

# Publications 2005 - 2009, équipe SaAB

2 septembre 2009

Ce document recense les publications dans des revues avec comités de lecture et conférences internationales avec actes (les conférences représentent le support de publication le plus utilisé en informatique, avec certaines conférences très sélectives).

## 0.0.1 Articles dans des revues internationales ou nationales avec comité de lecture répertoriées dans les bases de données internationales ou équivalentes

- [1] P. ABAD, J. GOUZY, J.-M. AURY, P. CASTAGNONE-SERENO, E. G. J. DANCHIN, E. DELEURY, L. PERFUS-BARBECH, V. ANTHOUARD, F. ARTIGUENAVE, V. C. BLOK, M.-C. CAILLAUD, P. M. COUTINHO, C. DASILVA, F. DE LUCA, F. DEAU, M. ESQUIBET, T. FLUTRE, J. V. GOLDSTONE, N. HAMAMOUCHE, T. HEWEZI, O. JAILLON, C. JUBIN, P. LEONETTI, M. MAGLIANO, T. R. MAIER, G. V. MARKOV, P. MCVEIGH, G. PESOLE, J. POULAIN, M. ROBINSON-RECHAVI, E. SALLET, B. SÉGURENS, D. STEINBACH, T. TYTGAT, E. UGARTE, C. van GHELDER, P. VERONICO, T. J. BAUM, M. BLAXTER, T. BLEVE-ZACHEO, E. L. DAVIS, J. J. EW-BANK, B. FAVERY, E. GRENIER, B. HENRISSAT, J. T. JONES, V. LAUDET, A. G. MAULE, H. QUESNEVILLE, M.-N. ROSSO, T. SCHIEX, G. SMANT, J. WEISSENBACH et P. WINCKER : Genome sequence of the metazoan plant-parasitic nematode *meloidogyne incognita*. *Nat Biotechnol*, 26(8):909–15, Aug 2008. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18660804>.
- [2] S. AUBOURG, V. BRUNAUD, C. BRUYERE, M. COCK, R. COOKE, A. COTTET, A. COULOUX, P. DEHAIS, G. DELEAGE, A. DUCLERT, M. ECHEVERRIA, A. ESCHBACH, D. FALCONET, G. FILIPPI, C. GASPIN, C. GEOURJON, J. GRIENENBERGER, G. HOULNE, E. JAMET, F. LECHAUVE, O. LELEU, P. LEROY, R. MACHE, C. MEYER, H. NEDJARI, I. NEGRUTIU, V. ORSINI, E. PEYRETAILLADE, C. POMMIER, J. RAES, J. RISLER, S. RIVIERE, S. ROMBAUTS, P. ROUZE, M. SCHNEIDER, P. SCHWOB, I. SMALL, G. SOUMAYET-KAMPETENGA, D. STANKOVSKI, C. TOFFANO, M. TOGNOLLI, M. CABOCHE et A. LECHARNY : GeneFarm, structural and functional annotation of Arabidopsis gene and protein families by a network of experts. *Nucleic Acids Res*, 33(Database issue):D641–6, 2005. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15608279>.
- [3] S. AUBOURG, M.-L. MARTIN-MAGNIETTE, V. BRUNAUD, L. TACONNAT, F. BITTON, S. BALZERGUE, P. E. JULLIEN, M. INGOUFF, V. THAREAU, T. SCHIEX, A. LECHARNY et J.-P. RENOU : Analysis of CATMA transcriptome data identifies hundreds of novel functional genes and improves gene models in the Arabidopsis genome. *BMC Genomics*, 8:401, 2007. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17980019>.
- [4] J. BLANCHET et M. VIGNES : A model-based approach to gene clustering with missing observation reconstruction in a markov random field framework. *Journal of Computational Biology*, 16(3):475–486, mar 2009. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19254185>.
- [5] S. BOISSET, T. GEISSMANN, E. HUNTZINGER, P. FECHTER, N. BENDRID, M. POSSEDKO, C. CHEVALIER, A. C. HELFER, Y. BENITO, A. JACQUIER, C. GASPIN, F. VANDENESCH et P. ROMBY : Staphylococcus aureus RNAPIII coordinately represses the synthesis of virulence factors and the transcription regulator Rot by an antisense mechanism. *Genes Dev*, 21(11):1353–66, Jun 2007. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17545468>.

- [6] S. BOITARD, J. ABDALLAH, H. de ROCHAMBEAU, C. CIERCO-AYROLLES et B. MANGIN : Linkage disequilibrium interval mapping of quantitative trait loci. *BMC Genomics*, 7:54, 2006. URL <http://eutils.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/eutils/elink.fcgi?cmd=prlinks\&dbfrom=pubmed\&retmode=ref\&id=16542433>.
- [7] S. BOITARD et P. LOISEL : Probability distribution of haplotype frequencies under the two-locus Wright–Fisher model by diffusion approximation. *Theoretical Population Biology*, 71(3):380–391, 2007. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17316725>.
- [8] J. BURSTIN, P. MARGET, M. HUART, A. MOESSNER, B. MANGIN, C. DUCHENE, B. DESPREZ, N. MUNIER-JOLAIN et G. DUC : Developmental genes have pleiotropic effects on plant morphology and source capacity, eventually impacting on seed protein content and productivity in pea. *Plant Physiology*, 144(2):768–781, jun 2007. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17449650>.
- [9] S. BÉRARD, A. BERGERON, C. CHAUVE et C. PAUL : Perfect sorting by reversal is not always difficult. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, 4(1):4–16, 2007. URL <http://www.cecm.sfu.ca/~cchauve/Publications/TCBB-WAB105.pdf>.
- [10] S. BÉRARD, C. CHAUVE et C. PAUL : A more efficient algorithm for perfect sorting by reversals. *Information Processing Letters*, 106(3):90–95, 4 2008. URL <http://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/download?doi=10.1.1.132.3556&rep=rep1&type=pdf>.
- [11] S. BÉRARD, F. NICOLAS, J. BUARD, O. GASCUEL et E. RIVALS : Fast and specific alignment method for minisatellite maps applied to human y chromosome minisatellite msy1. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 2:327–344, 2006.
- [12] S. B. CANNON, L. STERCK, S. ROMBAUTS, S. SATO, F. CHEUNG, J. GOUZY, X. WANG, J. MUDGE, J. VASDEWANI, T. SCHIEX, M. SPANNAGL, E. MONAGHAN, C. NICHOLSON, S. J. HUMPHRAY, H. SCHOOF, K. F. X. MAYER, J. ROGERS, F. QUÉTIER, G. E. OLDROYD, F. DEBELLÉ, D. R. COOK, E. F. RETZEL, B. A. ROE, C. D. TOWN, S. TABATA, Y. Van de PEER et N. D. YOUNG : Legume genome evolution viewed through the medicago truncatula and lotus japonicus genomes. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 103(40):14959–64, Oct 2006. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17003129>.
- [13] B. CLOUET-D’ORVAL, C. GASPIN et A. MOUGIN : Two different mechanisms for tRNA ribose methylation in Archaea : a short survey. *Biochimie*, 87(9-10):889–95, Sep-Oct 2005. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16164996>.
- [14] S. de GIVRY et L. JEANNIN : A unified framework for partial and hybrid search methods in constraint programming. *Computer & Operations Research*, 33(10):2805–2833, 2006. URL <http://www.inra.fr/internet/Departements/MIA/T/degivry/GivryJeannin04.pdf>.
- [15] S. de GIVRY, M. BOUCHEZ, P. CHABRIER, D. MILAN et T. SCHIEX : Carthagene : multipopulation integrated genetic and radiation hybrid mapping. *Bioinformatics*, 21(8):1703–4, Apr 2005. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15598829>.
- [16] T. FARAUT, S. de GIVRY, P. CHABRIER, T. DERRIEN, F. GALIBERT, C. HITTE et T. SCHIEX : A comparative genome approach to marker ordering. *Bioinformatics*, 23(2):e50–6, Jan 2007. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17237105>.
- [17] T. FARAUT, S. de GIVRY, C. HITTE, Y. LAHLIB-MANSAIS, M. MORISSON, D. MILAN, T. SCHIEX, B. SERVIN, A. VIGNAL, F. GALIBERT et M. YERLE : Contributions of radiation hybrids to genome mapping in domestic animals. *Cytogenetic and Genome Research*, A paraître, 2009.

- [18] O. FILANGI, Y. BEAUSSE, A. ASSI, L. LEGRAND, J.-M. LARRÉ, V. MARTIN, O. COL-LIN, C. CARON, H. LEROY et D. ALLOUCHE : Biomaj : a flexible framework for data-banks synchronization and processing. *Bioinformatics*, 24(16):1823–5, Aug 2008. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18593718>.
- [19] S. FOISSAC, J. GOUZY, S. ROMBAUTS, C. MATHÉ, J. AMSELEM, L. STERK, Y. van de PEER, P. ROUZÉ et T. SCHIEX : Genome annotation in plants and fungi : Eugène as a model platform. *Current Bioinformatics*, 3(2):87–97, 5 2008. URL <http://www.bentham.org/cbio/openacesarticles/cbio3-2/0003CBIO.pdf>.
- [20] S. FOISSAC et T. SCHIEX : Integrating alternative splicing detection into gene prediction. *BMC Bioinformatics*, 6:25, 2005. URL <http://www.biomedcentral.com/1471-2105/6/25>.
- [21] J. GOUZY, S. CARRERE et T. SCHIEX : Framedp : sensitive peptide detection on noisy matured sequences. *Bioinformatics*, Jan 2009. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19153134>.
- [22] F. HERAS, J. LARROSA, S. de GIVRY et T. SCHIEX : 2006 and 2007 max-sat evaluations : Contributed instances. *Journal of Satisfiability, Boolean Modeling and Computation*, 4:239–250, 2008. URL [http://www.st.ewi.tudelft.nl/jsat/content/volume4/JSAT4\\_12\\_Heras.pdf](http://www.st.ewi.tudelft.nl/jsat/content/volume4/JSAT4_12_Heras.pdf).
- [23] M. JOURJON, S. JASSON, J. MARCEL, B. NGOM et B. MANGIN : MCQTL : multi-allelic qtl mapping in multi-cross design. *Bioinformatics*, 21(1):128–30, 2005. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15319261>.
- [24] J. LARROSA, F. HERAS et S. de GIVRY : A logical approach to efficient max-sat solving. *Artificial Intelligence*, 172(2-3), 2008.
- [25] A. LUCAS et S. JASSON : Using amap and ctc packages for huge clustering. *R News*, 5(6):58–60, 2006.
- [26] B. MANGIN, P. GARNIER-GERE et C. CIERCO-AYROLLES : The estimator of the optimal measure of allelic association : Mean, variance and probability distribution when the sample size tends to infinity. *Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology*, 7(1), 2008. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18597666>.
- [27] E. MARQUES, S. de GIVRY, P. STOTHARD, B. MURDOCH, Z. WANG, J. WOMACK et S. S. MOORE : A high resolution radiation hybrid map of bovine chromosome 14 identifies scaffold rearrangement in the latest bovine assembly. *BMC Genomics*, 8:254, 2007. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17655763>.
- [28] C. NOIROT, C. GASPIN, T. SCHIEX et J. GOUZY : LeARN : a platform for detecting, clustering and annotating non-coding RNAs. *BMC Bioinformatics*, 9:21, 2008. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18194551>.
- [29] C. PRALET, G. VERFAILLIE et T. SCHIEX : An algebraic graphical model for decision with uncertainties, feasibilities, and utilities. *Journal of Artificial Intelligence Research*, 29:421–489, 2007. URL <http://www.jair.org/media/2151/live-2151-3404-jair.pdf>.
- [30] A. PRASAD, T. SCHIEX, S. MCKAY, B. MURDOCH, Z. WANG, J. E. WOMACK, P. STOTHARD et S. S. MOORE : High resolution radiation hybrid maps of bovine chromosomes 19 and 29 : comparison with the bovine genome sequence assembly. *BMC Genomics*, 8:310, 2007. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17784962>.
- [31] M. RENALIER, N. JOSEPH, C. GASPIN, P. THEBAULT et A. MOUGIN : The Cm56 tRNA modification in archaea is catalyzed either by a specific 2'-O-methylase, or a C/D sRNP. *RNA*, 11(7):1051–63, 2005. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15987815>.

- [32] M. SANCHEZ, S. de GIVRY et T. SCHIEX : Mendelian error detection in complex pedigrees using weighted constraint satisfaction techniques. *Constraints*, 13(1):130–154, 2008. URL <http://dx.doi.org/10.1007/s10601-007-9029-5>.
- [33] P. THÉBAULT, S. de GIVRY, T. SCHIEX et C. GASPIN : Searching rna motifs and their intermolecular contacts with constraint networks. *Bioinformatics*, 22(17):2074–80, Sep 2006. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16820426>.
- [34] M. VIGNES et F. FORBES : Gene clustering via integrated markov models combining individual and pairwise features. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, 6(2):260–270, apr 2009. URL <http://view.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19407350>.
- [35] M. ZYTNICKI, C. GASPIN, S. de GIVRY et T. SCHIEX : Bound arc consistency for weighted csp. *Journal of Artificial Intelligence Research*, To appear, 2009.
- [36] M. ZYTNICKI, C. GASPIN et T. SCHIEX : DARN! a soft constraint solver for RNA motif localization. *Constraints*, 13(1):91–109, 2008. URL <http://dx.doi.org/10.1007/s10601-007-9033-9>.

#### **0.0.2 Articles dans des revues avec comité de lecture non répertoriées dans des bases de données internationales**

- [37] C. GASPIN et P. THÉBAULT : Identification d'ARN non codants. *Biofutur*, 251:33–36, 2005.
- [38] C. PRALET, T. SCHIEX et G. VERFAILLIE : Algorithmes et complexités génériques pour différents cadres de décision séquentielle dans l'incertain. *Revue d'Intelligence Artificielle*, 21:459–488, 2007. URL <http://www.inra.fr/mia/T/schiex/Export/ria2007.pdf>.
- [39] C. PRALET, G. VERFAILLIE et T. SCHIEX : Un cadre graphique et algébrique pour les problèmes de décision incluant incertitudes, faisabilités et utilités. *Revue d'Intelligence Artificielle*, 21(3), 2007. URL <http://www.inra.fr/mia/T/schiex/Export/ria2006.pdf>.

#### **0.0.3 Conférences données à l'invitation du Comité d'organisation dans un congrès national ou international**

- [40] R. DECHTER, S. de GIVRY, R. MARINESCU et T. SCHIEX : Combinatorial optimization for graphical models. *In Selected tutorial at IJCAI'2009.*, Pasadena (CA), USA., 2009.
- [41] J. LARROSA et T. SCHIEX : Soft constraint solving. Invited tutorial at CP'2006, 2006.
- [42] B. MANGIN : Combiner l'analyse de liaison et le déséquilibre de liaison pour cartographier finement les QTL dans le pedigrees animaux. *In Bilan des projets GENANIMAL 2003-2006*, Dourdan, 10 2007.
- [43] B. MANGIN : Une contribution de génoplante en bioinformatique. *In Les 10 ans de GÉNOPLANTE*, Paris, apr 2009.
- [44] P. MESEGUER et T. SCHIEX : Constraint processing. Invited tutorial at IJCAI'05, 2005.
- [45] T. SCHIEX : From gene prediction to integrated annotation pipeline (Invited talk). *In Plant'GEMS*, Amsterdam, The Netherlands, 2005.
- [46] T. SCHIEX : Soft Constraint Processing. First international Summer School on Constraint Programming, 2005.
- [47] T. SCHIEX : Combinatorial optimization for pedigree analysis using graphical models. Invited talk at the 2nd channel conference of the International Biometry Society, apr 2009.

#### 0.0.4 Communications avec actes dans un congrès international

- [48] S. BOITARD : Computation of the haplotype frequency distribution under the two-locus wright-fisher model. a diffusion approximation method. *In Proc. of European mathematical genetics meeting in annals of human genetics 69(6) ,p. 765*, pages 764–774, Le Kremlin-Bicêtre, France, 2005.
- [49] S. BOUVERET, S. de GIVRY, F. HERAS, J. LARROSA, E. ROLLON, M. SANCHEZ, T. SCHIEX, G. VERFAILLIE et M. ZYTNIKI : Max-csp competition 2007 : toolbar/toulbar2 solver brief description. *In C. R. O. van DONGEN, M R C ; Lecoutre, éditeur : Proceedings of the Second International CSP Solver Competition*, pages 19–21, 2008.
- [50] S. BÉRARD, A. BERGERON, C. CHAUVE et C. PAUL : Perfect sorting by reversal is not always difficult. *In Proc. of the 5th Workshop on Algorithms in Bioinformatics (WABI'05)*, numéro 3692 in LNCS, pages 228–238, 2005.
- [51] M. COOPER, S. de GIVRY, M. SANCHEZ, T. SCHIEX et M. ZYTNIKI : Virtual arc consistency for weighted csp. *In Proc. of AAAI'2008*, Chicago, USA, 2008. URL <http://www.aaai.org/Papers/AAAI/2008/AAAI08-040.pdf>.
- [52] M. COOPER, S. de GIVRY et T. SCHIEX : Optimal soft arc consistency. *In Proc. of IJCAI-07*, pages 68–73, Hyderabad, India, 2007. URL <http://www.ijcai.org/papers07/Papers/IJCAI07-009.pdf>.
- [53] S. de GIVRY, T. SCHIEX et T. VERFAILLIE : Exploiting tree decomposition and soft local consistency in weighted CSP. *In Proc. of AAAI'2006*, Boston (MA), USA, 2006. URL <http://www.aaai.org/Papers/AAAI/2006/AAAI06-004.pdf>.
- [54] S. de GIVRY, M. ZYTNIKI, F. HERAS et J. LARROSA : Existential arc consistency : getting closer to full arc consistency in weighted CSPs. *In Proc. of IJCAI-05*, pages 84–89, Edinburgh, Scotland, 2005. URL <http://www.ijcai.org/papers/0827.pdf>.
- [55] T. FARAUT, S. de GIVRY, P. CHABRIER, T. DERRIEN, F. GALIBERT, C. HITTE et T. SCHIEX : A comparative genome approach to marker ordering. *In Proc. of ECCB'2006*, 2006. URL <http://www.inra.fr/mia/T/schiex/Export/ComparativeMapping.pdf>.
- [56] C. PRALET, T. SCHIEX et G. VERFAILLIE : Decomposition of multi-operators queries on semiring-based graphical models. *In Proc. of CP'2006*, Nantes, France, 2006. URL <http://www.inra.fr/mia/T/schiex/Export/cp2006.pdf>.
- [57] C. PRALET, T. SCHIEX et G. VERFAILLIE : From influence diagrams to multioperator cluster dags. *In Proc. of UAI'2006*, Boston (MA), USA, 2006. URL <http://www.inra.fr/mia/T/schiex/Export/uai2006.pdf>.
- [58] C. PRALET, G. VERFAILLIE et T. SCHIEX : Decision with uncertainties, feasibilities and utilities : towards a unified algebraic framework. *In Proc. of ECAI'2006*, Trento, Italy, 2006. URL <http://www.inra.fr/mia/T/schiex/Export/ecai2006.pdf>.
- [59] M. SANCHEZ, D. ALLOUCHE, S. de GIVRY et T. SCHIEX : Russian doll search with tree decomposition. *In Proc. of IJCAI'09*, Pasadena (CA), USA, 2009. URL <http://www.inra.fr/mia/T/schiex/Export/IJCAI2009.pdf>.
- [60] M. ZYTNIKI, C. GASPIN et T. SCHIEX : A new local consistency for weighted CSP dedicated to long domains. *In Proceedings of the 2006 ACM Symposium on Applied Computing*, pages 394–398, Dijon, France, 2006. URL <http://www.inra.fr/mia/T/zytnicki/Files/230406.pdf>.

### 0.0.5 Ouvrages scientifiques (ou chapitres de ces ouvrages)

- [61] S. BOITARD : *Cartographie de gènes à caractères quantitatifs par déséquilibre de liaison*. Thèse de doctorat, Université Paul Sabatier, Toulouse III, 2005.
- [62] S. FOISSAC : *Localisation de gènes et variants par intégration d'informations*. Thèse de doctorat, Université Paul Sabatier, 2005.
- [63] S. GENIN, M. SALANOUBAT, J. GOUZY, A. MOISAN, T. SCHIEX, S. CUNNAC, M. LAVIE, C. ZISCHEK, P. BARBERIS et C. BOUCHER : The *Ralstonia solanacearum* complete genome sequence : outputs and prospects. In *Bacterial wilt disease and the Ralstonia solanacearum species complex*, pages 335–342. American Phytopathological Society (APS Press), St. Paul, USA, 2005.
- [64] A. KOZOMARA : *Prédiction de gènes d'ARN dans les séquences génomiques*. Thèse de doctorat, Université Paul Sabatier, Toulouse, Toulouse, France, Juin 2009.
- [65] P. MESEGUER, F. ROSSI et T. SCHIEX : *Soft Constraints*, chapitre 9, pages 281–328. Elsevier, 2006. ISBN 978-0-444-52726-4. URL [http://www.elsevier.com/wps/find/bookdescription.cws\\_home/708863/description](http://www.elsevier.com/wps/find/bookdescription.cws_home/708863/description).
- [66] C. PRALET : *Un cadre générique pour représenter et résoudre des problèmes de décision séquentiels avec incertitudes, faisabilités et utilités*. Thèse de doctorat, Ecole Nationale Supérieure de l'Aéronautique et de l'Espace, Toulouse, Toulouse, France, 2006.
- [67] G. VERFAILLIE et T. SCHIEX : *Problèmes de satisfaction de contraintes*, volume 1 de *Traité IC2, série Informatique et Systèmes d'Information*, chapitre 6, pages 287–344. Hermès Sciences, 2006. ISBN 2-7462-1289-7. URL <http://www.lavoisier.fr/fr/livres/index.asp?texte=2746212890&select=isbn&from=Hermes>.
- [68] G. VERFAILLIE et T. SCHIEX : *Constraint Satisfaction Problems*, chapitre 6, pages 265–320. Numéro ISBN 978-1-84821-116-2. ISTE-Wiley, 2009. URL <http://eu.wiley.com/WileyCDA/WileyTitle/productCd-1848211163.html>.
- [69] M. ZYTNIKI : *Localisation d'ARN non-codants par réseaux de contraintes pondérées*. Thèse de doctorat, Université Paul Sabatier, Toulouse, 2008.