

I. Identification

M. Nom de famille : FERTIN Nom d'usage : FERTIN Prénom : Guillaume
Date de naissance : 24 juillet 1972
Grade : Professeur des Universités 1ère classe
Établissement d'affectation : Université de Nantes
Section CNU : 27
Unité de Recherche : LS2N (Laboratoire des Sciences du Numérique de Nantes), UMR CNRS 6004.

Formation, diplômes et parcours professionnel

1991-1994 : Préparation du diplôme d'**Ingénieur Informatique** de l'ENSERB, Bordeaux.
1994-1995 : **DEA d'Informatique**, Université Bordeaux 1.
1995-1996 : Service national.
1996-1999 : Préparation du diplôme de **Docteur en Informatique**, LaBRI, Université Bordeaux 1 : « Étude des Communications dans les Réseaux d'Interconnexion », sous la direction d'André Raspaud. Soutenance en mai 1999. Mention Très Honorable.
1999-2000 : Attaché Temporaire d'Enseignement et de Recherche, Université Bordeaux 1.
2000-2005 : Maître de Conférences en Informatique, Université de Nantes.
2004 : **Habilitation à Diriger des Recherches** soutenue le 30 novembre 2004, intitulée « Algorithmique et Optimisation Combinatoire : Applications aux Réseaux d'Interconnexion, à la Coloration de Graphes et à la Bio-Informatique ».
2005- : **Professeur des Universités** en Informatique, Université de Nantes.
2012 : Promotion au grade de Professeur des Universités **1ère classe**.

II. Activités

Thématiques de Recherche

Mes activités de recherche sont essentiellement tournées vers la **bio-informatique**. Plus concrètement, partant d'un problème ayant des motivations biologiques, je vise à **proposer des algorithmes rapides et performants** (en terme de qualité de la solution) permettant d'y répondre. Les problèmes considérés étant dans leur très grande majorité NP-difficiles, un compromis acceptable doit être trouvé entre rapidité d'exécution et qualité de la solution. Pour aboutir à cela, ma méthode consiste à étudier de façon poussée la **complexité algorithmique** des problèmes posés (NP-complexité, APX-complexité, W[1]-complexité, etc.). La classification du problème étudié n'est pas purement théorique : elle permet en effet de développer des stratégies de résolution intelligentes et adaptées, comme par exemple des **algorithmes d'approximation** ou des **algorithmes FPT** (pour Fixed-Parameter Tractability, c'est-à-dire des algorithmes exacts pour lesquels l'exponentielle est confinée en un paramètre qui reste petit dans la pratique). Le cas échéant, d'autres algorithmes (**heuristiques**, algorithmes probabilistes ou autres algorithmes exacts) peuvent être proposés, et validés par des tests sur des jeux de données réelles ou simulées. Ces algorithmes ont ensuite vocation à être implémentés, soit seuls, soit dans le cadre d'un outil logiciel ensuite proposé aux bio-informaticiens intéressés.

Les principaux problèmes que j'ai étudiés ces dernières années sont liés à la **comparaison d'objets biologiques**, et plus précisément la **comparaison de génomes** (vus soit comme des permutations, soit comme des séquences) et la comparaison de **réseaux biologiques**. Plus récemment, j'ai aussi développé un partenariat avec l'INRA de Nantes sur des thématiques plus appliquées, liées à l'inférence de protéines via la **spectrométrie de masse en MS/MS**. Tous ces travaux ont comme point commun des objets d'étude se modélisant par des **structures discrètes**, structures pour lesquelles j'apporte mes compétences en **optimisation combinatoire** et en **théorie des graphes**. L'originalité et la force de mes travaux reposent sur une **étude systématique de la complexité** des problèmes étudiés : longtemps, les algorithmes publiés en bio-informatique étaient pour la plupart des heuristiques dont la validité n'était pas nécessairement étayée, les biologistes et certains bio-informaticiens étant peu au fait de la théorie de la complexité algorithmique. Depuis quelques années, on constate un meilleur accueil en ce qui concerne ces études théoriques, en particulier parce qu'elles mènent à des algorithmes généralement plus performants.

Je mène également d'autres travaux, de manière plus ponctuelle, ayant toujours comme socle commun l'**étude algorithmique** de problèmes ayant pour objets des **structures discrètes** – comme par exemple des problèmes d'étiquetage de graphes.

II.1.Publications et production scientifique

Les résultats que j'ai pu obtenir sont d'intérêt pour la communauté, comme l'attestent le **nombre et la qualité de mes publications**: sur la période 2013-2018, 1 édition d'actes de conférence internationale, 1 édition de numéro spécial d'une revue internationale, 19 revues internationales et 19 conférences internationales ; depuis le début de ma carrière, on compte environ 60 revues internationales et 60 conférences internationales, ainsi qu'un livre, une édition d'actes de conférence internationale, une édition de numéro spécial d'une revue internationale et un chapitre de livre. J'ai par ailleurs **co-dirigé ou co-encadré 7 thèses** sur des sujets de bio-informatique, dont 4 dans les 5 dernières années. Je co-encadre actuellement deux thèses : une démarrée en octobre 2018, l'autre en septembre 2019. J'ai également encadré **un post-doctorant étranger** (1 an, 2013-2014), et **trois doctorants brésiliens** (6 mois en 2015, 1 an en 2017, 1 an en 2018).

Métriques

D'après Google Scholar, mon **h-index** est de 26 et mon i10-index est de 52, pour un total de 2460 citations. En comparaison, depuis 2014 (année « n-5 », utilisée par défaut par Google Scholar) mon h-index est de 17 et mon i10-index est de 24, pour un total de 1107 citations. Je suis **bénéficiaire de la PEDR** sans interruption depuis 2004.

Liste des publications (2013-2018)

Les publications présentées ci-dessous sont listées, dans chaque catégorie, en ordre chronologique inverse. Les noms des étudiants de Master2, des doctorants et post-doctorant sont systématiquement soulignés. Les noms des auteurs d'une publication sont le plus souvent listés par ordre alphabétique.

Edition d'Actes de Conférences

Algorithmic Aspects in Information and Management - 11th International Conference, AAIM 2016

Riccardo Dondi, Guillaume Fertin, Giancarlo Mauri

Bergamo, Italy, July 18-20, 2016, Proceedings.

Lecture Notes in Computer Science 9778, Springer 2016, ISBN 978-3-319-41167-5

Edition d'un numéro spécial de revue internationale

Selected papers presented at the 11th International Conference on Algorithmic Aspects of Information and Management (AAIM 2016)

Edited by Riccardo Dondi, Guillaume Fertin, Giancarlo Mauri

Theoretical Computer Science **717**, Pages 1-86 (2018)

Articles de journaux internationaux avec comité de lecture

Matching algorithms for assigning orthologs after genome duplication events

G Fertin, F Hüffner, C Komusiewicz, M Sorge

Computational biology and chemistry **74**, 379-390 (2018)

The S-labeling problem: An algorithmic tour

G Fertin, I Rusu, S Vialette

Discrete Applied Mathematics **246**, pp 49-61 (2018)

Prefix and suffix reversals on strings

G Fertin, L Jankowiak, G Jean

Discrete Applied Mathematics **246**, pp 140-153 (2018)

Sorting permutations and binary strings by length-weighted rearrangements

CN Lintzmayer, G Fertin, Z Dias

Theoretical Computer Science **715**, 35-59 (2018)

Algorithms for computing the double cut and join distance on both gene order and intergenic sizes

G Fertin, G Jean, E Tannier

Algorithms for Molecular Biology **12 (1)**, 16 (2017)

SpecOMS: a full open modification search method performing all-to-all spectra comparisons within minutes

M David, G Fertin, H Rogniaux, D Tessier

Journal of proteome research **16 (8)**, 3030-3038 (2017)

Sorting permutations by prefix and suffix rearrangements

CN Lintzmayer, G Fertin, Z Dias

Journal of bioinformatics and computational biology **15 (01)**, 1750002 (2017)

Odd gossiping

G Fertin, JG Peters, L Raabe, C Xu

Discrete Applied Mathematics **216**, 550-561 (2017)

Genome rearrangements with indels in intergenes restrict the scenario space

Laurent Bulteau, Guillaume Fertin, Eric Tannier

BMC Bioinformatics **17(S-14)**: 225-231 (2016)

(Prefix) reversal distance for (signed) strings with few blocks or small alphabets.

Laurent Bulteau, Guillaume Fertin, Christian Komusiewicz

J. Discrete Algorithms **37**: 44-55 (2016)

Finding Supported Paths in Heterogeneous Networks

Guillaume Fertin, Christian Komusiewicz, Hafedh Mohamed-Babou and Irena Rusu.

Algorithms, **8(4)**, pp 810-831, 2015.

Hybrid de novo tandem repeat detection using short and long reads

Guillaume Fertin, Géraldine Jean, Andreea Radulescu and Irena Rusu.

BMC Medical Genomics, **8(Suppl 3):S5** (19 pages) 2015.

Approximation Algorithms for Sorting by Length-Weighted Prefix and Suffix Operations

Carla Negri Lintzmayer, Guillaume Fertin and Zanon Dias.

Theoretical Computer Science, **539**, pp 26-41, 2015.

Pancake Flipping is Hard

Laurent Bulteau, Guillaume Fertin and Irena Rusu.

Journal of Computer and System Sciences, **81(8)**, pp 1556-1574, 2015.

Path-Driven Orientation of Mixed Graphs

Guillaume Fertin, Hafedh Mohamed-Babou and Irena Rusu.

Discrete Applied Mathematics, **181**, pp 98-108, 2015.

Towards an Algorithmic Guide to Spiral Galaxies

Guillaume Fertin, Shahrads Jamshidi and Christian Komusiewicz

Theoretical Computer Science, **586**, pp 26-39, 2015.

Some algorithmic results for [2]-sumset covers

Laurent Bulteau, Guillaume Fertin, Stéphane Vialette and Romeo Rizzi.

Information Processing Letters, **115(1)**, pp 1-5, 2015.

Revisiting the Minimum Breakpoint Linearization Problem

Laurent Bulteau, Guillaume Fertin and Irena Rusu.

Theoretical Computer Science, **494**, pp 122-133, 2013.

Maximal Strip Recovery Problem with Gaps: Hardness and Approximation Algorithms

Laurent Bulteau, Guillaume Fertin and Irena Rusu.

Journal of Discrete Algorithms, **19**, pp 1-22, 2013.

Articles de conférences internationales avec comité de lecture

L'indication « TS=xx % » à la fin de chaque publication donne la taux de sélection, lorsqu'il est connu.

On the Maximum Colorful Arborescence Problem and Color Hierarchy Graph Structure

G Fertin, J.Fradin, C Komusiewicz

In Proc. **CPM 2018**

LIPICs-Leibniz International Proceedings in Informatics 105. TS=63 %.

Beyond Adjacency Maximization: Scaffold Filling for New String Distances

L Bulteau, G Fertin, C Komusiewicz

In proc. **CPM 2017**

LIPICs-Leibniz International Proceedings in Informatics 78. TS=57 %.

Algorithmic aspects of the maximum colorful arborescence problem

G Fertin, J.Fradin, G Jean

In Proc. **TAMC 2017**

LNCS Vol. 10185, pp 216-230. TS=43 %.

Decomposing Cubic Graphs into Connected Subgraphs of Size Three

Laurent Bulteau, Guillaume Fertin, Anthony Labarre, Romeo Rizzi, Irena Rusu

In Proc. **COCOON 2016**. LNCS Vol. 9797, pp 393-404. TS=44 %.

Graph Motif Problems Parameterized by Dual

Guillaume Fertin, Christian Komusiewicz

In Proc. **CPM 2016**. LIPICs 7:1-7:12. TS=56 %.

SpecTrees: An Efficient Without a Prior Data Structure for MS/MS Spectra Identification

Matthieu David, Guillaume Fertin, Dominique Tessier

In Proc. **WABI 2016**. LNBI Vol. 9838, pp 65-76. TS=48 %.

Genome Rearrangements on Both Gene Order and Intergenic Region

Guillaume Fertin, Géraldine Jean, Eric Tannier.

In Proc. **WABI 2016**. LNBI Vol. 9838, pp 162-173. TS=48 %.

Prefix and Suffix Reversals on Strings

Guillaume Fertin, [Łoïc Jankowiak](#) and Géraldine Jean.

In Proc. 22nd International Symposium on String Processing and Information Retrieval (**SPIRE 2015**), London, UK. LNCS Vol. 9309, pp 1-12. TS=38 %.

Obtaining a Triangular Matrix by Independent Row-Column Permutations

Guillaume Fertin, Irena Rusu and Stéphane Vialette.

In Proc. 26th International Symposium on Algorithms and Computation (**ISAAC 2015**). Nagoya, Japan. LNCS Vol. 9472, pp 165-175. TS=36 %.

Algorithmic aspects of the S-Labeling problem

Guillaume Fertin, Irena Rusu and Stéphane Vialette.

In Proc. 26th International Workshop on Combinatorial Algorithms (**IWOCA 2015**), Verona, Italy. LNCS Vol. 9538, pp 173-184. TS=32 %.

DExTaR: Detection of Exact Tandem Repeats based on the de Bruijn graph

Guillaume Fertin, Géraldine Jean, [Andreea Radulescu](#) and Irena Rusu

In Proc. IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (**BIBM 2014**), Belfast, Northern Ireland. Proceedings IEEE, pp 90-93. TS inconnu.

Reversal Distances for Strings with Few Blocks or Small Alphabets

[Laurent Bulteau](#), Guillaume Fertin and [Christian Komusiewicz](#).

In Proc. 25th Annual Symposium on Combinatorial Pattern Matching (**CPM 2014**), Moscow, Russia. LNCS Vol. 8486, pp 50-59. TS=52 %.

Towards an Algorithmic Guide to Spiral Galaxies

Guillaume Fertin, Shahrads Jamshidi and [Christian Komusiewicz](#)

In Proc. 7th International Conference on Fun with Algorithms (**FUN 2014**), Lipari, Italy. LNCS Vol. 8496, pp 171-182. TS=59 %.

Fixed-Parameter Algorithm for Minimum Common String Partition with Few Duplications

[Laurent Bulteau](#), Guillaume Fertin, [Christian Komusiewicz](#) and Irena Rusu.

In Proc. 13th Workshop on Algorithms in Bioinformatics (**WABI 2013**), Sophia-Antipolis, France. LNBI Vol. 8126, pp 244-258. TS=44 %.

Pancake Flipping is Hard

[Laurent Bulteau](#), Guillaume Fertin and Irena Rusu.

In Proc. 37th International Symposium on Mathematical Foundations of Computer Science (**MFCS 2012**), Bratislava, Slovakia. LNCS Vol. 7467, pp 247-258. TS=39 %.

Algorithms for subnetwork mining in heterogeneous networks

Guillaume Fertin, [Hafedh Mohamed-Babou](#) and Irena Rusu.

In Proc. 11th Symposium on Experimental Algorithms (**SEA 2012**), Bordeaux, France. LNCS Vol. 7276, pp 184-194. TS=45 %.

Publications majeures

Les 5 publications majeures listées ci-dessous sont données par ordre décroissant d'importance. Les publications **1.**, **2.** et **5.** ci-dessous concernent l'algorithmique de la comparaison de génomes, la publication **4.** l'algorithmique de la comparaison de graphes biologiques, et la publication **3.** l'algorithmique de l'étiquetage de graphes.

1. Pancake Flipping is Hard

Dans cet article, nous résolvons un problème ouvert depuis 35 ans, qui concerne la complexité du problème appelé « tri par inversions préfixes » (ou, métaphoriquement, « pancake flipping »). Nous démontrons qu'une variante contrainte du problème est NP-difficile, par une réduction d'une technicité élevée depuis le problème 3-SAT. Laurent Bulteau a été à l'origine de la preuve (pour ce qui est de ses grandes étapes de construction). Ma contribution a été de l'accompagner et de le guider dans son raisonnement, ainsi que de vérifier la véracité des éléments constitutifs de la preuve.

2. Algorithms for computing the double cut and join distance on both gene order and intergenic sizes

Guillaume Fertin, Géraldine Jean and Eric Tannier
Algorithms for Molecular Biology 12 (1), 16 (2017)

Suite à des travaux qui montrent que le modèle « Double Cut and Join » (un modèle permettant de calculer des distances entre paires de génomes) sous-estime les vraies distances, nous avons proposé dans cet article d'enrichir le modèle en prenant en compte les distances (en nombre de nucléotides) qui séparent les gènes sur le génome. Nous y étudions les propriétés de ce modèle, et en tirons des résultats à la fois sur sa complexité algorithmique, la possibilité d'approximer la distance, de la calculer exactement, et analysons la qualité de ce nouveau modèle. Les trois auteurs ont contribué de manière égale à cet article.

3. Obtaining a Triangular Matrix by Independent Row-Column Permutations

Guillaume Fertin, Irena Rusu and Stéphane Vialette.
In Proc. 26th International Symposium on Algorithms and Computation (**ISAAC 2015**). Nagoya, Japan.
LNCS Vol. 9472, pp 165-175. TS=36 %.

Cet article concerne la transformation de matrices binaires en une matrice triangulaire par permutations de lignes et de colonnes – ce qui peut aussi se voir comme un problème d'étiquetage de graphes. Nous répondons à une question de Wilf en 1997 concernant sa complexité, et proposons un algorithme le résolvant. Les trois auteurs ont contribué de manière égale à cet article.

4. Finding Approximate and Constrained Motifs in Graphs

Riccardo Dondi, Guillaume Fertin and Stéphane Vialette.
Theoretical Computer Science, **483**, pp 10-21, 2013.

Cet article traite d'un problème de recherche de motifs fonctionnels dans les graphes biologiques, introduit en 2005, et toujours d'actualité, la communauté restant très active sur ce sujet. Nous y introduisons et étudions trois variantes du problème, qui autorisent la modification du motif recherché – le motif n'est donc plus exact, mais approché. Nous donnons des résultats de complexité pour ces trois variantes. Les trois auteurs ont contribué de manière égale à cet article.

5. Fixed-Parameter Algorithm for Minimum Common String Partition with Few Duplications

Laurent Bulteau, Guillaume Fertin, Christian Komusiewicz, Irena Rusu.
In Proc. 13th Workshop on Algorithms in Bioinformatics (**WABI 2013**), Sophia-Antipolis, France.
LNBI Vol. 8126, pp 244-258. TS=44 %.

Dans cet article, nous étudions le problème appelé *Minimum Common String Partition* (ou MCSP). Nous généralisons le problème aux instances dans lesquelles les séquences d'entrée ne sont pas « équilibrées » (des lettres apparaissant dans l'une des séquences n'apparaissent pas dans l'autre). Nous étudions la complexité paramétrée (ou FPT) du problème MCSP, et prouvons qu'il est possible d'obtenir un algorithme FPT en deux paramètres de l'instance d'entrée. Nous implémentons cet algorithme FPT et le testons sur des génomes bactériens et des données simulées. Les quatre auteurs ont contribué de manière égale à cet article.

Logiciels en lien avec les publications

A l'exception notable de **SpecOMS** qui est disponible à la communauté, les autres logiciels listés ci-dessous n'ont pas été diffusés proprement dit. Ils ont en revanche été rendus disponibles aux « referees » lors

de l'évaluation des articles associés.

- **SpecOMS** est un logiciel qui permet d'interpréter des spectres issus de spectrométrie de masse en tandem, c'est-à-dire de déterminer les séquences d'acides aminés des peptides qui ont produit ces spectres. Son originalité est double : (1) il ne filtre pas a priori les spectres suivant leurs masses, ce qui lui autorise de meilleures identifications que les méthodes traditionnelles et (2) il s'exécute très rapidement (en quelques minutes) sur une station de travail standard, et même pour des échantillons contenant plusieurs centaines de milliers de spectres.
- **DexTaR** est un logiciel de recherche de répétitions en tandem dans les données NGS (New Generation Sequencing) non assemblées, contenant des reads courts seulement.
- **MixTaR** poursuit le même but que DexTaR, mais avec des reads qui soient à la fois longs et courts. Ainsi, son fonctionnement est-il radicalement différent.
- **Supported-Path** permet de comparer deux réseaux biologiques de natures différentes, et de retrouver dans l'un le plus long chemin orienté qui correspond dans l'autre à une composante connexe.
- **MCSP** détermine le « Minimum Common String Partition » de deux séquences.

II.2. Diffusion des travaux (rayonnement et vulgarisation)

Dans cette partie, ne sont listées que les activités sur la période 2013-2018.

Invitations

- Exposé invité aux journées nationales du GDR IM, Bordeaux, février 2015. Titre : « Sorting Permutations by Reversals: An Algorithmic Tour »
- Exposé invité au séminaire d'algorithmique du LIGM U. Paris-Est, juin 2015. Titre : « Sorting Strings by Reversals: An Algorithmic Tour »
- Invitation au Workshop « Pattern Avoidance and Genome Sorting » de Dagstuhl – 14-19 février 2016.
- Exposé invité aux Journées du GT COA (Complexité et Algorithmes) du GdR IM CNRS (novembre 2016), sur le thème « *Informatique pour la Biologie et Biologie pour l'Informatique* ». Titre : « The Graph Motif problem ».
- Exposés invités aux journées ALEA 2017 : 2 cours d'1h15 chacun et une séance d'exercices d'1 heure. Titre : « The Graph Motif problem »
- Exposé invité au Collège Informatique de Nantes (enseignants de collèges et lycées) – 45 minutes.
- Invitation au Workshop « Genomics, Pattern Avoidance, and Statistical Mechanics » de Dagstuhl – 4-9 novembre 2018. Exposé de 30 minutes.

Comités de Programmes

- Co-chair de la conférence AAIM 2016 (International Conference on Algorithmic Aspects in Information and Management)
- Membre du Comité de Programme des conférences internationales suivantes :
 - ISBRA 2013, 2014 (International Symposium on Bioinformatics Research and Applications)
 - IEEE ICCABS 2013 (International Conference on Computational Advances in Bio and Medical Sciences)
 - ICCS 2015 8th Workshop on Biomedical and Bioinformatics Challenges for Computer Science
 - RECOMB Comparative Genomics 2015, 2016, 2017, 2018
 - ISMB/COSI Function Special Interest Group 2017, 2018
- Membre du Comité de Programme de la conférence internationale ICGT2018 (International Conference on Graph Theory)

Organisation de conférences

Membre du Comité d'Organisation de SeqBio 2016 (Séquences Biologiques). Il s'agit d'un workshop pluridisciplinaire annuel, co-sponsorisé par les GdR IM et BIM du CNRS. Il réunit 80 à 100 participants

selon les années.

Membre du Comité d'Organisation de JOBIM (Journées Ouvertes en Biologie, Informatique et Mathématiques), Cité des Congrès de Nantes 2019. Il s'agit de la conférence phare de la communauté française en bio-informatique au sens large, qui accueille plusieurs centaines de participants (environ 350).

Responsabilités éditoriales

- Éditeur associé (section « Comparative genomics ») de la revue internationale BMC Bioinformatics depuis 2010.
- Arbitrage d'articles : en moyenne, j'arbitre une douzaine d'articles par an, à peu près équitablement répartis entre les conférences internationales (exemples sur la période: CPM, ESA, MFCS, RECOMB, LATIN, SODA, ICALP) et les revues internationales (exemples sur la période: PloS One, BMC Algorithms for Molecular Biology, IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics, BMC Bioinformatics, Graphs and Combinatorics, Discrete Applied Mathematics, SIAM J. Computing).

Prix et Distinctions

Laurent BULTEAU, dont j'ai co-dirigé la thèse de 2010 à 2013, a obtenu le 2^e prix de thèse Gilles Kahn délivré par la SIF (Société Informatique de France) en 2013.

Expertises

- Au niveau local : évaluation interne de demandes de promotion PRC1, PRCE1 et PRCE2, à la demande du Décanat de l'UFR Sciences et Techniques, pour classement interne à l'établissement. J'ai eu à expertiser une quinzaine de dossiers sur la période 2013-2018.
- Au niveau national :
 - Expertise de projets ANR 2017 et 2019 : un PRCI et deux JCJC
 - Expertise d'un projet CNRS INFINITI en 2017
- Au niveau international :
 - Expertise d'une demande de promotion de « full professor » – Department of Computer Science and Engineering, University of South Carolina, USA (2014)
 - Expertise d'une demande de « titularisation de professeur » – Département d'Informatique et de Recherche Opérationnelle, Université de Montréal, CANADA (2014)
 - Expertise de deux dossiers déposés dans le cadre de l'appel à projets « NSERC Discovery Grants Program - Individual » (2014 et 2015), CANADA. Les subventions demandées étaient respectivement de 297.500 et 362.500 dollars canadiens (chaque projet étant sur 5 ans).
 - Expertise d'une réponse à l'appel d'offres "Exascale Computing Project Proposals" (US Department of Energy, USA) - Juin 2016

Jurys de thèse (hors thèses dirigées)

- Jakub Kováč, Université Comenius de Bratislava, Slovaquie. Rapporteur (2013).
- Anna Zhukova, Université de Bordeaux. Rapporteur (2014).
- Andreea Radulescu, Université de Nantes. Président (2015).
- Mathieu Volland, Université de Versailles Saint-Quentin en Yvelines. Rapporteur (2017).
- Wei Wang, Université Paris-Sud. Rapporteur (2017).
- Zhiyuan Li, Université Concordia (Montréal, Canada). Rapporteur (2017).

Comités de thèse (hors thèses dirigées)

- Membre du comité de thèse de 3 doctorants du LIMOS (U. Blaise Pascal, Clermont-Ferrand) – 2016

II.4.Responsabilités scientifiques

Dans cette partie, ne sont listées que les activités sur la période 2013-2018.

Responsabilité nationale

Membre nommé de la CID51 du CoNRS (Commission InterDisciplinaire « Modélisation, et analyse des données et des systèmes biologiques : approches informatiques, mathématiques et physiques ») depuis janvier 2017. Mandat d'une durée de 5 ans.

Responsabilité adjointe d'équipe

Je suis responsable adjoint de l'équipe ComBi (Combinatoire et Bio-Informatique) du LS2N (8 permanents, 5 doctorants, 2 post-doctorants, 1 ATER et 3 Ingénieurs de Recherche). A ce titre, j'assiste le responsable de l'équipe au quotidien : représentation, arbitrages, finances, rédaction de documents, etc.

Participation et pilotage de projets de recherche

- Locaux et Régionaux :
 - Participation au Projet Régional GRIOTE (Groupement de Recherche en Intégration de données Omics à Très grande Échelle) 2013-2018. Projet fédérateur de la bioinformatique en région Pays de la Loire, comprenant 3 laboratoires d'informatique et 12 de biologie/santé.
 - Participation au Projet Régional ERRATA (Étude de la Relation Résistance et Apoptose dans les Thérapies Anticancéreuses) 2013-2016.
 - Participation au Projet Interdisciplinaire « Médecine personnalisée et données en grand nombre : enjeux d'une nouvelle pratique » 2015-2016, financé par l'Université de Nantes.
 - Membre du Comité de Pilotage du projet Régional Dynamiques Scientifiques « DataSanté » 2016-2020.
- Nationaux :
 - Participation au PEPS INS2I C1PAP 2012-2013
 - Participation au PEPS BMI METATRANS 2013-2015
 - Participation à l'ANR BioTempo « Langages, concept de temps et modèles hybrides pour l'analyse de modèles incomplets en biologie moléculaire » 2011-2014
 - Porteur du PEPS INS2I GETAJOB 2016-2017
- Internationaux :
 - Porteur du projet bilatéral Franco-Brésilien CAPES/COFECUB 2015-2018 en collaboration avec l'Instituto de Computação de l'Université de Campinas. Intitulé du projet : « Problèmes de réarrangements de génomes : algorithmes et complexité ».
 - Porteur du PHC PROCOPE 2013-2014, projet bilatéral Franco-Allemand en collaboration avec le groupe « Algorithmik und Komplexitätstheorie » (TU Berlin). Intitulé du projet: « Parameterized Algorithms for NP-hard problems on Permutations ».
 - Bénéficiaire d'un « Seedcorn Research Funding » (2014) de l'Université de Durham, Royaume-Uni.
 - Participant au projet Leverhulme Trust « Efficient Graph Colouring Algorithms via Input Restrictions » 2016-2019. Université de Durham, Royaume-Uni.
 - Porteur du PHC PROCOPE 2017-2018, projet bilatéral Franco-Allemand en collaboration avec le groupe « Mathematik und Informatik » (U. Marburg). Intitulé du projet: « Efficient Algorithms for Hard Computational Problems in Mass Spectrometry ».

Participation à des Comités de Sélection

- PR 0496, Université d'Angers (2014)
- PR4275, Université de Nantes (2015)

Autres activités et responsabilités (pédagogiques et administratives)

Responsabilités liées aux formations

- Direction Adjointe de la formation L3-M1-M2 MIAGE (Méthodes Informatiques Appliquées à la Gestion des Entreprises) de Nantes de 2012 à 2017
- Responsable du Master1 MIAGE de 2010 à 2014

Responsabilités dans des instances locales

- Membre titulaire du Conseil Doctoral de l'École Doctorale STIM jusqu'en 2013, membre suppléant de ce Conseil de 2013 à 2018.
- Membre (2013-2016) de la commission des thèses du laboratoire LINA (ancien nom du LS2N), en charge notamment :
 - d'évaluer la qualité rédactionnelle des demandes de sujets de thèse, avant candidature aux allocations MESR auprès de l'École Doctorale STIM
 - de la mise en place et du suivi des « Comités de Suivi de Thèse » (un par doctorant)
- Membre nommé du Conseil de laboratoire (LINA) de 2012 à 2016
- Membre nommé du Conseil de la Fédération AtlanSTIC (FR2819) de 2012 à 2016
- Membre du Conseil de la Filière Informatique Nantaise (regroupant acteurs de la formation en informatique nantaise et représentants du monde socioprofessionnel) de 2015 à 2017
- Membre élu du Conseil Scientifique de l'UFR Sciences et Techniques de l'Université de Nantes depuis 2013
- Membre élu du Conseil de Département Informatique de l'UFR Sciences et Techniques de l'Université de Nantes depuis 2016