genomes
L. TONON, H. TOUZET et J.-S. VARRÉ
121. PhyloWeb : A dynamic web viewer for microbial population genetics
J. TORRENT, G. GUIGON et I. MOSZER

122. Can we link metagenome gene content and iron supply in the ocean?
È. TOULZA, A. TAGLIABUE, L. BOPP, S. BLAIN et G. PIGANEAU
123. A platform for real-time control of gene expression
J. UHLENDORF, S. BOTTANI, F. FAGES, P. HERSEN et G. BATT
124. Oasys : Un outil dédié à la visualisation et à l'exploration des données de biopuces
A.-S. VALIN, L. MARISA, L. VESCOVO, È. THOMAS, M. GUEDJ, R. SCHIAPPA, J. LAFFAIRE,
 F. PETEL et A. DE REYNIES
125. ISSaga, a platform for identification and semi-automatic annotation of prokaryotic insertion sequences
A. VARANI, P. SIGUIER, É. GOURBEYRE, V. CHARNEAU et M. CHANDLER
126. Wheat and barley data in GnpIS, The URGI information system
D. VERDELET, M. ALAUX, N. MOHELLIBI, S. DURAND, E. KIMMEL, I. LYUTEN, S. REBOUX, D. STEINBACH et H. QUESNEVILLE
127. Topological characteristics of the functionalization process for duplicated genes in PPI networks of *Arabidopsis thaliana*
R. ZAAG, É. BIRMELEÉ et C. RIZZON
128. S-MART: how to handle your RNA-Seq data?
M. ZYTNICKI et H. QUESNEVILLE