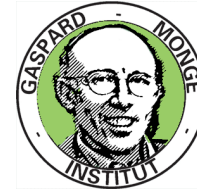


Journées algorithmique, combinatoire du texte
et applications en bio-informatique
en l'honneur de Maxime Crochemore



26, 27 et 28 septembre 2007 – Marne-la-Vallée

Les journées se tiendront dans les locaux de l'Institut Gaspard Monge : **amphithéâtre Maurice Gross, bâtiment Copernic**, sur le campus de l'Université Marne-la-Vallée. Le campus est desservi par le **RER A**, station **Noisy-Champs**. Il faut compter environ 25 minutes depuis Châtelet Les Halles. Un fléchage est prévu depuis la gare RER jusqu'au campus.

Les repas de mercredi et jeudi midis seront servis au restaurant de l'ESIEE.



Mercredi 26 septembre

10h	<i>Accueil</i>
11h	Validation et génération de tableaux de Knuth-Morris-Pratt – Jean-Pierre Duval, Thierry Lecroq et Arnaud Lefebvre
11h40	Text fingerprinting – Matthieu Raffinot
12h20	<i>Déjeuner à l'ESIEE</i>
14h00	Mise à jour incrémentale de tableau des suffixes en cours de recodage – Pierre Peterlongo
14h40	Énumération et caractérisation des arbres compacts des suffixes – Nicolas Philippe, Thierry Lecroq
15h20	Algorithmes rapides de recherche d'un motif approché par minimisation des erreurs ou par maximisation des identités dans des fenêtres minimales – Anthony Mathelier
16h	<i>Pause</i>
16h30	Représentation par jeu du chaos de séquences d'ADN – Thibaut Henin
17h10	Mes histoires d'amour avec les travaux de Maxime Crochemore – Gregory Kucherov
18h10	<i>Pot en l'honneur de Maxime Crochemore offert par l'Institut Gaspard Monge</i>

Jeudi 27 septembre

9h15	Analyse de la compression par anti-dictionnaire – Julien Fayolle
9h55	On dictionary-symbolwise compressors – Filippo Mignosi
10h35	<i>Pause</i>
11h05	Subset Seed automaton – Laurent Noé
11h45	On the substring cover problem – Stéphane Vialette
12h25	<i>Déjeuner à l'ESIEE</i>
14h00	Notion de Pattern Markov Chain (PMC) et application à l'étude de la distribution d'un motif dans une chaînes de Markov – Grégory Nuel
14h40	Statistique de motifs dans des séquences hétérogènes – Etienne Roquain
15h20	Calcul de P-valeur efficace et exact pour un motif PWM – Jean-Stéphane Varré
16h00	<i>Pause</i>
16h30	P-value Calculation for Heterotypic Clusters and its Use in Computational Annotation of Regulatory Sites – Valentina Boeva
17h10	Mes histoires d'amour avec les travaux de Maxime Crochemore II Marie-Pierre Béal et Dominique Perrin

Vendredi 28 septembre

9h15	ISHAPE : new rapid and accurate software for haplotyping – Olivier Delaneau
9h55	Using Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats in micro-evolution studies – Ibtissem Grissa, Gilles Vergnaud et Christine Pourcel
10h35	<i>Pause</i>
11h05	Approche pseudo-booléenne pour le calcul de distance entre génomes avec duplications – Sébastien Angibaud
11h45	Variable Length Stochastic Acyclic Automata Applied for Multilocus Association Mapping in SNP Data Analyses – Tran Trang
12h25	<i>Fin des journées</i>