

PLANNING SOUTENANCES STAGES M2 2025-2026

Amphi A.36.3

	MERCREDI 24 juin 2026	JEUDI 25 JUIN 2026	VENDREDI 26 juin 2026
8h		Yara HOUHOU - Anne-Muriel Arigon Du gène sex-linked au gène ssex-biased : développement et validation de Plant Sex Hub pour l'étude de la séparation des sexes chez Phoenix dactylifera [IRD]	
8h40		Homero SANCHEZ-MOREIRA – Rodolphe Giroudeau Développement d'un outil d'optimisation des paramètres de deutération pour des expériences de Small Angle Neutron Scattering (SANS). [CBS/Inserm]	Hermine KIOSSOU - Anthony Boureux Segmentation automatisée d'organites cellulaires sur images SBF-SEM dans Amira-Avizo 3D [CBS]
9h20		Tiziri TAMANI – Rodolphe Giroudeau Vers l'identification de k-mers informatifs pour le génotypage sur graphes de pangénoème : indexation et contextualisation topologique [INRAE – ISEM]	Quentin SECHER – Sébastien Da Silva Exploitation d'un graphe de connaissances pour prédire les associations gènes-phénotypes liés à la tolérance à la sécheresse chez le sorgho [IRD]
10h		PAUSE	PAUSE
10h20		Ciaran MAHONY – Thérèse Commes Modélisation de l'association entre variants génétiques et traits Autistiques [CRBM]	Farah MOUKACHAR – Séverine Bérard Caractérisation multi-omique de la sous-clonalité et de son impact dans la résistance thérapeutique [CRCI2NA]
11h		Ania SAIDANI – Alban Mancheron De la gestion des collections biologiques à l'analyse pangénomique : mise en place de bases de données sur Grist et étude de Pyricularia oryzae [PHIM]	Najat AMOUKOU – Séverine Bérard (Huis-clos) Conception et exécution d'un pipeline Nanopore de caractérisation d'événements d'intégration. [PathoQuest]
11h40		Rayane ELMEDJADI – Alban Mancheron Evolution technique de Gigwa [Intertryp – IRD CIRAD]	Loik GALTIER - Vincent Berry DIX RÈGLES POUR SYNCHRONISER LA BIOINFORMATIQUE [IRD]
12h20		REPAS	REPAS
13h40		Dalia BELMADI - Christine Tranchant-Dubreuil Développement d'un pipeline bioinformatique dédiée à l'analyse des résistances du virus de l'immunodéficience humaine (VIH) [Service de Virologie Hôpital Pitié-Salpêtrière IPLESP]	Mickaël COQUERELLE – François Sabot Infrastructure d'évaluation automatisée des performances analytiques [SeqOne GENOMICS]
14h20	Lola CONDOM - Annie Chateau Résolution algorithmique de l'apparement biologique pour l'optimisation des analyses génomiques en contexte d'admixture [EvolSan]	Alessandra GONCALVES – Christine Tranchant-Dubreuil Benchmark of Gene Regulatory Network (GRN) Inference Methods [INRAE]	Conceptia DAGBA-ALLADE - Sylvain Daudé Construction et Analyse de graphe de pangénomes de Bathycoccus prasinos [IRD-CIRAD-LOMIC]
15h	Cyril GILBERT – Anne-Muriel Arigon Conception d'une ontologie pour le Home Cage Monitoring : structuration, interopérabilité et réutilisation des données [LIRMM]	Tara GUILLORIT – Anne-Muriel Arigon Élaboration d'une stratégie d'Audit Trail Review basée sur la cartographie des processus [SANOFI]	Ayoub Rayane AIT ALLAOUA – Sylvain Daudé Computational Knowledge Graph Pipeline for NAM-Based Risk Assessment [L'OREAL]
15h40	PAUSE	PAUSE	PAUSE
16h	Anaïs ANDRÉ - Konstantin Todorov Analyse d'images multiplexées et modélisation statistique de la co-expression de cibles thérapeutiques dans le cancer du sein triple négatif [IRCM]		Corentin LE GUEN – Corinne Lautier Caractérisation épigénomique de la lactylation des histones H3K18 et H3K56 durant la spermatogenèse chez la souris [CEA - INSERM]
16h40	Raphaël RIBES – Konstantin Todorov Caractérisation du microbiome social chez les primates sauvages à l'aide d'un pipeline de métagénomique « shotgun » sur mesure [CIRAD – INSERM - ISDM]	Téo GUILLOU - Annie Chateau (Huis-clos) Développement et automatisation de pipelines d'analyse bioinformatique dédiés au traitement de données ScRNA-seq. [IRMB]	Elio TORQUET - Corinne Lautier Detection annotation and structural classification of core structures in cross-β amyloid fibrils [CRBM]
17h20	FIN DE LA JOURNÉE	FIN DE LA JOURNÉE	FIN DE LA JOURNÉE