



Programme des soutenances Stages M2 Bioinformatique Campus Triolet - Amphi 36.03 1^{er}, 2 et 3 juillet 2024

*Les soutenances sont publiques et durent environ 30 minutes, questions incluses.
Les temps de délibérations à huis-clos après chaque soutenance permettent au public d'entrer et de sortir entre chaque soutenance.*

Lundi 1^{er} juillet 2024

- 09h15 **Drug design & Machine Learning**
Nannini Laure, Xiaojing Cong (IGF/CNRS)
Docking, QSAR, Pharmacophore, Machine learning
- 10h00 **Étude des mécanismes de résistance de vecteurs et parasites pathogènes d'enjeu vétérinaire dont *H. contortus* résistant à l'EPR**
Lioutaud Robin, Rémy Bétous (Ch.Rech., INRAe/ENVT, UMR 1436)
Design expérimental, Parasitol, Résistance, MIE, RNASeq, PE/WGS, DGE, GSEA, QTL
- 10h45 **Comparaison et évaluation de méthodes pour l'analyse fonctionnelle de designs de tests PCR**
Troché Odran, Alexandra DEBERNARDI (bioMérieux)
Biologie moléculaire, PCR, DevOps
- 13h30 **Mise en place d'un site web permettant les analyses métabarcoding**
Petit Ambre, Isaure Quétel (LEMic IPG)
ADN, Métagénomique, Taxonomie, Biodiversité, Écologie
- 14h15 **Inférence de la structure des populations à partir des graphes de pangénomies**
Abani Fatima, Christine Tranchant-dubreuil et François Sabot
Graphes pangénomiques, Mapping sur graphe, Génotypage, Haplotype
- 15h30 **Construction d'un pipeline d'analyses de test Diagnostic Prénatal Non Invasif des Maladies Monogéniques (DPNNI-MM)**
Palermo Noëlie, Marie-Claire Vincent, Charles Van Goethem (CHU Montpellier)
Diagnostic prénatal non invasif, Maladies monogéniques, Séquençages short et long read
- 16h15 **Annotation du génome de la Centaurée de la Clape**
Liroulet Inès, Éric Imbert (ÉvoDÉmo, ISEM) et Khalid Belkhir (MBB, ISEM)
Annotation, Gènes, Analyse, Outils, Pipeline

Mardi 2 juillet 2024

- 08h00 **Intégration des données génétiques et phénotypiques en graphe chez le blé**
Mestiri Yosra, Raphael FLORES, Nicolas FRANCILLONNE (URGI)
Graphe de connaissances, Ontologies biologiques et environnementales, Neo4j, Python, SQL
- 08h45 **Exploration des synergies entre les données cliniques de l'entrepôt OMOP et les données génétiques pour l'amélioration du diagnostic clinique**
Gernet Enody, DUNOYER Caroline (CHU Montpellier)
Bases de données clinique et génétique, Machine Learning de traitement de texte
- 10h00 **Conception et intégration d'un modèle de bioraffinerie guidé par les données dans un système multi-agents pour évaluer des scénarios de valorisation de résidus à l'échelle d'un territoire**
Goutiéras Florian, Patrice Buche (INRAE)
Biologie, Machine Learning, Géosciences, Agroressources et Environnement
- 10h45 **Développement d'une application Shiny pour le retraitement des données chromatographiques issues d'analyses non-ciblées par GC-MS**
Strozyk Elian, Hugo Devillers (SPO, Institut Agro)
GC-MS, indice de rétention, base de données, arômes, vin, levain
- 13h30 **Établissement d'une procédure de gestion d'ontologies et application au domaine de l'embryologie**
Damy Alexina, Patrick LEMAIRE (CRBM/CRNS), Christelle DANTEC (CRBM/CRNS)
Biocuration, Ascidies, Web
- 14h15 **Méthode d'apprentissage automatique pour les graphes de connaissance**
Butz Elliot, Pierre Larmande, Jérôme Azé, Konstantin Todorov (LIRMM/UM/IRD)
Machine Learning, Graphe de connaissance, Link Prédiction
- 15h30 **Digitalisation des procédés dans les laboratoires de production de vaccins**
Moureaux Allyson, (soutenance à huis clos)
Base de données, Algorithmique, Application, Gestion de projet

Mercredi 3 juillet 2024

- 08h00 **Intégration d'outils statistiques IMGT pour l'étude des hypermutations somatiques dans les domaines hypervariables des immunoglobulines.**
Dallo Marine, Sophia KOSSIDA (IMGT), Véronique GIUDICELLI (IMGT/IGH)
Immunogénétique, Hypermutations somatiques, Bioinformatique, Programmation, R Shiny
- 08h45 **MusaDeepMosaic: Élaboration d'un outil de classification de Mosaïque Génomique par apprentissage profond**
Vicens Romain, Catherine Breton et Alberto Cenci (Bioversity International)
Génomomes ancestraux de bananiers, Machine Learning, Classification, Python, Bash, Cluster
- 09h30 **Étude phylo(épi)génétique du gène PTEN**
Mechkouri Nazim, Raluca Uricaru (LaBRI), Elodie Darbo (BRIC)
Phylogénétique, Régulation épigénétique, Enhancers, Alignement

