

Mardi 9 juin 2009

9h00-9h45	Accueil des participants + café
9h45-10h15	Présentation Jobim
10h15-11h30	Selection and randomness in evolution or selection of randomness in evolution ? <i>Christian Gautier</i>
11h30-12h00	Single-nucleotide substitution rates increase during the replication S phase of the human genome. <i>Chun-Long Chen, Aurélien Rappailles, Lauranne Duquenne, Maxime Huvet, Guillaume Guilbaud, Benjamin Audit, Yves d'Aubenton-Carafa, Alain Arneodo, Olivier Hyrien and Claude Thermes.</i>
12h-12h30	Présentations flash (5min) *
12h30-14h30	Pause déjeuner
14h30-15h30	Computational Short Read Metagenomics. <i>Jens Stoye</i>
15h30-16h00	Counting patterns in degenerated sequences. <i>Gregory Nuel</i>
16h00-17h00	Pause café + posters
17h00-17h30	How to measure the robustness of bacterial genome comparisons ? <i>Hugo Devillers, Hélène Chiapello, Meriem El Karoui and Sophie Schbath.</i>
17h30-18h00	Improved sensitivity and reliability of anchor based genome alignment. <i>Raluca Uricaru, Celia Michotey, Laurent Noe, Hélène Chiapello and Eric Rivals.</i>
18h00-18h30	Drug dosage control of the HIV infection dynamics. <i>Marie-José MHAWEJ and Claude H. Moog. S</i>
19h00	Cocktail de bienvenue à la mairie de Nantes

*Les flashes :

- **EuGène Maize : A gene prediction web tools for maize.** *Pierre Montalent and Johann Joets.*
- **Intégration automatique d'une ontologie de domaine dans un annuaire Biomoby.** *Julien Wollbrett, Pierre Larmande and Manuel Ruiz.*
- **Estimation of sequence errors and capacity of genomic annotation in transcriptomic and DNA-protein interaction assays based on next generation sequencers.** *Nicolas Philippe, Anthony Boureux, Laurent Bréhélin, Jorma Tarhio, Thérèse Commes and Eric Rivals.*
- **Oenococcus oeni genome plasticity associated with adaptation to wine, an extreme ecological niche.** *Elisabeth Bon, Arnaud Delaherche, Eric Bilhere, Cécile Miot-Sertier, Pascal Durrens, Antoine De Daruvar, Aline Lonvaud-Funel and Claire Le Marrec.*
- **Databases of homologous gene families for comparative genomics.** *Simon Penel, Anne-Muriel Arigon, Vincent Daubin, Pascal Calvat, Stephane Delmotte, Jean-Francois Dufayard, Manolo Gouy, Guy Perriere, Anne-Sophie Sertier and Laurent Duret.*

Mercredi 10 juin 2009

9h00-10h00	What directs a transcription factor to its target sites ? New insights from ChIP-Seq data analysis. <i>Philipp Bucher</i>
10h00-10h30	Détection de nouveaux domaines protéiques par co-occurrence : application à <i>Plasmodium falciparum</i>. <i>Nicolas Terrapon, Olivier Gascuel and Laurent Brehelin.</i>
10h30-11h00	Pause café + posters
11h00-11h30	Système de classes chevauchantes pour la recherche de protéines multifonctionnelles. <i>Emmanuelle Becker, Alain Guénoche and Christine Brun.</i>
11h30-12h00	Utilisation d'ontologies de tâches et de domaine pour la composition semi-automatique de services Web bioinformatiques. <i>Nicolas Lebreton, Christophe Blanchet, Julie Chabaliere and Olivier Dameron.</i>
12h-12h30	Présentations flash (5min) *
12h30-14h30	Pause déjeuner
14h30-15h30	Le recodage : Qu'est-ce que c'est ? A quoi ça sert ? Comment ça marche ? Et la bioinformatique dans tout ça ? <i>Jean-Pierre Rousset</i>
15h30-16h00	Probabilistic modeling of tiling array expression data. <i>Aurelie Leduc, Stephane Robin, Philippe Bessieres and Pierre Nicolas.</i>
16h00-17h00	Pause café + posters
17h00-17h30	Master regulator analysis reveals key transcription factors for Germinal Center formation. <i>Celine Lefebvre, Mariano Alvarez, Presha Rajbhandari, Wei Keat Lim and Andrea Califano.</i>
17h30-18h00	Cellular automata modeling of intercellular genetic regulatory networks. <i>Anne Crumiere.</i>
18h00-18h30	Using reliable and surprising item sets for the characterization of Protein-Protein interfaces. <i>Christine Martin and Antoine Cornuéjols.</i>
18h30- 19h30	Assemblée générale de la Société Française de Bio-Informatique (SFBI)
19h30	Visite guidée de l'île de Nantes
20h30	Repas de Gala sur l'île de Nantes

*Les flashes :

- **ace.map – a comprehensive tool for advanced microarray analysis.** *Guillaume Brysbaert, Brice Targat, Nicolas Tchitchek, Jose Felipe Golib Dzib, Christophe Bécavin, Sebastian Noth and Arndt Benecke.*
- **Crossing genome and transcriptome: deciphering links between structure and function in *Arabidopsis thaliana* genes.** *Véronique Brunaud, Virginie Bernard, David Armisén, Jean-Philippe Tamby, Séverine Gagnot, Sandra Derozier, Franck Samson, Cécile Guichard, Marie-Laure Martin-Magniette, Alain Lechary and Sebastien Aubourg.*
- **Generalized Peptide Mass Fingerprinting on whole-cell HPLC-MS proteomics experiments.** *Pascal F. Bochet, Frank Rügheimher, Tina Guina, David R. Goodlett, Peter Clote and Benno Schwikowski.*
- **Multiple perturbation mapping of biological systems.** *Magali Michaut and Gary Bader.*
- **Dynamic modelisation of transcriptional regulatory networks involved in yeast antifungal resistance.** *Jennifer Becq, Sophie Lèbre, Frédéric Devaux and Gaëlle Lelandais.*

Jeudi 11 juin 2009

9h00-10h00	Tackling regulatory networks : from biological models to theorems, and vice-versa. <i>Denis Thieffry</i>
10h00-10h30	FUNGIpath: a new tool for analysing the evolution of fungal metabolic pathways. <i>Sandrine Grossetete, Bernard Labedan and Olivier Lespinet.</i>
10h30-11h00	Pause café + Posters
11h00-11h30	Detecting Network Motifs by Local Concentration. <i>Etienne Birmele.</i>
11h30-12h00	Meristematic Waves, a new approach to root architecture dynamics. <i>Lionel Dupuy, Matthieu Vignes, Blair McKenzie and Philip White.</i>
12h-14h00	Pause déjeuner
14h00-15h00	Méthodes d'analyse de séquences et de structures 3D de protéines et leur intégration au sein de Webiciels. <i>Gilbert Deleage</i>
15h00-15h30	Construction et analyse d'un modèle tridimensionnel du complexe [(SLR1738-Zn-Fe)₂-ADN]. <i>Paul Garcin, Olivier Delalande, Corinne Cassier-Chauvat, Franck Chauvat et Yves Boulard.</i>
15h30-16h00	A geometric knowledge-based coarse-grained scoring potential for structure prediction evaluation. <i>Sébastien Lorient, Frédéric Cazals, Michael Levitt and Julie Bernauer.</i>
16h00-16h30	Bilan annuel du GDR BIM Cloture de JOBIM 2009 et présentation de JOBIM 2010
16h30-16h45	