



# SeqBio 2012

Marne-la-Vallée  
26 & 27 novembre 2012

Les journées **SeqBio 2012** réunissent les chercheurs qui travaillent en France sur l'algorithmique et la combinatoire du texte, avec des applications à l'analyse bio-informatique des séquences biologiques. Elles sont organisées par le LIGM, dans le cadre du groupe de travail **COMATEGE** (*Combinatoire des mots, algorithmique du texte et du génome*), avec le soutien de l'Université Paris-Est Marne-la-Vallée, des GDR IM (*Informatique Mathématique*) et BiM (*Bioinformatique Moléculaire*) du CNRS.

## Programme

### Lundi 26 Novembre

9:45-10:15 *Café d'accueil*

10:15-11:30 **Keynote Talk** - Riccardo Dondi (Université de Bergamo – Italie) - [Some recent combinatorial approaches to genome comparison](#)

11:30-12:05 Pierre Nicodeme - [Waiting time in DNA evolution](#)

12:05-14:00 *Repas*

14:00-14:35 Annelise Thévenin - [Gene Family Assignment-Free Comparative Genomics](#)

14:35-15:10 Thierry Lecroq - [Three new strategies for exact string matching](#)

15:10-15:45 Lhouari Nourine - [Nouvelles classes de problèmes pour la fouille de motifs intéressants dans les bases de données](#)

15:45-16:15 *Pause café*

16:15-16:50 Arnaud Lefebvre - [Linear Computation of Unbordered Conjugate](#)

16:50-17:25 Laura Giambruno - [Transducers for the bidirectional decoding of codes with a finite deciphering delay](#)

17:25-18:00 Thierry Lecroq - [Quasi-Linear Time Computation of Abelian Periods of a Word](#)

### Mardi 27 Novembre

9:45-10:15 *Café d'accueil*

10:15-10:50 Guillaume Rizk - [Efficient data structures for large-scale genome sequencing data](#)

10:50-11:25 Van Du Tran - [New approaches to differential expression in RNA-seq data](#)

11:25-12:00 Yann Ponty - [RNA folding with pseudoknots: Intractable, honestly?](#)

12:00-14:00 *Repas*

14:00-14:35 Julien Clément - [Analyse d'algorithmes de tri et de recherche en nombre de comparaisons de symboles](#)

14:35-15:20 **Keynote Talk** - Valentina Boeva (Institut Curie) - [Structural variants, loss of heterozygosity regions and copy number alterations in cancer: strategy of their detection using NGS data](#)

15:20-15:55 Benjamin Martin - [Estimation de la similarité approchée entre séquences musicales](#)

15:55-16:25 *Pause café*

16:25-17:00 Alain Guénoche - [Consensus multiple : une méthode pour séparer des gènes divergents](#)

17:00-17:35 Gabriele Fici - [On Binary Jumbled Pattern Matching](#)

## Pauses déjeuner au restaurant de l'ESIEE

### Lundi 26 novembre

Tartare de saumon

Confit de canard

Gratin dauphinois, fricassée de haricots verts

Tarte tatin

### Mardi 27 novembre

Salade de magret fumé

Filet mignon de porc

Pommes röstis, tomates provençales

Opéra et sa brunoise de fruits frais

## Précédentes éditions

- Lille, décembre 2011
- Rennes, janvier 2011
- Montpellier, janvier 2010
- Rouen, septembre 2008
- Marne-la-Vallée, septembre 2007
- Orsay, novembre 2005
- Lille, décembre 2004
- Nantes, mai 2004
- Montpellier, novembre 2003
- Nancy, janvier 2003
- Rouen, juin 2002
- Montpellier, mars 2002

## Accès

Bâtiment Copernic – Amphithéâtre Maurice Gross - 5 boulevard Copernic, 77454 Champs-sur-Marne

RER A : → direction *Marne-la-Vallée* ou *Torcy*, arrêt *Noisy-Champs* (zone 4).

→ depuis Paris, sortir en tête de train ; après les portiques, prendre à droite vers la Cité Descartes



## Organisateurs

Thématique AlgoB de l'équipe Algo du LIGM (<http://igm.univ-mlv.fr/AlgoB/>) :

Guillaume Blin, Matthieu Chapelle, Isabelle Fagnot, Philippe Gambette, Gregory Kucherov, Anthony Labarre, Paul Morel, Stéphane Vialette.

Contact : [algorithmics4bioinformatics@googlegroups.com](mailto:algorithmics4bioinformatics@googlegroups.com)