



Rencontres bioinformatiques du MNHN 2023
« jeudi 25 mai 2023 »
bioinfomnhn2023.sciencesconf.org

Organisateur.rices: Jawad Abdelkrim, Marie Cariou, Mathilde Carpentier

Programme

10h00-10h10	Accueil des participant.es et mot d'ouverture
Session 1	
10h10-10h30	Julien Mozziconacci , De la séquence d'ADN à la structure de la chromatine: apport de l'intelligence artificielle et de la génomique synthétique
10h30-10h50	Manolo Perez , Integrative taxonomy using traits and genomic data for species delimitation with deep learning
10h50-11h10	Richardson Ciguene , Application of fuzzy measures to move towards the cyber-taxonomy
11h10-11h40	pause
11h40-12h00	Alba Nieto Heredia , AI and demographic inference under complex scenarios
12h00 -12h20	Arnaud Quelin , Determining relevant summary statistics for inferring demographic history from human genomic data in a multi-population context
12h20-14h00	<i>dejeuner</i>
Session 2	
14h00-14h20	Jawad Abdelkrim , mnhn.usegalaxy.fr : une vitrine pour les développements bioinformatiques du muséum
14h20-14h40	Marie Jossé , Galaxy-Ecology : Une initiative transnationale pour l'analyse des données de biodiversité en recherche et expertise
14h40-15h00	Marie Berjon et Marianne Salaün , MetoTaxa et MetoSTeM, deux projets pour enrichir et libérer les données des Publications scientifiques
15h00-15h20	Anne-Sophie Archambeau , GBIF (Système Mondial d'Information sur la Biodiversité) : bonnes pratiques pour l'accès libre et ouvert aux données de biodiversité
15h20-15h30	Gaël Deny , Analyse d'opportunité et de faisabilité pour la constitution d'un référentiel technique de séquences de référence publiques et accessibles des espèces de France
Session 3	
15h30-15h50	Anastasis Togousidis , Adaptive RAxML-NG: Accelerating Phylogenetic inference under Maximum Likelihood using dataset difficulty
15h50-16h10	pause
16h10-16h30	Paul Zaharias , Robustness of Felsenstein's versus Transfer Bootstrap Supports with respect to Taxon Sampling
16h30-16h50	Severine Zirah , Diversité des peptides bioactifs bactériens : exploration peptidogénomique
16h50-17h10	Nicolas Buisine , A needle in a haystack : transcriptional and toxicogenomic interference
17h10-17h30	Lucie Bittner , Challenges to decipher drivers of genetic differentiation in non model organism populations. Are we ready for protist population metagenomics?
17h30-17h50	Mathilde Carpentier , Protein folds as synapomorphies of the tree of life
17h50	Fin