# Programme

### Mardi 16 novembre

14h - 14h30: accueil

14h30 - 14h50 : présentation des journées et du PEPI IBIS

14h50 - 16h: session Assemblage

- Le kmer : couteau suisse de l'assemblage de génome C. Klopp
- Assemblage de novo résolu au niveau des haplotypes du génome de Crassostrea gigas (huître creuse) - A. Cormier

16h - 16h20 : pause café

16h20 - 18h30 : session Métagénomique

- Agrégation d'inférences et *clustering* de réseaux microbiens sur des données de séquençage *shotgun* du microbiote intestinal humain C. Champion
- Biogeographical patterns and determinism of soil fungal alpha-diversity in France C. Djemiel
- MetaGWGS, a NextFlow workflow to analyze metagenomic data C. Hoede
- A catalog of gut microbial genes in horses: compelling new clues to how microbiome can influence endurance performance N. Mach
- Étude et mise en place d'un modèle réseau de neurones pour prédire la richesse fongique dans les sols français W. Horrigue

#### Mercredi 17 novembre

9h - 10h40: session Intégration de données

- FORUM: building a knowledge graph from public databases and scientific literature to extract associations between chemicals and diseases C. Frainay
- Le *data management* au CIRM J. Mineau
- Omnicrobe, a database which gathers comprehensive information on habitats, phenotypes, uses S. Dérozier

10h40 - 11h : pause café

#### 11h - 12h40 : session Intégration de données & Visualisation

- Méthodes statistiques pour l'intégration de données S. Déjean
- Le portail Galaxy-SynBioCAD : outils et *workflows* d'automatisation pour la biologie synthétique et l'ingénierie métabolique T. Duigou
- Visualisation des réseaux métaboliques avec MetExploreViz J-C. Gallardo

12h40 - 14h15 : pause déjeuner

14h15 - 16h30 : visite guidée d'1h et visite libre d'1h de la Cité de l'Espace

16h30 - 18h : session Impact carbone et environnemental & Actions d'animation

- Présentation du GDR labo 1.5 : focus sur GES 1point5 J. Mariette
- Pépinière numérique INRAE C. Guérin
- Actions inter-CATI

## Jeudi 18 novembre

9h - 10h30: session Annotation

- Nouveau paradigme pour l'annotation des génomes P. Leroy
- MAGATT, un outil de transfert d'annotation H. Rimbert
- Transfert d'annotation entre génomes J. Joets

10h30 - 11h : pause café

11h - 12h20: session Annotation

- Identification et annotation des ARNnc : focus sur quelques familles d'ARNnc C. Gaspin
- ICEscreen : outil d'aide à l'annotation des ICE et IME dans les génomes de Firmicutes J. Lao
- Retour expérience sur l'épigénomique chez les bactéries L. Legrand

12h20 - 12h30 : clôture