

Journées Bioinformatique Inra – Toulouse, 21-23 Mars 2016

Programme prévisionnel

Lundi 21 Mars 2016	
13h30 – 14h00	Accueil des participants
14h00 – 14h30	Introduction aux journées J. Aubert & V. Loux (Inra, PEPI IBIS) - C. Gaspin (Inra, Cellule Bioinformatique)
Session 1 - Prospective et perspectives en bioinformatique <i>Animateur(trice)s de session: C. Caron (Inra Rennes) & C. Gaspin (Inra Toulouse)</i>	
14h30 – 15h15	Les défis de la bioinformatique à l'horizon 2020 C. Médigue, (LABGeM, CNRSUMR8030 & CEA/DSV/IG/Genoscope, chargée de mission Bioinformatique au CNRS)
15h15 – 15h45	Infrastructure pour la bioinformatique à H2020 : quelle vision aux échelles nationale et internationale ? J.F. Gibrat (Inra, Directeur de l'Institut Français de Bioinformatique)
15h45 – 16h15	Ouverture des données de la recherche à l'Inra : où en est-on ? O. Hologne (Inra, Directrice de la DIST)
16h15 – 16h30	Présentation des ateliers
16h30-17h00 : Pause	
17h00 - 19h00 : Ateliers en parallèle	
Atelier 2 : Annotations structurales et fonctionnelles des génomes <i>Animateur(trice)s: V. Brunaud (Inra, Paris-Saclay), S. Djebali (Inra, Toulouse), T. Faraut (Inra, Toulouse), S. Foissac (Inra, Toulouse), C. Gaspin (Inra, Toulouse)</i>	
1 – V. Brunaud et T. Faraut : Introduction et présentation de l'atelier (5') 2 – Présentations courtes (30') <ul style="list-style-type: none"> • M. Zytnicki (Inra, Toulouse) : épigénétique et petits ARNs • T. Schiex (Inra, Toulouse) : Que reste-t-il à faire en termes d'outils d'annotation de génomes ? 3- Travail en sous-groupes sur cinq questions ciblées (~40 ') 4 - Restitution des groupes et bilan de l'atelier (~30')	
Atelier 3 : Nouveaux enjeux bioinformatiques autour de la biologie synthétique et de la biologie des systèmes <i>Animateur(trice)s: L. Cottret (Inra Toulouse), A. Goelzer (Inra, Jouy-en-Josas), R. Peyraud (Inra Toulouse)</i>	
1 – L. Cottret : Introduction à l'atelier (5') 2 – Présentations courtes (30') <ul style="list-style-type: none"> • A. Goelzer (Inra, Jouy-en-Josas) : Bioinformatics challenges in systems biology for the modeling of living system • T. Duigou (Inra, Jouy-en-Josas) : Open questions in Metabolic engineering and Synthetic biology • R. Peyraud (Inra, Toulouse) : The Biologist: An Unexpected Journey... in bioinformatics; Challenges in computing plant-pathogen systems. 3 – Travail en sous-groupes autour de plusieurs questions (40') 4 – Restitution (30')	
19h30 – 21h00 – Dîner	
21h00 - 22h30 Session poster	

Mardi 22 mars 2016

Session 2 - « Génomique comparative et évolutive »

Animateur(trice)s de session : H. Chiapello (Inra Toulouse) et E. Danchin (Inra Sophia)

08h30 – 08h55	Méthodologies pour la génomique comparée et évolutive E. Danchin (Inra Institut Sophia Agrobiotech, Sophia-Antipolis)
08h55 – 09h20	Paleogénomique: Reconstruction des génomes ancestraux pour l'étude de l'évolution des espèces et la recherche translationnelle appliquée J. Salse (Inra UMR1095 GDEC, Clermont-Ferrand)
09h20 – 09h45	Evolution de la génomique chez les levures hémiascomycètes C. Neuvéglise (Inra, AgroParisTech, UMR1319, Grignon)

09h45– 10h15 – Pause

Session 3 – De l'assemblage de génomes complexes à l'intégration de données

Animateur(trice)s de session : J Aubert (Inra AgroParisTech) & V Loux (Inra, Jouy-en-Josas)

10h15 – 10h40	Lever de soleil sur le génome du tournesol J. Gouzy (Inra, LIPM Toulouse)
10h40 – 11h05	PacBio Iso-Seq : First results on transcriptome analysis using long reads C. Klopp (Inra, MIAT Toulouse)
11h05 – 11h30	Du génotype au phénotype : quelles méthodes statistiques pour intégrer les données ? D. Laloë & A. Rau (Inra GABI, Jouy-en-Josas)
11h30 – 11h55	Intégration de données multi-omiques en vue d'identifier des biomarqueurs de la réponse à l'exercice d'endurance : exemple des chevaux d'endurance N Mach (Inra GABI, Jouy-en-Josas)
11h55 – 12h35	Conception d'un système d'information distribué pour le blé H. Quesneville (Inra, URGI Versailles)

12h50 – 14h30 Déjeuner

Session 4 - Partage autour des méthodes et outils

Animateur(trice)s de session : V. Loux (Inra, Jouy-en-Josas) et A.L. Abraham (Inra, Jouy-en-Josas)

14h30 – 14h50	Galaxy : un environnement de recherche collaboratif pour la Métabolomique F. Giacomoni (Inra, Clermont-Ferrand)
14h50 – 15h10	MetExplore: handling genome scale metabolic networks online L. Cottret (Inra, LIPM, Toulouse)
15h10 – 15h30	AskOmics : Intégration et interrogation de réseaux de régulation génomique et post-génomique F. Legeai (Inra Rennes)
15h30 – 15h50	Une méthode rapide pour la co-segmentation des matrices de grandes tailles : application aux données Hi-C V. Brault (Inra, AgroParisTech)
15h50 – 16h10	Unravelling the transcriptome architecture of a non-model bacterium: Flavobacterium psychrophilum C. Guérin (Inra, Jouy-en-Josas)
16h10 – 16h30	Algorithme de recherche locale pour l'identification de segments trans-membranaires D. Tessier (Inra BIA, Nantes)

16h30 – 17h00	Présentation de la Shared Task SeeDev : Extraction de régulations impliquées dans le développement de la graine d'Arabidopsis thaliana à partir de publications scientifiques. E. Chaix (Inra, Jouy-en-Josas)
----------------------	---

17h00 – 17h30 Pause

17h30 – 19h30 Ateliers en parallèle

Atelier 1 : Reproductibilité : quelles pratiques existantes, comment l'améliorer ?

Animateur(trice)s: M.J. Cros (Inra, Toulouse), S. Dérozier (Inra, Jouy-en-Josas), A.L. Abraham (Inra, Jouy-en-Josas), S. Terrat (Inra, Dijon)

1 – Animateurs : Introduction et présentation de l'atelier (5')

2 – Présentations courtes

- **M.J. Cros** (Inra, Toulouse) : Comment être plus reproductible ? (10'+5')
- **M. Mariadassou** (Inra, Jouy-en-Josas) : Retour d'expérience de l'utilisation de KnitR pour la traçabilité des analyses (10'+5')
- **S. Dérozier** (Inra, Jouy-en-Josas) : La reproductibilité au sein de Galaxy et ses limites (10'+5')

3- Travail en sous-groupes sur cinq questions ciblées (40 ')

4 - Restitution des groupes et bilan de l'atelier (30')

Atelier 2 : Les populations de génomes et la sélection génomique

Animateur(trice)s: V. Brunaud (Inra, Paris-Saclay), S. Djebali (Inra, Toulouse), T. Faraut (Inra, Toulouse), S. Foissac (Inra, Toulouse), C. Gaspin (Inra, Toulouse)

1 – V. Brunaud et T. Faraut : Introduction et présentation de l'atelier (5')

2 – Présentations courtes

- **S. Schbath** (Inra, Jouy-en-Josas) : Attentes du métaprogramme MEM en terme de bioinformatique (15')
- **A. Legarra** (Inra, Toulouse) : L'évaluation génomique n'est pas un GWAS amélioré (15')

3- Travail en sous-groupes sur cinq questions ciblées (~40 ')

4 - Restitution des groupes et bilan de l'atelier (~30')

Atelier 4 : Se former ou s'autoformer en bioinformatique

Animateur(trice)s: J. Aubert (Inra, AgroParisTech), H. Chiapello (Inra Toulouse), V. Loux (Inra Jouy-en-Josas), M. Mabed (Inra, Angers-Nantes)

1 – H. Chiapello (Inra Toulouse) : Introduction et présentation de l'atelier (5')

2 – Focus sur trois types d'expériences de formation ou d'autoformation en bioinformatique (20 ')

- **M. da Rocha** (Inra Sophia): Une reconversion en bioinformatique à travers une formation diplômante
- **C. Paysant-Leroux** (Inra Saclay): Une montée en compétences en bioinformatique via les formations de la plateforme MIGALE
- **C. Hoede** (Inra Toulouse) : Une acquisition de compétences ciblées à travers deux MOOC.

3 – C. Herry (Inra Angers-Nantes) : Autoformation à distance, rapid learning, hybride, MOOC, SPOC ... Des modalités e-learning pour se former en bioinformatique ? (20 ')

4 – Travail en sous-groupes sur cinq questions ciblées (5' + 30 ')

5 – Restitution des groupes et bilan de l'atelier (30'+10')

19h30 – 21h00 Diner & Soirée libre

Mercredi 23 mars

Session 5 - Bioinformatique et grands programmes à l'Inra

Animateurs de session : P. Bessières (Inra Jouy-en-Josas) & P. Label (Inra, Clermont-Ferrand)

08h30 – 08h40	Bioinformatique et grands programmes à l'Inra C. Gaspin (Inra MIAT, Cellule bioinformatique, Toulouse)
----------------------	--

08h40 – 09h05	Métagénomique des sols et projet metaTAXOMIC-RMQS : quelle contribution Inra ? S. Terrat (Inra-IUT Dijon)
09h05 – 09h30	Le projet Fr-AgENCODE : quelle bioinformatique pour une contribution française à l'international dans le domaine animal ? S. Foissac (Inra Toulouse)
09h30 – 09h55	Gestion et analyse de données de phénotypage haut débit dans Phéno P. Neveu (Inra Montpellier)
<i>09h55 - 10h30 : Pause</i>	
<i>Session 6 – Synthèse et clôture des journées</i> <i>Animatrices de session : S. Schbath (Inra, Jouy-en-Josas) & M. Causse (Inra Avignon)</i>	
10h30 – 12h00	Restitution des ateliers par les animateurs 10h30 – 10h50 : Atelier 1 10h50 – 11h10 : Atelier 2 11h10 – 11h30 : Atelier 3 11h30 – 11h50 : Atelier 4
11h50 – 12h30	Synthèse et clôture du séminaire