

Programme des journées SeqBIM 2019

Lundi 16 décembre 2019

9h30 - 10h30

Accueil

10h30 - 11h30

Recherche de motifs approchés pour l'analyse de longues lectures de séquençage
Hélène Touzet

11h30 - 12h00

Recurrence of substitutive Sturmian words
Pablo Rotondo

12h00 - 12h30

Refined upper bounds for the number of designable RNA structures
Hua-Ting Yao, Cedric Chauve, Mireille Regnier et Yann Ponty

12h30 - 14h00

Déjeuner

14h00 - 14h30

SVJedi: Structural variations genotyping with long reads
Lolita Lecompte, Pierre Peterlongo, Dominique Lavenier et Claire Lemaitre

14h30 - 15h00

Identification and quantification of strains in a metagenomic sample using variation graphs
Kévin Da Silva, Nicolas Pons, Magali Berland, Florian Plaza Oñate, Mathieu Almeida et Pierre Peterlongo

15h00 - 15h30

MinYS: Mine Your Symbiont by targeted genome assembly in symbiotic communities
Cervin Guyomar, Wesley Delage, Fabrice Legeai, Christophe Mougel, Jean-Christophe Simon et Claire Lemaitre

15h30 - 16h00

Pause café

16h00 - 16h30

Longest tandem scattered sub-sequences
Tatiana Rocher et Luís M. S. Russo

16h30 - 17h00

A graph-theoretic formulation of the linked-reads barcode separation problem
Yoann Dufresne, Cedric Chauve et Rayan Chikhi

17h00 - 17h30

Predicting isoform transcripts: What does the comparison of known transcripts in human, mouse and dog tell us?
Nicolas Guillaudeau, Catherine Belleannée, Jean-Stéphane Varré et Samuel Blanquart

17h30 - 18h30

Quelques mots sur le groupe de travail SeqBIM suivis de présentations courtes

Mardi 17 décembre 2019

9h00 - 10h00

Graphes de Rauzy et complexité linéaire
Julien Leroy

10h00 - 10h30

Survey of k -mer set of sets data structures for querying large collections of sequencing datasets
Camille Marchet, Mikaël Salson et Rayan Chikhi

10h30 - 11h00

Pause café

11h00 - 11h30

Forbidden substrings and the connectivity of the Hamming graph of RNA sequences: partial disconnectivity tests
Maher Mallem, Alain Denise et Yann Ponty

11h30 - 12h00

Impact of the dataset characteristics on the quality of long read error correction
Pierre Morisse, Thierry Lecroq et Arnaud Lefebvre

12h00 - 12h30

Efficient single and multiple Cartesian tree matching
Geonmo Gu, Siwoo Song, Cheol Ryu, Simone Faro, Thierry Lecroq et Kunsoo Park

12h30 - 14h00

Déjeuner

14h00 - 14h30

uANI: whole genome comparison and phylogeny reconstruction using sketching
Yoshihiro Shibuya et Gregory Kucherov

14h30 - 15h00

Million sequences indexing
Antoine Limasset

15h00 - 15h30

Construction of individual recombination maps using linked-read sequencing data
Andreea Dréau, Vrinda Venu, Elena Avidovich, Ludmila Gaspar et Felicity Jones

15h30 - 16h00

UMI-VarCal: a UMI-based variant caller for low-frequency variant detection
Vincent Sater, Pierre-Julien Viailly, Thierry Lecroq, Philippe Ruminy, Elise Prieur-Gaston, Mathieu Viennot et Fabrice Jardin

16h00

Clôture des journées