

Programme des Journées MATHSTIC

« Algorithmique génomique »

Faculté des sciences d'Orsay, Salle 103, Bâtiment 338, à Orsay.
[Inscription](mailto:Stephane.Vialette@lri.fr) par mail à Stephane.Vialette@lri.fr ou rivals@lirmm.fr

Jeudi 24 novembre 2005

9h30 - 10h00 : accueil - café

10h00 - 10h15 : présentation des journées

Session « Alignement »

10h15 - 11h00 : Édition et alignement de séquences arc-annotées selon une approche basée sur les arbres.

Claire Herrbach, Alain Denise, Serge Dulucq, Hélène Touzet.

11h00 - 11h45 : Un cadre pour la combinaison d'heuristiques sur les alignements de séquence afin d'annoter les gènes

Sarah Djebali, Franck Delaplace, Hugues Roest Crolius

Session « Algorithmique combinatoire »

11h45 - 12h30 : Computing common intervals of K permutations, with applications to modular decomposition of graphs

Anne Bergeron, Cedric Chauve, **Fabien de Montgolfier**, Mathieu Raffinot

12h30 - 14h00 : temps repas

Session « Algorithmique combinatoire » suite

14h00 - 15h00 : Combinatorial search on graphs motivated by bioinformatics applications: a case study and generalizations

Vladimir Grebinski, **Gregory Kucherov**

Session « Algorithmique du texte »

15h00 - 15h45 : Validation de tableaux de bords

Jean-Pierre Duval, Thierry Lecroq, **Arnaud Lefebvre**

15h45 - 16h30 : pause café

16h30 - 17h15 : Des arbres de suffixes aux vecteurs de suffixes

Élise Prieur, Thierry Lecroq

Vendredi 25 novembre 2005

Session « Répétitions »

9h00 - 9h45 : Filtre exact de sélection de longues répétitions approchées, utilisant une nouvelle structure de donnée : le tableau des bi-facteurs

Pierre Peterlongo, Nadia Pisanti, Frédéric Boyer, Marie-France Sagot

9h45 - 10h30 : Détection de microsattellites dans les génomes : un problème insoluble ?

Sébastien Leclercq, Philippe Jarne, Eric Rivals.

10h30 - 11h00 : pause café

11h00 - 11h45 : Pyramid diagram: detecting and visualizing the organization of repetitive sequences in genomes

Patrick Durand, Frédéric Mahé, Mathieu Giraud, Anne-Sophie Valin, Jacques Nicolas.

Session « Motifs »

11h45 - 12h30 : Localisation à grande échelle de motifs nucléiques décrits par des matrices position-poids

Aude Liefoghe, Hélène Touzet et Jean-Stéphane Varré

12h30 - 13h30 : temps repas

Session « Motifs » suite

13h30 - 14h15 : Recherche de motifs pour les sources corrélées

Jérémie Bourdon et Brigitte Vallée

Session « Statistique des séquences »

14h15 - 15h00 : Approximation de Poisson pour le nombre de répétitions dans une séquence markovienne.

Narjiss Touyar, **Sophie Schbath**

15h00 - 15h30 : accueil - café

15h30 - 16h15 : Nouvelle approximation de Poisson composée pour le comptage d'une famille de mots rares dans une séquence markovienne

Etienne Roquain

16h15 - 17h00 : FADO : une méthode statistique pour détecter des distances évitées ou favorisées entre deux motifs le long d'une séquence.

Gaëlle Gusto, **Sophie Schbath**

17h00 : clôture des journées

Soutiens :

- CNRS Département STIC
- GDR Algorithmique, Langage et Programmation
- Laboratoire de Recherche en Informatique UMR 8623 (CNRS-Université Paris-Sud)
- Laboratoire d'Informatique, de Robotique et de Microélectronique de Montpellier UMR 5506 (CNRS-Université Montpellier II)
- Université Paris-Sud