

15 min + 30 min			Tuteur/rapporteur		Mots-clés	Titre du travail		Maître de stage	Structure
mercredi 3 juillet 2024 Amphi CURIB - Campus MSA									
8h30	Installation								
9h	Maël	LOUIS	Thierry Lecroq, EC LITIS-TIBS, URN	Lymphome, liquid biopsy, circulating DNA, shallow sequencing, low-path sequencing, Copy number variations	Développement de nouvelles approches de type Shallow Whole Genome Sequencing pour de la détection de cancer à partir de biopsies liquides	Pierre Julien. Vially	Centre de Lutte Contre Le Cancer Henri Bequerel / INSERM U1245, Rouen		
9h45	Hedi	SOMAI	Hélène Dauchel, EC LITIS-TIBS, URN	Lymphome, lymphome folliculaire, cancérologie, CNV, single-cell RNA seq, hétérogénéité tumorale	Evaluation de l'hétérogénéité intra-tumorale du lymphome folliculaire par la détermination des anomalies de nombre de copies et des mutations à partir de données transcriptomiques sur cellules uniques	Sarah Huet	CIRI U1111 INSERM, Equipe Immuno-Biologie des Lymphomes, HCL, Lyon		
10h30	Pause								
10h45	Lamia	NAIT EL DJOUDI	Caroline Bérard, EC LITIS-TIBS, URN	Séquençage ARN en cellule unique, transcriptomique, Visualisation , analyse différentielle	Mise en place d'une chaîne de traitement bioinformatique pour l'analyse et la visualisation de profils transcriptomiques pour des données de séquençage en cellule unique	Luce Dauphinot et Mikael Naveau	GIP Cyceron, UAR 3408 US50, InnovaSEQ – Cell sorting and NGS @ Caen-Normandie, Caen		
11h30	sortie de l'assistance								
11h35 CONFIDENTIEL	Mathias	CARON	Arnaud Lefebvre, EC LITIS-TIBS, URN	Cancer, macrophages, transcriptomique, k-mer	Identification de nouvelles cibles transmembranaires dans le cancer du poumon non à petites cellules par analyse transcriptomique par k-mer	Daniel Gautheret, Marinello Arianna.	INSERM UMR 1030 Radiothérapie Moléculaire et Innovation Thérapeutique, Institut Gustave Roussy, Villejuif.		
12h20 - 12h45	Délibération du sous jury								
12h45 Pause déjeuner									
13h30	Installation								
14h (visio UK)	Lale	MAOULOUD	Laurent Mouchard, EC LITIS-TIBS, URN	Métagénomique, Pangénomique, méthodes d'imputation, appel de gènes, annotation basée sur les graphes, apprentissage automatique	Développement et application d'un workflow d'annotation de métagénome avec l'outil d'annotation basé sur les graphes, ggCaller	Samuel Horsfield, John Lees	EMBL-EBI, Pathogen Informatics and Modelling Group (BacPop Group), Cambridge, UK ERASMUS+ & EMBL-EBI / French Embassy in London		
14h45	Louison	LESAGE	Laurent Mouchard, EC LITIS-TIBS, URN	Metagenome, eukaryota, assemblies, contig, identification, benchmarking, nextflow, pipeline, gene calling, Mgnify	Development and application of a Nextflow pipeline for identifying eukaryotic sequences in metagenomic assemblies	Varsha Kale, Lorna Richardson, Robert Finn	EMBL-EBI, Microbiome Informatics, Cambridge, UK - ERASMUS+ & EMBL-EBI / French Embassy in London		
15h15	Pause								
15h30	Antoine	MALLET	Said Abdeddaïm, EC LITIS-TIBS, URN	Web-scraping, Text-mining, dplyr, R Markdown, GitHub.; Lumbricus terrestris, Soil, Ecosystem, Introduced species, Meta-Analysis	Analyse textuelle d'articles scientifiques évaluant l'impact des vers de terre sur l'environnement	David Makowski, Sophie Donnet	INRAe, Unité MIA Equipe SOLSTIS, Campus Agro, Paris Saclay		
16h15 - 16h45	Délibération du sous jury								
jeudi 4 juillet 2024 amphi CURIB - Campus MSA									
8h30	Installation								
9h (visio ES)	Hadrien	SOFR	Richard Groult, EC LITIS-TIBS, URN	Pipeline, DCL, R-loop, A.thaliana, methylation, overlapping, annotation, RNAseq	Bioinformatics Approach and Pipeline Development for Analyzing DCL-Rloop Interactions and DNA Methylation Effects on Alternative Splicing	Nicolas Bologna, Uciel Pablo Chorostecki	CRAG (Center for Research in Agricultural Genomics), équipe RNAseq, Barcelone, Espagne - ERASMUS+		
9h45	Rayan	DAHER	Elise Prieur-Gaston, EC LITIS-TIBS, URN	Variant Calling, Génomique, NGS, benchmarking, interface Web, optimisation.	Développement d'une solution efficace pour le benchmarking de différentes versions d'un variant caller.	Vincent Sater	Centre de Lutte Contre Le Cancer Henri Becquerel, département de biopathologie, Rouen		
10h30	Pause - sortie de l'assistance								
11h CONFIDENTIEL	Luis	MARTIN PENA	Nicolas Vergne, EC LMRS CNRS, URN	Deconvolution algorithms, benchmarking, Omic Data,	Développement d'un Cadre de Benchmarking pour l'Évaluation des Méthodes de Déconvolution des Données Omiques	Magali Richard, Élise Amblard	CNRS, UMR 5525 TIMC (Recherche Translationnelle et Innovation en Médecine et Complexité) Équipe MAGe (Modèles et Algorithmes pour la Génomique), Grenoble		
11h45	Délibération du sous jury								
12h15 Pause déjeuner									
14h-15h	Délibération du jury final des soutenances (hybride)								