

Séminaire du métaprogramme DIGIT-BIO

Biologie Numérique pour explorer et prédire le vivant (<https://digitbio.hub.inrae.fr/>)

12 et 13 décembre 2024

Valpré-Lyon - 1 chemin de Chalin - 69130 Ecully ([Plan d'accès](#))

PROGRAMME

Jeudi 12 décembre

10h00 Accueil Café

10h30-11h00 **Métaprogramme DIGIT-BIO : avancées et feuille de route**
Hervé Monod (co-directeur du métaprogramme DIGIT-BIO et Chef du département MathNum)

Les recherches en cours

11h00 – 12h30 **Axe 1 – Décryptage multi-échelle des fonctions du vivant**
Animateur : Olivier Chapleur (UMR PROSE et membre du Comité de pilotage DIGIT-BIO)

- 11h00 – 11h15 : Modèles à copules pour l'inférence de réseaux de régulation multi-omiques - Ekaterina Tomilina, doctorante, UMR MaiAge (suite projet [DINAMIC](#))
- 11h15 – 11h30 : Modélisation mathématique de l'ovogenèse chez les poissons - Louis Fostier, doctorant – UMR PRC (suite projet [IMMO](#))
- 11h30 – 11h45 : Projet exploratoire [TEMPLATE](#) - Simuler les interactions plantes-pathogènes pour mieux comprendre la réponse immunitaire des plantes - Frédéric Garcia, MIA-T et Adelin Barbacci, LIPME
- 11h45 – 12h00 : Projet exploratoire [MIDIIVEC](#) - Modélisation et inférence de la dynamique d'infection intra-vecteur à partir de données expérimentales - Gaël Beaunée, UMR BIOEPAR et Vincent Raquin, IVPC
- 12h – 12h30 : Discussions

12h30 – 14h00 **Déjeuner (buffet)**

14h00 – 15h30 **Axe 2 – Prédiction de phénotypes et réponses aux changements de contraintes**
Animateur : Philippe Andrey (IJPB et membre du Comité de pilotage DIGIT-BIO)

- 14h00- 14h15 : DeepSelectGene : Apprentissage profond à partir de données de génotypes et application à la sélection génomique - thèse de Sihan Xie, UMR GABI (suite projet [GenIA learn](#)). Présenté par Julien Chiquet, MIA Paris-Saclay)
- 14h15 – 14h30 : Caractérisation et modélisation algorithmique de la réponse du système d'acquisition racinaire d'azote à un milieu hétérogène en nitrate - Cannelle Armengaud, doctorante IPSiM (suite projet [ALGO-ROOT](#))
- 14h30 – 14h45 : Projet exploratoire [EPIPREDICT](#) : De l'Épigénétique intégrative pour prédire les capacités adaptatives des Bioagresseurs - Nadia Ponts, UR MycSA, Gaël Le Trionnaire, UMR IGEPP, David Causeur, Institut Agro –Rennes Angers
- 14h45-15h00 : Projet exploratoire [DeepPhenomic](#) : Comparaison d'approches de Sélection Phénomique et application à un dispositif de grande taille chez les bovins - Tristan Mary Huard, UMR GOE.
- 15h – 15h30 : Discussions

15h30 – 16h00 **Pause-café**

16h00 – 17h30 **Ateliers autour des réseaux scientifiques de DIGIT-BIO**

(1 atelier au choix des participants parmi les 4 ci-dessous, durée : 1h30) :

- **Atelier 1** : Consortium MIMS : de la construction au projet collectif. Mohammed Hanafi (StatSC) – Jean Michel Roger (ITAP)
- **Atelier 2** - Génomique 3D : liens entre structure et fonction des génomes (Consortium CHROCONET). Sylvain Foissac (GenPhyse) et Elise Jorge
- **Atelier 3** – Pouvoir prédictif des éléments cis-régulateurs dans les régions proximales des gènes (consortium PRECURSOR). Marie Laure Martin (IPS2) et Sylvie Coursol (IJPB)
- **Atelier 4** – DIY Jumeaux numériques en écologie microbienne (consortium ARTE-MIS et projet FermentTwin). Simon Labarthe (BioGeco) et Guillaume Gautreau (MaiAge)

17h30-18h15 **Temps libre - remise des clés des chambres**

18h15 – 20h00 **Apéritif et session posters (thèses et nouveaux projets)**

18h15 - 19h00 : Flash présentation des posters (Amphithéâtre)

19h00 - 20h00 : Apéritif poster et Prix du meilleur poster (Salle Valoise Ecureuils)

1. Optimisation de la sélection de variétés de vigne résistantes aux maladies par prédictions génomiques et phénomiques (thèse). Clémentine Borreli (SVQV)
2. Vers le développement de jumeaux numériques d'arbres fruitiers. Projet exploratoire DTWIN4FruitTrees. Frédéric Boudon (AGAP)
3. Apprentissage profond sur graphes pour décrire, analyser et comparer le développement neurocomportemental du jeune agneau soumis à différentes expériences précoces (thèse). Antoine Bourlier (PRC)
4. Développement de méthodes statistiques pour la méta-analyse, application à l'étude des interactions Génotype x Environnement en génétique des plantes (thèse): Annaïg De Walsche (GOE Le Moulon, MIA Paris Saclay)
5. Analyse de la dynamique du développement précoce des embryons bovins par apprentissage profond sur des vidéos (thèse dans le cadre du consortium BovMovie2Pred. Yasmine Hachani (Inria - EPC LACODAM / UMR BREED).
6. Calcul des coûts d'expression des circuits génétiques synthétiques (thèse). Maud Hoffman (MICALIS)
7. Analyse comparative de données de génomique 3D (thèse). Elise Jorge (GenPhyse)
8. Approches de « Deep Learning » pour la détection précoce, la quantification et le suivi dans le temps des symptômes foliaires de pathogènes de plantes (thèse). Felicia Maviane (LIPME)
9. L'intelligence artificielle au service de la sélection génétique des animaux d'élevage. Projet exploratoire OBAMA. Raphael Mourad (MIA-T) et Julie Demars (GenPhyse)
10. Intégration de données multi-études pour l'identification de phénotypes communs du syndrome métabolique (thèse) – Elfried Salanon (UNH)
11. Modèles métaboliques sous contraintes thermodynamiques pour la modélisation de l'oxydation syntrophique des acides organiques dans la digestion anaérobie (thèse). Sahak Yeghiazaryan (LBE)

20h00 **Dîner (buffet)**

Possibilité de prolonger la soirée dans la salle apéritif & posters (tireuse à bière + fond musical)

Vendredi 13 décembre

8h30 – 08h45 Remise du prix du meilleur poster

8h45 – 10h00 Jumeaux Numériques : où en est-on ?

08h45 – 09h00 **Introduction** (Hervé Monod)

9h00 – 09h40 **Présentation des 2 projets phares jumeaux numériques de DIGIT-BIO**

- 09h00 – 09h20 : Le simulateur inSilicow : un atelier laitier virtuel pour piloter un élevage réel. Olivier Martin (UMR MoSAR)
- 09h20 - 09h40 : HepatO'twin : un jumeau numérique pour explorer les effets des contaminants alimentaires sur le métabolisme hépatique. Nathalie Poupin (ToxAlim)

09h40 – 10h00 Discussions

10h00 – 10h30 **Pause- café**

10h30-13h00 L'IA générative : quel potentiel de transformation pour la science ?

Introduction

Carole Caranta (Co-directrice du métaprogramme DIGIT-BIO et Directrice Générale Déléguée Science et Innovation)

10h35 – 11h15 : I.A. générative, de quoi parle-t-on ?

Christian Germain, professeur de mathématiques, Bordeaux Sciences Agro

11h-15 – 13h : Table ronde

I.A. générative : enjeux, précautions, applications en biologie

Animateurs (membres du Comité de pilotage) : Marie-Laure Martin (IPS2) et Julien Chiquet (MIA-PS).

Intervenants :

- Recommandations pour l'usage d'IA générative comme assistant au chercheur. Hadi Quesneville INRAE, DipSO
- ChatGPT et NoteBookLM pour les activités de recherches : cas d'usages, limites, risques Vincent Guigues (AgroParisTech)
- Generative AI for regulatory peptide design - Gabriel Krouk (IPSiM, CNRS)
- Augmentation de données par transfert de style - Elisa Fromont (IRISA)

12h00 – 12h55 : discussion

12h55 – 13h : conclusions et fin du séminaire

Panier repas (à emporter)