

# SeqBIM

CTGCATTGCATAA  
GACGTAACGTATT

Groupe de Travail  
commun aux GDRs BIM et IM



# GT commun aux 2 GDRs BIM et IM

- GDR : Groupement de Recherche (CNRS)
  - Animation et structuration de la recherche d'un domaine thématique
    - BIM = Bioinformatique Moléculaire
    - IM = Informatique Mathématique
  - Chaque GDR est structuré en GTs = Groupes de Travail
- seqBIM : *Séquences en Bioinformatique, Informatique et Mathématiques*

# Historique

- Création en 2019

- 3 animateurs :

- Laurent Bulteau (Marne)
    - Gilles Didier (Montpellier)
    - Claire Lemaitre (Rennes)



- Suite des GTs Comatege (*combinatoire des mots, algorithmique du texte et du génome, IM*) et seqBio (*méthodes et algorithmes pour l'analyse de séquences, BIM*), animés par Thierry Lecroq et Irena Rusu

# Objectif

Favoriser les interactions entre chercheurs en bioinformatique, informatique et/ou mathématiques autour de l'étude des **chaînes de caractères**, des **textes**, des **mots finis ou infinis** et en particulier des **séquences biologiques**.

# Périmètre scientifique

- algorithmique du texte, des séquences et des structures discrètes associées (graphes, arbres, etc.)
- structures d'indexation, compression, gestion de grandes masses de données,
- combinatoire des mots finis et infinis, systèmes dynamiques discrets, modèles de séquence, statistique de mots,
- assemblage de séquences, alignement et comparaison de séquences,
- recherche, découverte et inférence de motifs ou de répétitions,
- analyse des données de séquençage haut-débit (génomique, RNA-seq, Chip-seq, ...), métagénomique
- annotation des génomes, prédiction de gènes, haplotypes et polymorphismes, génomique comparative, étude des signaux de régulation

# Périmètre scientifique

- algorithmique du texte, des séquences et des structures discrètes associées (graphes, etc.) **Algo**
- structures d'indexation, compression, gestion de grandes masses de données,
- combinatoire des mots finis et infinis, systèmes dynamiques discrets, modèles de séquences **Combi**
- assemblage de séquences, alignement et correction de séquences **Stats**
- recherche, découverte et inférence de motifs ou de répétitions, **Bioinfo**
- analyse des données de séquençage haut-débit (génomique, RNA-seq, Chip-seq, ...), métagénomique
- annotation des génomes, prédiction de gènes, haplotypes et polymorphismes, génomique comparative, étude des signaux de régulation

# En pratique

- Un site web :

<http://seqbim.cnrs.fr/>



- Une liste de diffusion : [seqbim@services.cnrs.fr](mailto:seqbim@services.cnrs.fr)

- Recensement des participant.e.s :

- ~ 120 personnes inscrites, 45 équipes
- Inscription : par le formulaire de contact

<http://seqbim.cnrs.fr/contact/>

## En pratique (2)

- Rencontres / animation :
  - Les journées annuelles
    - 2 jours, ~ 50-70 participants  $\implies$  > **120 cette année !**
    - ville organisatrice qui tourne
    - favoriser les jeunes chercheur.e.s (doctorant.e.s, post-doctorant.e.s)
  - Autre animation plus ponctuelle sur un thème particulier ?
- Liens avec les entreprises, visibilité

# Jeunes chercheur.e.s

- Encourager leur participation aux journées :
  - première expérience de communication
  - constitution de son “réseau”
- Les “nouvelles et nouveaux” de 2020 : venez vous présenter en 2-3 minutes à 17h !
  - votre parcours, le sujet sur lequel vous voulez travailler (sujet de thèse, projet de recherche, problème particulier).
  - sans support ou max 3 slides

**inscrivez-vous avant 16h <https://lite.framacalc.org/9k6x-seqbim>**

# seqBIM, c'est vous !

vous voulez participer à l'animation, vous avez des idées,  
contactez-nous :

[laurent.bulteau@u-pem.fr](mailto:laurent.bulteau@u-pem.fr)

[gilles.didier@umontpellier.fr](mailto:gilles.didier@umontpellier.fr)

[claire.lemaitre@inria.fr](mailto:claire.lemaitre@inria.fr)

Aujourd'hui et demain



**2020**

*23-24 nov. 2020  
Toulouse (France)*

Merci à Toulouse (Matthias Zytnicki et tout le comité d'organisation local) d'avoir organisé cette édition des journées seqBIM !

Bonne conférence à tous !