

Maude Pupin (née Klaerr-Blanchard)
Née le 5 octobre 1973
Mariée, 2 enfants (12/2000 et 06/2003)

Université de Lille 1
Cité scientifique
LIFL - Bat M3
59655 Villeneuve d'Ascq cedex
03 59 57 79 19
maude.pupin@lifl.fr
<http://www.lifl.fr/~pupin>

Maître de Conférences en Informatique

Parcours professionnel

- 09/2000
à ce jour Maître de Conférences en Informatique, section 27
EPI Sequoia de l'INRIA Lille-Nord Europe
UFR Informatique, Electronique, Electrotechnique et Automatique (IEEA)
Laboratoire d'Informatique Fondamentale de Lille (LIFL), UMR 8022 (CNRS /
Université de Lille 1, sciences et technologies – USTL –)
- 02/2000 -
08/2000 ATER en Informatique, UFR IEEA de l'Université de Lille 1

Diplômes

- 1996 –
01/2000 Doctorat de Génétique, Université de Versailles-Saint-Quentin
Mention très honorable avec félicitations du jury
*Etude de répétitions locales et approximatives et élaboration d'une base de données
génomique*
Directeur : Antoine Danchin, DR CNRS à l'Institut Pasteur de Paris
Rapporteurs : Christiane Rayssiguier, Professeur en Informatique à l'Université
Marne-La-Vallée et Bruno Torresani, CR CNRS au Laboratoire d'Analyse,
Topologie et Probabilités de Marseille
Examineurs : Jean-Paul Delahaye, Professeur en Informatique à l'Université de
Lille 1, François Taddei, CR INSERM à la Faculté Necker-Enfants Malades et
Christophe Terzian, Maître de Conférences à l'Institut de Génétique Humaine de
Montpellier.
Président : Alain Hénaut, Professeur à l'Université de Versailles-Saint-Quentin
- 1995 – 1996 DESS en Informatique appliquée à la biologie, Université Paris 6
Mention Bien
- 1994 – 1995 Maîtrise de Biologie cellulaire, Université Paris 7
Mention Assez Bien

Enseignement et diffusion scientifique

Enseignements de bio-informatique

A mon arrivée sur Lille, il n'y avait aucun enseignement en bio-informatique. J'ai mis en place ces enseignements avec mes collègues Hélène Touzet et Jean-Stéphane Varré. Nous avons défini le programme puis rédigé le contenu des cours et des exercices de TP sur ordinateur dispensés au sein des formations suivantes :

- UFR de Biologie
- ✓ 3^{ème} et 4^{ème} années de l'IUP Génomique et Protéomique (10h cours, 24h TD)
 - ✓ Maîtrise puis Master 1^{ère} année Génétique et Microbiologie (24h TD)
 - ✓ DESS puis Master pro Génie Cellulaire et Moléculaire, cette UE a été choisie cette année par 4 étudiants de l'Ecole Doctorale SMRE (Sciences de la matière, du rayonnement et de l'environnement) (30h TD)
 - ✓ DESS puis Master pro Protéomique, cette UE est commune avec le Master recherche Physico-Chimie du Vivant, UFR de Chimie (26h cours-TD)
 - ✓ DEA puis Master recherche Biologie-Santé, co-habilité avec l'Université de Lille 2 (6h cours, 8h TD)
 - ✓ Ecole Doctorale de Biologie-Santé (18h TD)
- Polytech'Lille
- ✓ Option transversale proposée aux élèves ingénieurs en 3^{ème} année (12h cours)
- UFR IEEA
- ✓ DESS puis Master pro de Bio-informatique (10h cours, 34h TD)
 - ✓ DEA puis Master recherche Informatique (4h cours)

Enseignements d'informatique

A côté de la charge importante des enseignements en bioinformatique, j'enseigne également en informatique à l'UFR d'IEEA.

- 2000 – 2003 1^{ère} année de DEUG MIAS (Mathématiques, informatique et applications aux sciences)
2006 – 2009 puis 1^{ère} année de Licence Sciences et Technologies

Chargée de TD et TP sur ordinateur pour un enseignement d'initiation à la programmation en langage Scheme puis Pascal (18h TD, 18h TP)

- 2006 – 2009 Ecole Doctorale SPI (Sciences pour l'Ingénieur)

Prise en charge complète du module « Internet », présentation du langage HTML (HyperText Markup Language) et des CSS (Cascading Style Sheets) (18h coursTD)

Enseignements liés à l'insertion professionnelle

Depuis l'année scolaire 2005-2006, j'ai pris en charge la coordination des enseignements liés à l'insertion professionnelle destinés aux étudiants en Informatique.

2005 – 2006 1^{ère} année de Master Informatique puis 3^{ème} année de Licence Informatique
2006 – 2009

Responsable de l'UE DPP (Détermination du Projet Professionnel)

2006 – 2009 1^{ère} année de Master Informatique

Responsable de l'UE PPP (Préparer son Projet Professionnel) depuis sa création.

Vulgarisation scientifique

J'interviens régulièrement lors de différentes manifestations scientifiques destinées au grand public :

- ✓ Opération « Chercheurs à l'école » (conférences dans des écoles, collèges et Lycées)
- ✓ SciencesOparK (animations ludiques destinées aux scolaires et au grand public)
- ✓ Conférence « Pourquoi les enfants ressemblent à leurs parents ? » donnée au centre de recherche INRIA Lille-Nord Europe

Encadrement d'étudiants

Outre l'encadrement d'étudiants dans le cadre de leurs stages et projets à différents niveaux de formation, j'ai encadré six étudiants en stage de DEA ou master recherche :

Etudiant	Formation	Année	Co-encadrants	% ¹	Titre du mémoire
Mickaël Delautre	DEA Info, USTL	2000	JP Delahaye et JS Varre	40%	Alignement de séquences génétiques et compression de données
Antony Wojcik	DEA Info, USTL	2003	H Touzet	70%	Découverte de sites promoteurs dans le génome humain
Gwénaél Monot	DEA Info, USTL	2004	H Touzet	30%	Identification de séquences reporters pour la conception de biopuces
Bertrand Drache	MRI ² , USTL	2005	Aucun	100%	Comparaison multiple de séquences d'ADN
Ségolène Caboche	Master IMIB ³ , Université d'Evry	2006	G Kucherov, V Leclère et P Jacques	33%	Base de données et comparaison de peptides non ribosomiaux
Cédric Molendi	MRI, USTL	2007	G Kucherov et L Noé	20%	Identification de regroupements de fragments répétés dans une ou plusieurs séquences génétiques

¹ Mon taux d'encadrement de l'étudiant

² Master recherche en Informatique

³ Master recherche Informatique et Mathématiques appliqués à la Biologie Intégrative

J'encadre également des étudiants en thèse :

Etudiant	Discipline	Dates	Co-encadrants	%	Travail de thèse et remarques
Laurent Debomy	Informatique	2000 - 2003	JP Delahaye	60%	Application de la N-écriture à la comparaison multiple de séquences L. Debomy n'a pas pu soutenir sa thèse pour des raisons personnelles
Ségolène Caboche	Informatique	2006 - 2009	G Kucherov et V Leclère	33%	Elaboration d'une plateforme d'analyse de peptides non ribosomiaux Soutenance prévue cet été
Aurélien Vanvlass enbroeck	Ingénierie des Fonctions Biologiques	2008 - ...	P Jacques	30%	Etude de la relation entre la structure, les propriétés physico-chimiques et l'activité biologique de peptides actifs

Charges collectives

Responsabilité pédagogique

2001 – 2006 Co-responsable puis responsable du Master professionnel Bio-informatique de Lille avec Hélène Touzet.

J'ai participé à la rédaction du dossier de demande de création de cette formation qui a ouvert à la rentrée 2001, sous l'impulsion de la Génopole de Lille. Le master de Lille était la première formation française de bio-informatique à ne recruter que des étudiants titulaires d'une Maîtrise en Informatique pour les former à la biologie et à la bio-informatique.

Pour mettre en place cette formation, nous avons effectué différentes tâches :

- ✓ déterminer le contenu des enseignements
- ✓ rechercher des intervenants parmi les enseignants en biologie (ce qui a permis des prises de contact pour la recherche)
- ✓ démarcher des laboratoires ou entreprises susceptibles de prendre des étudiants en stage ou de les recruter
- ✓ communiquer auprès des étudiants des Maîtrises en Informatique de France.

La gestion courante du Master comprend :

- ✓ le recrutement des étudiants (lecture des dossiers, entretiens individuels)
- ✓ la surveillance du bon déroulement de la formation
- ✓ la mise au point de l'emploi du temps
- ✓ la gestion des enseignants (issus de différentes UFR, intervenants extérieurs)
- ✓ l'adaptation du programme aux évolutions des connaissances et selon les remarques des étudiants et des enseignants.
- ✓ La gestion des stages et projets étudiants
- ✓ Le suivi des étudiants après l'obtention du diplôme

Ce travail a été fructueux puisque le master a fonctionné pendant 5 ans avec des promotions de 12 à 18 étudiants dont, généralement, la moitié provenait d'universités autres que celle de la région. Chaque année, des étudiants sont partis en stage à l'étranger dont plusieurs à l'Institut Européen de Bio-informatique (EBI) qui a recruté 2 de nos étudiants (par concours). Plusieurs étudiants ont réussi les concours de la fonction publique de niveau ingénieur d'étude, certains ont continué en thèse et d'autres ont été embauchés en entreprise que ce soit en France ou à l'étranger. Au bout de 5 ans nous avons pris la délicate décision de fermer cette formation à cause de la conjoncture économique et des difficultés de recrutement dans le secteur.

Membre de jurys

J'ai été sollicitée pour être membre de jury de concours de recrutement.

- 2005 Membre expert du jury du concours de recrutement de deux Techniciens d'exploitation informatique (BAP E) du CNRS
- 2007 Membre du jury de concours de recrutement d'un Responsable Administratif et Financier (RAF) et d'un juriste Marchés Publics et Contrats pour le centre de recherche INRIA Lille-Nord Europe

J'ai également été examinatrice dans deux jurys de thèses.

- 01/2007 Doctorat de l'Université de Rouen, Mention Informatique, Spécialité Bio-informatique
Utilisations de la table des suffixes pour la détection des répétitions
Défendu par Céline Meslin, devant le jury composé de
Jean-Loup Risler et Maxime Crochemore (rapporteurs)
Joël Alexandre, Martine Léonard et Maude Pupin (examineurs)
Thierry Lecroq et Laurent Mouchard (encadrants)
- 06/2008 Doctorat Biologie-Santé de l'Université de Lille 1
Développement d'un logiciel universel d'imagerie par spectrométrie de masse et application au modèle sangsue et aux maladies neurodégénérative
Défendu par Olivia JARDIN-MATHE, devant le jury composé de
Michel Mathieu et Eduardo Macagno (rapporteurs)
Philippe Lopez et Maude Pupin (examineurs)
Isabelle Fournier et Michel Salzet (encadrants)

Divers

- ✓ En charge du pôle animation du PPF (Plan Pluri-Formation) Bio-informatique de Lille depuis 2007. A ce titre, j'ai organisé la journée d'exposés scientifiques du PPF en 2007 et 2008. Cette journée est l'occasion pour tous les scientifiques travaillant dans le domaine de la bio-informatique de se rencontrer et de discuter de leurs travaux.
- ✓ Membre du comité d'organisation de l'édition 2008 de JOBIM (Journées Ouvertes en Biologie, Informatique et Mathématiques) qui est le rendez-vous annuel de la communauté bio-informatique francophone. J'ai géré l'organisation des repas ainsi que des animations proposées lors de cette manifestation.
- ✓ Membre du comité d'organisation de l'édition 2009 de la conférence CPM (Annual Symposium on Combinatorial Pattern Matching) dont c'est le 20^{ème} anniversaire.
- ✓ Membre du comité de programme des éditions 2006 et 2008 de JOBIM.
- ✓ Relectrice pour le journal « Journal of Biotechnology ».
- ✓ Membre d'un groupe de travail sur l'égalité Femmes/Hommes au sein de l'Université de Lille1

Activités de recherche

Pendant la thèse : Etude de répétitions locales et approximatives et élaboration d'une base de données génomique

La thèse a été pour moi l'occasion de développer mes connaissances en informatique et de solides compétences dans le domaine de la bio-informatique. J'ai collaboré avec deux mathématiciens (E. Coward, étudiant en thèse « mathématiques industrielles » à l'Institut Technologique Norvégien et G. Didier, étudiant en thèse de mathématique à l'Université de Provence) pour les aider à finaliser leurs méthodes de recherche de répétitions locales et approximatives au sein de longues séquences. Ces programmes ont l'avantage de ne pas rechercher une structure particulière de répétition et de ne pas fixer le nombre et la nature des mutations qui touchent les différentes unités répétées. La première méthode, Excep [1], est basée sur le calcul de probabilités exactes d'occurrences d'un mot de taille fixée dans une séquence, selon un modèle de Bernoulli utilisant la fréquence des lettres dans la séquence étudiée. J'ai travaillé avec E. Coward à la mise au point d'un score capable de distinguer des fenêtres pertinentes du bruit de fond. J'ai conçu une interface de visualisation des résultats qui facilite la caractérisation des répétitions présentes dans les fenêtres exceptionnelles.

La deuxième méthode, la N-écriture [2, 3], est différente. Elle permet de transformer une séquence en une autre séquence de même taille, mais écrite avec un alphabet plus grand. Chaque position de la séquence est renommée par un symbole représentatif de l'environnement dans lequel elle se trouve. Ainsi, les positions se trouvant dans un environnement conservé porteront le même symbole. J'ai travaillé avec G. Didier à l'élaboration d'une analyse semi-automatique des séquences transformées afin de mettre en évidence les répétitions présentes dans les séquences étudiées.

Ensuite, j'ai utilisé ces méthodes pour étudier les répétitions détectées dans quelques génomes complets disponibles à l'époque (les bactéries *E. coli* et *B. subtilis* [1] et l'eucaryote *S. cerevisiae*).

Les travaux concernant la détection de répétitions ont fait partie du projet GénoGRID, financé dans le cadre d'une ACI grid entre 2002 et 2004.

J'ai également contribué à la réalisation d'une base de données de génomes bactériens, appelée GenoList (<http://genolist.pasteur.fr/>). A mon arrivée, seul I. Moszer, le concepteur de GenoList qui venait de soutenir sa thèse, et un ingénieur en informatique de l'Institut Pasteur de Paris développaient cette base alors dédiée au génome de *Bacillus subtilis*. Nous avons modifié la structure de la base afin qu'elle contienne plusieurs génomes en même temps et qu'elle soit plus modulable. J'ai intégré les données des génomes de deux souches de *Helicobacter pylori* [4] et développé le module de recherche de motifs nucléiques au sein des séquences génomiques de la base [5, 6].

Recherche en continuité avec la thèse : décodage local d'ordre N

Après ma thèse, j'ai rejoint l'équipe *Bioinfo* du Laboratoire d'Informatique Fondamentale de Lille (LIFL). J'ai alors travaillé avec Jean-Paul Delahaye, professeur en informatique, et Jean-Stéphane Varré, alors ingénieur de recherche, sur l'adaptation de la N-écriture à l'alignement multiple de séquences. La transformation des séquences par la N-écriture peut être appliquée aussi bien sur une seule séquence pour détecter des répétitions internes, que sur un ensemble de séquences pour détecter à la fois des répétitions internes et des régions conservées entre séquences. Un étudiant en thèse, Laurent Debomy, a mis au point le calcul d'une distance entre séquences, basée sur les

résultats de la N-écriture. Ce calcul ne nécessite pas d'aligner au préalable les séquences. Ainsi, il a l'avantage d'être très rapide tout en étant pertinent. Une étude phylogénétique de 70 génomes complets de VIH (virus immuno-déficient humain) et VIS (virus immuno-déficient du singe) a démontré que les arbres calculés à l'aide de la N-écriture étaient cohérents avec les connaissances actuelles sur la taxonomie de ces virus [7]. Ce travail a été réalisé en collaboration avec des membres du Laboratoire Statistique et Génome (précédemment Laboratoire Génome et Informatique) avec qui j'avais travaillé pendant ma thèse et toujours avec Gilles Didier qui est maintenant chargé de recherche CNRS à l'Institut de Mathématiques de Luminy.

La première version de la N-écriture avait une complexité en $O(N*m)$ avec m la taille des séquences et N le rang de la N-écriture demandé par l'utilisateur. Gilles Didier a cherché à en améliorer la complexité. Il a proposé un premier algorithme qui représentait les séquences étudiées sous la forme d'un DAG (graphe acyclique orienté). J'ai remarqué que cet algorithme n'était pas équivalent à la N-écriture. Il a ensuite conçu un autre algorithme très astucieux basé sur un arbre des suffixes. J'ai testé cet algorithme qui s'est avéré très performant puisque sa complexité en temps et en espace est en $O(m)$ où m est la taille des séquences [8]. La transformation des séquences est maintenant vue comme un décodage local à l'ordre N . Le terme de décodage est employé dans le sens des modèles de Markov cachés à savoir qu'un état est associé à chaque position dans la (ou les) séquence(s). Nous calculons la plus grande variété d'états tels que la connaissance de mots de taille N incluant une position donnée de la séquence soit suffisante pour décoder l'état associé à cette position.

Une partie du travail de Laurent Debomy a été financé par le projet « Application de l'algorithme de la N-écriture à la génomique comparative des rétrovirus » financé par le programme inter-EPST Bio-informatique en 2002 et 2003.

Nouveau sujet de recherche : analyse bio-informatique des peptides non ribosomiaux

Suite à des discussions avec des membres du laboratoire ProBioGEM de l'Université de Lille 1, nous avons décidé d'initier une collaboration sur l'analyse bio-informatique des peptides non ribosomiaux (NRP). Ces peptides (petites protéines) ne sont pas synthétisés par la voie classique (transcription de l'ADN en ARN puis traduction de l'ARN en protéine). Ils sont produits par d'autres protéines, appelées synthétases, ce qui leur confère des propriétés particulières. Par exemple, plusieurs centaines d'acides aminés différents ont été observés dans ces peptides contre les 20 acides aminés protéogéniques, leur structure n'est pas seulement linéaire, mais peut aussi être cyclique, polycyclique et/ou branchée. Ces caractéristiques leur confèrent des activités biologiques intéressantes telles qu'antibiotique, antifongique, immunosuppresseur ou capteur de fer. Le premier NRP a été découvert dans les années 70 et de plus en plus de peptides sont découverts (plus d'un millier à l'heure actuelle). Malgré les propriétés biologiques intéressantes de ces peptides, nous avons constaté que peu d'outils bioinformatiques existaient pour les étudier et qu'aucune banque de données ne leur était dédiée. Nous avons donc choisi de combler ce manque.

Les chercheurs travaillant sur ce sujet sont G. Kucherov et moi-même pour la partie bio-informatique ainsi que V. Leclère et P. Jacques pour la partie biologie. La collaboration a été concrétisée par le co-encadrement d'une étudiante, Ségolène Caboche, en master recherche (printemps 2006) qui a continué ensuite en thèse (co-financée par l'INRIA et la région) sur le sujet. Nous avons commencé par constituer une base de données dédiée aux peptides non ribosomiaux. Cette base, appelée Norine, est accessible via le web (<http://bioinfo.lifl.fr/norine/>). Elle a été publiée dans le numéro spécial du

journal NAR (Nucleic Acids Research) dédié aux bases de données [9] et a reçu le prix du meilleur poster au congrès de la Société Française de Microbiologie [11]. Elle contient plus d'un millier de peptides tous extraits de la littérature scientifique et décrits avec précision.

Nous avons proposé une représentation originale de ces peptides basée sur des graphes non orientés ayant pour nœuds les acides aminés et pour arcs les liens chimiques entre les acides aminés. Cette représentation modélise le mode de synthèse des NRP qui se fait par assemblage d'acides aminés. Nous avons ensuite développé un algorithme spécifique qui recherche un motif structural au sein de la base de données. Cet algorithme exploite les propriétés des graphes représentant les NRP pour calculer efficacement une variation de la recherche d'un sous-graphe commun maximal. Un article décrivant la recherche de motifs structuraux vient d'être publié [10]. Enfin, nous réalisons une analyse statistique des données contenues dans Norine.

Notre objectif est de devenir la banque mondiale de référence concernant les peptides non ribosomiaux. Plusieurs faits démontrent que nous sommes sur la bonne voie :

- ✓ L'article publié fin 2007 a déjà été cité plusieurs fois, dont une fois par le spécialiste mondial des NRP, Mohamed A. Marahiel, professeur à l'Université de Marburg en Allemagne⁴.
- ✓ La banque mondiale de structures 3D de molécules, wwWPDB (<http://www.wwpdb.org/>) a pris contact avec nous pour nous proposer d'être la banque de référence externe pour les molécules peptidiques non synthétisées à partir de gènes.
- ✓ Nous sommes également en discussion avec Pavel Pevzner, le directeur du « Center for Algorithmic and Systems Biology at University of California, USA » pour que Norine intègre les données de spectrométrie de masse qu'il produit avec ses collaborateurs du « Center for computational Mass Spectrometry at University of California, USA ».

Nous avons déposé un projet européen, appelé NOVAPIC, en réponse au call « Food, agriculture, Fisheries and biotechnologies (large collaborative project) » et l'Université de Lille 1 (USTL) en était le porteur. Ce projet comptait 20 participants issus de 7 pays européens. Il y avait trois participants dans le domaine de la bio-informatique et j'ai été nommée responsable du programme de travail (work package) dédié à la bio-informatique. NOVAPIC a passé la première évaluation avec 26 autres projets et a reçu la note de 12/15 lors de la deuxième évaluation. Malheureusement, cette note n'était pas suffisante, seuls les cinq projets ayant une note supérieure à 12,5/15 ont été financés.

La collaboration avec le laboratoire ProBioGEM donne lieu au co-encadrement d'une autre thèse, celle d'Aurélien Vanvlassenbroeck, qui a commencé en septembre 2008 et dont le but est d'étudier la prédiction informatique des propriétés physico-chimiques des acides aminés incorporés dans les peptides non ribosomiaux.

⁴ A. Tanovic, SA. Samel, LO. Essen, MA. Marahiel. Science 321: 659-663, 2008

Publications

- [1] M. Klaerr-Blanchard, H. Chiapello, E. Coward. *Detecting localized repeats in genomic sequences: a new strategy and its application to B. subtilis and A. thaliana sequences*. Computers and Chemistry 24 (1):57-70, 2000
- [2] Laprevotte I, Pupin M, Coward E, Didier G, Terzian C, Devauchelle C, Henaut A. *HIV-1 and HIV-2 LTR Nucleotide Sequences: Assessment of the Alignment by N-block Presentation, "Retroviral Signatures" of Overrepeated Oligonucleotides, and a Probable Important Role of Scrambled Stepwise Duplications/Deletions in Molecular Evolution*. Mol Biol Evol. 18:1231-1245, 2001
- [3] G. Didier, I. Laprevotte, M. Pupin. *Codages de séquences*. Gazette des Mathématiciens 92:27-39, 2002
- [4] IG. Boneca, H. de Reuse, JC. Epinat, M. Pupin, A. Labigne, I. Moszer. *A revised annotation and comparative analysis of Helicobacter pylori genomes*. Nucleic Acids Res.31(6):1704-14, 2003
- [5] F. Kunst, et al. *The complete genome sequence of the gram-positive bacterium Bacillus subtilis*. Nature 390 (6657):249-256, 1997
- [6] Chapitre du livre "Functional analysis of bacterial genes: a practical manual"
Edited by W. Schuman, S. D. Ehrlick and N. Ogasawara in June 2001
John Wiley & sons, Ltd publishers
E. Rocha, I. Moszer, M. Klaerr-Blanchard, A. Sekowska, A. Viari and A. Danchin. *In silico genome analysis*.
- [7] G. Didier, L. Debomy, M. Pupin, M. Zhang, A. Grossmann, C. Devauchelle, I. Laprevotte. *Comparing sequences without using alignments: application to HIV/SIV subtyping*. BMC Bioinformatics 8:1, 2007
- [8] G. Didier, I. Laprevotte, M. Pupin and A. Hénaut. *Local decoding of sequences and alignment-free comparison*. Journal of Computational Biology 13(8):1465-1476, 2006
- [9] S. Caboche, M. Pupin M, Leclère V, Fontaine A, Jacques P, Kucherov G. *NORINE: a database of nonribosomal peptides*. Nucleic Acids Res. 36(Database issue):D326-31., 2008 (epub 2007)
- [10] Caboche,S., Pupin,M., Leclère,V., Jacques,P. and Kucherov,G (2009) *Structural pattern matching of nonribosomal peptides*. BMC Structural Biology, 9:15.
- [11] S. Caboche, V. Leclère, M. Pupin, G. Kucherov, P. Jacques. *Norine: une nouvelle base de données qui met en exergue la biodiversité des structures et des activités des peptides synthétisés par la voie non-ribosomale (NRPS)*. In « septième congrès de la Société Française de Microbiologie (SFM) », 2007 (poster, 1^{er} prix)

Séminaires et posters

- ✓ Exposé invité « Outils bioinformatiques pour étudier les peptides non ribosomiaux », Séminaire BIL (Bio-Informatique Ligérienne), Nantes, Mars 2008
- ✓ Exposé invité « Décodage local et application à l'alignement multiple de séquences d'ADN », IRISA, Rennes, Décembre 2006
- ✓ Exposés invités pendant ma thèse au centre INRA de Jouy-en-Josas et au LORIA (Laboratoire Lorrain de Recherche en Informatique), à Nancy
- ✓ Présentation de posters dans différentes conférences nationales et internationales de biologie ou bio-informatique