

ANNE SIEGEL CURRICULUM VITAE

Nom, Prénom: SIEGEL, Anne

URL: <http://www.irisa.fr/dyliss/anne.siegel>

Nationalité: ^[SEP]French

Date de naissance: 21/07/1975

Enfants: 4

DIPLOMES

2008: **Habilitation** à diriger des recherches, Université de Rennes, (double) mention mathématiques et informatique.

2000: **Thèse doctorat**, Aix-Marseille université, école doctorale mathématiques discrètes & fondements de l'informatique

1997: **Agrégation de mathématiques**

1997: Diplôme de l'École Normale Supérieure de Lyon & DEA de mathématiques de l'université Claude Bernard (Lyon)

POSITIONS ACADEMIQUES

2023: **Directrice de recherche classe exceptionnelle (DRCE)** au CNRS.

2017: Directrice de recherche 1ere classe (DR1) au CNRS.

2010: Directrice de recherche (DR2) au CNRS en informatique, IRISA, Rennes.

2002: Chargée de recherche au CNRS en informatique, IRISA, Rennes.

2001 : Maitresse de conférences en mathématiques, IRMAR, Rennes.

SERVICE A LA COMMUNAUTE ET LEADERSHIP SCIENTIFIQUE

Comités de direction institutionnels.

- Depuis 2021 **Directrice Adjointe Scientifique (DAS)**, **CNRS Sciences Informatiques (INS2I)**. En charge de l'interdisciplinarité, du suivi des GDR (groupements de recherche) et de la politique parité.
- 2019-2021 : **Chargée de Mission**, CNRS Sciences informatique (INS2I), CNRS. Bioinformatique. Politique parité.

Responsabilités locales.

- **Responsable du département "Gestion des données et des connaissances"** du laboratoire (2019-21), 90 membres.
- **Responsable de l'équipe de recherche Dyliss** (Univ Rennes, CNRS, Inria). Systèmes formels et programmation logique pour l'interprétation des données à grande-échelle en biologie (2012-19).

Comités d'évaluation institutionnels.

- **Commission d'évaluation Inria** (2008-11, 2015-2019).
- **Comité national du CNRS, section 01 - Mathématiques et interactions des mathématiques-** (2010-12)

Comités d'experts (liste non-exhaustive):

- **Programmes nationaux.** Comité ANR (2018). Présidence AAP biologie des systèmes/cancer INCA (2017).
- **HCERES** Présidente du comité HCERES (Institut Curie U900, 2017). Membre de comité HCERES (2014).
- **Membre de 28 jurys de recrutements** (DR, CR, PR, MCF, IR, IE... CNRS, Inria, Inrae, Universités)
- **Membre ou présidente de 35 jurys de thèses et de 10 jurys d'habilitation à diriger des recherches.**
- **Expertise internationale :** ERC-consolidator, COST ECST, ERA-CAPS, Israel Science Foundation, FP7, NWO...

Conseil et comités scientifiques (liste non-exhaustive):

- **CNRS.** **PEPR Molecularxiv** (référente scientifique pour le CNRS) – **MITI** (mission pour l'interdisciplinarité et les initiatives transverses, comité de pilotage) – **Modcov19** (2020-23) – **PPR Autonomie** (conseil scientifique)
- Conseil scientifique du **département MathNum** d'Inrae (2020-2022)
- **Fondatrice et animatrice d'un groupe de travail national** sur l'étude des systèmes dynamiques symboliques en biologie (**Bioss**, GDR Informatique Mathématiques & GDR Bioinformatique moléculaire)

Implication dans des programmes scientifiques (liste non-exhaustive)

- **Board scientifique du projet IDEALG** (PIA). Co-responsable du WP biologie des systèmes (900k€) (2011-2021)
- **Coordinatrice** du projet de recherche **Biotempo** (2010-2014).
- **Responsable locale de programmes scientifiques récents.** BeCycle (Grand défi **Ferment du futur**). Deep Impact (**PPR Cultiver & protéger autrement**). **SeaBioz** (ANR bioéconomie). TGFSysBio (Plan cancer). Mecagenotox (ANSES).

Parité-Egalité

- Co-supervision du projet de bande-dessinée (et ses matériels pédagogiques) **"Les décodeuses du numérique"** (2021). **Médaille médiation scientifique 2022**.
- Coordinatrice de la **cellule parité-égalité, CNRS Sciences informatiques** (INS2I), depuis 2019.
- Création et coordination du **groupe de travail "égalité femmes-hommes" du laboratoire IRISA** et du centre Inria Rennes (2017-21). **Prix Minerva 2022, société Informatics Europe**.
- Responsable du groupe de travail « recrutement » du comité parité Inria (2016-19). **Charte parité** pour le recrutement et bonnes pratiques pour les jurys.

SUJETS DE RECHERCHE

Domaines de recherche: bioinformatique, biologie des systèmes, représentation des connaissances

Contributions: >110 publications (articles de journaux, actes de conférences), en informatique théorique, représentation des connaissances, bioinformatique et mathématiques.

Sélection de publications [1] CEGAR-Based Approach for Solving Combinatorial Optimization Modulo K. Thuillier et al. [AAAI conference proceedings](#). 2024. [2] A. Belcour et al, Inferring and comparing metabolism across heterogeneous sets of annotated genomes using AuCoMe, [Genome Research](#) 2023 [3] K. Thuillier et al, Merrin: metabolic regulation rule inference from time series data, [bioinformatics/ECCB](#) 2022 [4] A. Belcour et al, Metage2Metabo, microbiota-scale metabolic complementarity for the identification of key species, [eLife](#) 2021 [5] A. Belcour et al. [Inferring Biochemical Reactions and Metabolite Structures to Understand Metabolic Pathway Drift](#), [iscience](#), 2020 [6] C. Frioux et al, hybrid metabolic network completion, [Theory Pract. Log. Program](#) 2019 [7] C. Frioux et al Scalable and exhaustive screening of metabolic functions carried out by microbial consortia, [bioinformatics/ECCB](#) 2018. [8] M. Aite, et al, Traceability, reproducibility and wiki-exploration for “a-la-carte” reconstructions of genome-scale metabolic networks, [Plos Comp. Biology](#), 2018 [9] S. Prigent et al. Meneco, a Topology-Based Gap-Filling Tool Applicable to Degraded Genome-Wide Metabolic Networks, [Plos Comp. Biology](#), 2017. [10] C. Guziolowski et al. Exhaustively characterizing feasible logic models of a signaling network using Answer Set Programming. [Bioinformatics](#). 2013 [11] M. Gebser et al. Repair and prediction (under Inconsistency) in Large Biological Networks with Answer Set Programming. [Knowledge Reasoning](#). 2010 [12] A. Siegel and J. Thuswaldner. Topological properties of Rauzy fractals. [Mémoires de la SMF](#) 2009 [13] V. Berthé and A. Siegel, Purely periodic beta-expansions in the Pisot non unit case, [J Number Theory](#) 2007 [14] P. Arnoux et al, Two-dimensional iterated morphisms and discrete planes. [Theor. Comput. Sci](#). 2004. [15] V. Canterini and A. Siegel, Geometric representation of substitutions of Pisot type, [Trans. Am. Math Soc](#), 2001.

VIE SCIENTIFIQUE

Comités de programme : [ISMB](#), [WCB@ICML](#), [IJCAI'2020](#), [JOBIM](#), [CP'2019](#), ...

Présentations invitées (sélection) Plus de 50 exposés en séminaires et colloques. [Congreso del futuro](#) (Chili, 2024). Session inaugurale du [PEPR Atlasea](#) (2023) Session inaugurale du congrès de la société française de microbiologie (2018). [Metabolic Pathway Analysis'2019](#), [SASB'2019](#), [MCU'2015](#), ECCB workshop (2014, France), CSL/LICS workshop (Austria, 2014), PRIB'2013, CIBB'2013. Numeration conference (Netherlands, 2010); Conference on aperiodic Order (UK, 2009).

Prix: [Prix médiation scientifique](#) (2022) – [Prix Minerva Informatics Europe](#) (2022) – LPNMR : best student paper award (2017) – CMSB: best paper award (2012)

Collaborations internationales (liste non-exhaustive): A. Maass (Univ. of Chile, 9 visits in Chile since 2010). T. Schaub (Univ. of Potsdam, Germany, frequent visits in France). A. Bockmayr (Frei Berlin Univ, Germany). J. Saez-Rodriguez (Heidelberg, Germany).

Organisation de colloques scientifiques (depuis 2020): [ADN Big Data et polymère](#) (2020) – [Workshop symbiodiversity](#) (Chile, 2022) – [Limite planétaires et enjeux de durabilité](#) (2023) – [Santé environnement travail : des données à la preuve](#) (2023) – [Réplicabilité reproductibilité](#) (2023) – Jumeaux numériques (01/2024).

ENSEIGNEMENT – ENCADREMENT - MEDIATION

Encadrement: 15 thèses soutenues et 3 thèses en cours sous ma direction. 15 post-docs et ingénieurs.

Enseignement

- **Master de bioinformatique** (Rennes). 20h/an entre 2008 et 2011 et entre 2014 et 2023
- **Ecoles de recherches** : Ecole jeunes chercheurs Modélisation des systèmes biologiques, Porquerolles (2023, 2019, 2017, 2013) - Ecole jeunes chercheurs Advances in systems and synthetic biology (2018) - Represent streams II, Netherlands - Ecole jeunes chercheurs en informatique-mathématiques (2012).

Médiation

- **Collèges et lycées** : [Rencontre Jeunes Mathématiciennes et Informatiennes](#) (20 lycéennes/session) (Rennes'2018-20-21-23, Paris'20) - [J'peux pas j'ai informatique](#) (3 classes de collège/an) (2019-20).
- **Formation des enseignants du secondaire** : [J'peux pas j'ai informatique'prof](#) (50 enseignants de collèges et lycées/session) (2021, 2022, 2024) - Formation DIU informatique (2020)
- **Sensibilisation des enseignants du secondaires** : [Journées citoyenneté numérique de l'Académie de Créteil](#) (2022) - [Semaine de l'égalité de l'académie de Toulouse](#) (2022) - [Les rencontre de l'association des enseignantes et enseignants en informatique](#) de France (2022) – [Trousse à projet numérique](#) (2023) – [Femmes engagées](#) (2024).

Media, Table-ronde

- **Media** : Émission [« Autour de la question »](#) de Radio France International, 19/10/21 - Article et podcast [d'ONU Info](#), 11/02/22 - [Webinaire of l'ambassade d'Australie](#), 07/22
- **Tables-ronde** : [Educative-Educatec](#) (2021) - Semaine égalité Rennes (2021) – [20 ans MPDF](#) (2022) – [Women in AI](#) (2022) – [Sorbonne université](#) (2022) - [Parlons égalité, CNRS](#) (2023) – Actions concrètes, CNRS (2024)

Anne Siegel

Discipline : Bioinformatique - Biologie des Systèmes - Informatique théorique.

Laboratoire de recherche : IRISA (CNRS - Université Rennes 1- Inria).

Structure administrative : INS2I (Institut des Sciences de l'Information et de leurs interactions).

1. Curriculum Vitae

ETAT-CIVIL

Née en 1975.

Mariée. Quatre enfants (nés en 1999, 2002, 2006, 2011).

CURSUS ET TITRES UNIVERSITAIRES

2023	Directrice de Recherche DRCE, Informatique, IRISA, Rennes
2017	Directrice de Recherche DR1, Informatique, IRISA, Rennes
2010	Directrice de Recherche DR2, Informatique, IRISA, Rennes
2009	Qualification professeur en informatique (CNU 27) et en mathématiques (CNU 25)
2008	HDR, Univ. Rennes 1, spécialités Mathématiques et Informatique. <i>Analyse de systèmes dynamiques par discrétisation. Exemples d'applications en théorie des nombres et en biologie moléculaire.</i> Rapporteurs : Marie-Pierre Béal, Hidde De Jong, Boris Solomyak, Alejandro Maass
2006	Chargée de Recherche 1ère classe au CNRS
01/2002	Chargée de recherche 2ème classe au CNRS, section 07 (informatique), IRISA, Rennes
09/2001	Maître de conférences en mathématiques, affectée à l'IRMAR, Rennes
12/2000	Doctorat de l'université de la Méditerranée, Mathématiques Discrètes et Fondements de l'Informatique. Directeur de thèse : Pierre Arnoux. Rapporteurs : A. Fathi & F. Parreau
1998-2001	Allocataire de Recherche Moniteur, IML, Université de la Méditerranée
1997	Agrégation de mathématiques
1997	DEA de mathématiques de l'université de Lyon
1994-1998	Ecole Normale Supérieure de Lyon, spécialité mathématiques

RÉSUMÉ DU PARCOURS

Diplômée de l'Ecole Normale Supérieure de Lyon et agrégée en mathématiques (1994-98), j'ai soutenu un doctorat en mathématiques à l'université de la Méditerranée, sous la direction de Pierre Arnoux, à Marseille. Ma thèse portait sur une interprétation en combinatoire et en théorie des nombres de systèmes dynamiques substitutifs. J'ai obtenu un poste de maître de conférence en mathématiques à l'université de Rennes 1 puis un poste en informatique au CNRS, et j'ai rejoint l'IRISA pour intégrer l'équipe de bioinformatique. J'ai alors exploré un nouveau champ de recherche autour de l'analyse des systèmes biologiques à grande échelle.

Pendant la période 2002-2010, j'ai développé deux axes de recherches disjoints. D'une part, dans la continuité de ma thèse, je me suis intéressée à l'utilisation de systèmes dynamiques symboliques pour répondre à des questions issues de la géométrie discrète ou de la numération. D'autre part, j'ai développé des méthodes pour comprendre le fonctionnement de systèmes biologiques à partir de données qualitatives et à grande échelle, à l'aide de programmation logique, menant à mon habilitation avec la double mention « mathématiques et informatique ». J'ai ensuite eu été promue Directrice de Recherche au CNRS en 2010.

En 2012, j'ai créé une équipe de bioinformatique, nommée Dyliss, avec pour but d'utiliser différentes approches de systèmes formels (systèmes dynamiques discrets, logique, apprentissage) pour identifier les acteurs clés de la réponse d'un système biologique à partir de données génomiques et plus généralement « omiques ». J'ai ainsi eu l'opportunité de rassembler mes différents domaines d'expertises (systèmes dynamiques, représentation des connaissances). En 2019, j'ai pris la responsabilité du département "Gestion des données et des connaissances" de l'IRISA (six équipes, une plateforme, 50 permanents, autour de 90 membres au total), qui correspond globalement à des fonctions d'animation, jusqu'en octobre 2021.

J'ai en parallèle rejoint la direction scientifique de l'INS2I au CNRS en tant que chargée de mission, où mes principales activités ont été le suivi du domaine "bioinformatique" et "données de santé" en particulier, le suivi de la section 51 et de la section 6, et la responsabilité de la cellule parité-égalité. Depuis septembre 2021, j'ai été nommée directrice adjointe scientifique à l'INS2I (CNRS), en charge de l'interdisciplinarité, des interfaces avec les autres instituts du CNRS, du suivi des GDR, et de la parité.

RESPONSABILITÉS

Direction

- 2021- Directrice adjointe scientifique à l'INS2I/CNRS (interfaces, interdisciplinarité, GDR, parité).
- 2019-21 Chargée de mission à l'INS2I/CNRS (suivi des interfaces avec la biologie; cellule parité; suivi des section 51 et 6).
- 2019-21 Responsable Département "Gestion des données et connaissances" (IRISA)
Une centaine de membres
- 2012-19 Responsable Equipe Dyliss (IRISA & Inria) [<http://www.irisa.fr/dyliss/>]
une vingtaine de membres (8 permanents, 6 doctorants, 4 post-doc. ou ingénieurs).

Conseils, comités

- 2021-.. PEPR exploratoire Molecularxiv : référente scientifique pour le CNRS, comité de pilotage
- 2021-.. Comité de pilotage de la MITI (Mission pour l'Interdisciplinarité et les initiatives transverses du CNRS)
- 2020-23 Membre de la coordination du groupe ModCov19
- 2020-22 Conseil scientifique du département mathNum d'Inrae
- 2014-21 Création et co-animation du groupe de travail BIOSS "modélisation symbolique des systèmes biologiques" communs aux GDR BIM - Bioinformatique Moléculaire et au GDR IM - Informatique Mathématique.
- 2016-19 Conseil de laboratoire de l'IRISA. Membre élue.
- 2013-15 Conseil de centre Inria Rennes Bretagne Atlantique. Membre nommée.
- 2012-15 Conseil scientifique de la génopole BioGenOuest.
- 2012-16 Commission des thèses de mathématiques du réseau Bretagne-Pays de la Loire.
- 2003-08 Conseil de laboratoire de l'IRISA. Membre élue.

Instances évaluations

- 2015-19 Commission d'évaluation de l'INRIA. Membre nommée.
- 2010-12 Comité national du CNRS, section 01 (mathématiques et interactions). Membre nommée.
- 2008-11 Commission d'évaluation de l'INRIA. Membre élue.

Responsabilités scientifiques de projets

- 2011-20 **ANR Idealg**, membre du conseil scientifique, co-responsable du workpackage 4, Inv. Avenir Bioresources et biotech.
- 2012-21 Co-responsable ligne de recherche **Ciric-Omics Integrative center**, Centre INRIA au Chili. (équipe associée INRIA France/Chili IntegrativeBioChile).
- 2010-14 **ANR Biotempo**, Coordinatrice du projet de recherche, ANR blanc Informatique.

Egalité femmes-hommes

- 2019-.. Coordination de la cellule parité-égalité de l'INS2I/CNRS
Les membres de cette cellule ont reçu la **Médaille de la médiation scientifique 2022** pour l'ouvrage "les décodeuses du numérique"
- 2017-21 Coordination du groupe de travail "égalité femmes-hommes" de l'Irisa - Inria Rennes
Le travail de la commission a été récompensé en 2022 par le **prix Minerva** décerné par *Informatics Europe*.
- 2016-19 Comité parité-égalité INRIA. Responsable du groupe de travail "recrutement des chercheurs et chercheuses".

EXPERTISE

Comités d'experts

<i>Evaluation de projets internationaux</i>	ERC Consolidator - COST ECST - Israel Science Fundation - FP7-people-Cofund. - NWO (netherlands). ERA-CAPS.
<i>Evaluation HCERES</i>	Bioinformatique-Institut Curie (présidente, 11/2017) - LIFL-LAGIS (2013).
<i>AAP Plan cancer/biologie des systèmes</i>	Présidence comité (10/2017) - Membre comité (2014).
<i>ANR</i>	Membre comité CIS41 (modélisation interdisciplinaire, 2018). Expertise de dossiers : informatique, biologie, mathématiques (2013. 2014. 2020. 2021).
<i>Divers France</i>	ARP Mermed (2014) - OSPECT
<i>Conseils scientifiques</i>	GDR MathSav, - Conseil scientifique du PPR Autonomie -

Comités de sélection, jurys

<i>Directeur de recherche (5)</i>	DR Inria, 2016, 2017, 2018, 2019 DR CNRS, Section 01 (mathématiques), 2011 & 2012.
<i>Chargé de recherche (8)</i>	CR2 Inria Saclay (2018), CR1 Inria (2017), CR2 Inria Nice (2015), Concours CR1/CR2 CNRS section 01 (2011&2012), Inria Grenoble (2010), Inria Lille (2009 & 2010)
<i>Professeur (6)</i>	UPMC (2 postes en biologie des systèmes, 2016) - Lille (informatique, 2015) - Angers (informatique, 2015) - Bordeaux (informatique, 2014) - Lille (informatique, 2012).
<i>Maitre de Conférence (7)</i>	Marseille (informatique, 2018) - Orsay (informatique, 2014) - Rennes (informatique, 2013) - Nantes (informatique, 2012) - Lille (bioinformatique, 2010) - Lyon (biologie, 2009) - Rennes (biologie, 2009).
<i>Ingénieur de Recherche (1)</i>	INRA (2016)
<i>Ingénieur d'étude (1)</i>	CNRS (2021)

Jurys de thèse

<i>Jurys thèse (35)</i>	M. Manceny (Informatique, Evry, 2006) - G. Kervizic (biologie, Brest, 2009) - C. Friguet (biologie, Rennes, 2010) - I. Ndiaye (automatique, Nice, 2010. <i>rapporteuse</i>) - G. Espinoza (mathématiques, Univ. Chile & Univ. Nice, 2010. <i>rapporteuse</i>) - N. Loira (informatique, Univ. Bordeaux, 2012. <i>rapporteuse</i>) - S. Thiele (informatique, Univ Potsdam, 2012. <i>rapporteuse</i>) - M. Noual (informatique, ENS Lyon, 2012, <i>présidente</i>) - P. Vanier (informatique, Univ. Marseille, 2013. <i>présidente</i>) - F. Nguema-Ndong (mathématiques, Poitiers, 2013. <i>présidente</i>) - T. Jolivet (informatique. Univ. Paris Diderot, 2013) - M. Folschette (bioinformatique, Nantes, 2014. <i>rapporteuse</i>) - B. Le Gloannec (informatique, Orléans, 2014. <i>présidente</i>) - Vu Nguyen (bioinformatique, Bordeaux, 2015. <i>rapporteuse</i>) - N. Mabilia (informatique, Grenoble, 2015. <i>présidente</i>) - A. Rougny (informatique, Paris Sud, 2016. <i>rapporteuse</i>) - M. Morterol (informatique, Paris Sud, 2016 <i>rapporteuse</i>) - P. Traynard (Informatique, ENS&Inria, 2017) - J. Mercier (Biologie, Evry, 2017. <i>rapporteuse</i>) - C. Fraynay (Biologie, Toulouse, 2017, <i>rapporteuse</i>) - B. Miraglio (Informatique, Nice, 2018, <i>rapporteuse</i>) - M. Pichene (Informatique, Rennes, 2018) - C. Marchet (Informatique, Rennes, 2018) - A. Bonnafox (Biologie, ENS Lyon, 2018, <i>rapporteuse</i>) - C. Biane (Informatique, Evry, 2018, <i>rapporteuse</i>) - A. Beica (Informatique, DIENS, 2019, <i>rapporteuse et présidente</i>) - F. Bridoux (informatique, Marseille, 2019) - C. Hernandez (Biologie, ENS, 2019, <i>rapporteuse et présidente</i>) - A. Husson (Evry, 2019) - A. Weber (Sorbonne univ, 2021) - A. Desoeuvre (Montpellier, 2021) - V. Mataigne (Rennes, 2021) - S. Le Bars (Nantes, 2022) - N. Levy (ENS lyon, 2023. <i>rapporteuse</i> .)
<i>Jurys HDR (10)</i>	O. Dameron (Rennes, 2016) - A. Chateau (Montpellier, 2016 <i>rapporteuse</i>) - M. Elati (Evry, 2016 <i>rapporteuse</i>) - E. Remy (Marseille, 2016 <i>présidente</i>) - A. Baudot (Marseille, 2018, <i>rapporteuse</i>) - L. Calzone (Curie, 2019, <i>présidente</i>) - S. Peres (Saclay, 2019 <i>rapporteuse</i>) - N. Aubrun (Lyon, 2020) - A. Goelzer (Saclay, 2022) - E. Becker (Rennes, 2022).

Relecture d'article, comités de programmes

<i>Revue bioinformatique</i>	ISME Journal - Bioinformatics - BMC bioinformatics - PLOS CB - Journal of Mathematical Biology - Genome Biology - Nature - Biosystems - Frontiers - Genome Research
<i>Comités de programmes et/ou relecture pour des conférences</i>	ISMB 2024, ISMB-ECCB2023, WCB@ICML2023, ISMB2022, WCB@ICML 2022, ECML/PKDD2021, ISMB/ECCB2021, CSBio2020, IJCAI2020, WCB@ICML2020, JOBIM2020, CSBio2019, WCB@ICML2019, CP2019, JOBIM2019, JOBIM2018, ISCB2018, WCB2018, JOBIM2017, ISMB2017, ISMB2016, CMSB15
<i>Revue math-info</i>	TCS - Advances in Math - Annales Institut Fourier - DCDS - Israel Journal Math - JTNB - Bulletin SMF...

Participation à des projets scientifiques

- Bioinfo* BE CYCLE (2023-2025, AAP Ferment du futur) - DEEP IMPACT (2021-2025, PPR "protéger et cultiver autrement") - SEABIOZ (2021-2024, ANR, **Responsable WP**) - PROLIFIC (2020-2022), Régions Bretagne, Pays de Loire, Industriels - IDEALG, Inv. avenir (2011-21. Stat. Bio. Roscoff. **Responsable WP4**) - TGFSysBio, Plan Cancer (2015-2019) - MECAGENOTOX, ANSES (2013-2017) - SAMOSA, ANR Bioadapt (2014-2017) - FATINTEGER, ANR blanc agro (2012-15. INRA PEGASE. Rennes. **Responsable locale.**) - MiRNADAPT, ANR blanc bioinfo (2012-15. INRA IGEPP. Rennes) - SITCON, ANR Biosys. (2006-09. Inst. Curie. **Responsable locale**) - VICANNE, ACI IMPBio (2003-06. Bordeaux, **coordinatrice actions d'animation**).
- Info.* ALGAE IN SILICO, Inria Project Lab (2015-2018) - BIOTEMPO, ANR blanc (2011-14. IRISA. **Coordinatrice**) - CIRIC-OMICS, CORFO (Chili)/Inria (2012-22. **Co-responsable ligne de recherche "Omics"**) - QUANTOURSIN, PEPS CNRS (2009-11. IRISA. **Coordinatrice**). - MOCA, ARC INRIA (2005-07, Inria Contraintes) - MATHRESOGEN, ACI IMPBio (2003-06. IRMAR, Rennes. **Responsable locale**).
- Math.* FAN, ANR Internationale (2013-16. LIAFA. Paris Diderot) - SUBTILE, ANR blanc (2009-12. IML. Marseille) - LAREDA, ANR blanc (2007-10. Greyc. Caen) - DYCONUM. ANR jeunes chercheurs (2006-09. LIAFA. Paris-Diderot. **Responsable locale**) - NUMERATION, ACI Interfaces (2003-06, LIAFA).

Conférences invités, prix

- Congreso futuro, Santiago de Chile (2024).
- Journée de lancement du PEPR Atlasea *Des génomes marins à la synthèse in silico et in vivo de molécules* (2023)
- **Prix de la médiation scientifique** décerné à la cellule parité de l'INS2I pour l'ouvrage "les decodeuses du numérique" (2022)
- **Prix Minerva** de la société savante Informatics europe décerné aux commissions parité et harcèlement de l'Irisa (2022).
- BC2 workshop -Toward a common framework for annotated, accessible, reproducible and interoperable computational models in biology, Basel (09/2021).
- SASB : Static Analysis for Systems Biology (workshop of Formal Methods 2019), Porto (10/2019).
- Metabolic Pathway Analysis, Riga (08/2019).
- Colloque Jacques Morgenstein, Nice (02/2019).
- Société française de microbiologie (10/2018).
- LPMNR - **Best Student Paper award** (07/2017).
- Conference Machine, Complexity Universality (MCU). Chypre (09/2015).
- Workshop on Logical Modeling and Analysis of Cellular Networks (associated with ECCB 2014), Strasbourg (09/2014).
- Workshop on Logic and Systems Biology (associated with CSL/LICS 2014), Vienna (07/2014).
- CIBB *Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics & PRIB International Conference on Pattern Recognition in Bioinformatics*, Nice (06/2013).
- CMSB - *Computational Methods in Systems biology* 2012. London. **Best paper award**.
- *Numeration*, Leiden, Neitherlands (06/2010),
- *Aperiodic Order*, Leicester, UK (09/2009)

Organisation de conférences, rencontres, école jeunes chercheurs...

- 2024 Colloque "jumeaux numériques", CNRS
- 2023 Colloque "limites planétaires et enjeux de durabilité", CNRS
- 2023 Colloque "reproductibilité et réplicabilité", CNRS
- 2023 Colloque "Santé environnement travail : des données à la preuve", CNRS
- 2022 Workshop Symbiodiversity, Santiago, Chili.
- 2020 Journées transdisciplinaire en santé (CNRS/Académie de médecine). ADN, Big-data et polymères
- 2014 Théorie des réseaux booléens et leurs applications en biologie, Nice.
- 2013 Workshop "integrative omics", Pucon, Chili.
- 2012 Ecole jeunes chercheurs en Informatique-Mathématiques, Rennes.
- 2007-10 Journées satellites de la conférence JOBIM.
- 2010 Workshop Franco-Chinois *Substitutive Tiling and Fractal Geometry*, Chine, 2010.
- 2009 Session *Numeration*, rencontres de l'arithmétique-informatique, Octobre 2009, Lyon
- 2009 Conférence *Numeration : Mathematics and Computer Science*, 2009, CIRM, Marseille.
- 2004-07 Projet VicAnne. Coordination de l'organisation d'ateliers sur les réseaux biologiques.
- 2002-09 Séminaire de bioinformatique de l'IRISA.
- 2002-09 Journées thématiques de bioinformatique, animation de Ouest-Génopole.

FORMATION, MÉDIATION, DIFFUSION DE L'INFORMATION

Enseignements

2023	Ecole Jeunes chercheurs <i>Modélisation des systèmes biologiques</i> (Porquerolles).
2022-23	Cours de Master 2 bioinformatique (Rennes). <i>Biologie des systèmes</i> .
2021-22	Cours de Master 2 bioinformatique (Rennes). <i>Biologie des systèmes</i> .
2020-21	Cours de Master 2 bioinformatique (Rennes). <i>Biologie des systèmes</i> .
2019-20	Cours de Master 2 bioinformatique (Rennes). <i>Biologie des systèmes</i> .
2019	Ecole Jeunes chercheurs <i>Modélisation des systèmes biologiques</i> (Porquerolles).
2018-19	Cours de Master 2 bioinformatique (Rennes). <i>Biologie des systèmes</i> .
2018	Ecole Jeunes chercheurs <i>Advances in systems and synthetic biology</i> (Evry).
2017-18	Cours de Master 2 bioinformatique (Rennes). <i>Biologie des systèmes</i> .
2017	Ecole Jeunes chercheurs <i>Modélisation des systèmes biologiques</i> (Porquerolles).
2016-17	Cours de Master 2 bioinformatique (Rennes). <i>Biologie des systèmes</i> .
2015-16	Cours de Master 2 bioinformatique (Rennes). <i>Biologie des systèmes</i> .
2014-15	Cours de Master 2 bioinformatique (Rennes). <i>Biologie des systèmes</i> .
2014	Representing streams II (Lorentz center, Leiden, Pays-Bas). <i>Symbolic dynamics & tilings</i>
2013	Ecole Jeunes chercheurs <i>Modélisation des systèmes biologiques</i> (Porquerolles).
2011-13	Jury du concours commun de recrutement des ENS (informatique-mathématiques).
2012	Ecole Jeunes chercheurs en Informatique Mathématique (Rennes). <i>Systèmes dynamiques</i> .
2011	Ecole Systèmes Complexes (Rennes). <i>Biologie des systèmes</i> .
2008-10	Cours de Master 2 bioinformatique (Rennes). <i>Biologie des systèmes</i> .
2009	Ecole Internationale CANT'09 (Liege, Belgique). <i>Dynamique symbolique</i> .
2005	Formation interne Inria (Liffré) <i>Biologie des systèmes</i>
2004	Université d'été Sciences math. & modélisation (Bordeaux, 2004). <i>Dynamique du nombre d'or</i>
1998-02	Licence Mathématiques.

Encadrement thèses

— Thèses soutenues (15)

A. Belcour	2019-2022	Inria)	post-doc	50% encadrement
M. Conan	2017-21	MENRT	R&D	50% co-encadrement
M. Wery	2017-20	CIFFRE Sanofi	Ingénieure bio-analyse CHU Angers	35% co-encadrement
M. Louarn	2017-20	Inria-Inserm	Post-doc, Vancouver	35% co-encadrement
C. Frioux	2015-18	Inria-Cordi	Chargée de recherche chez Inria	100% encadrement
V. Delannée	2014-17	Anses/Région	NIH, Washington	50% co-encadrement
J. Laniau	2013-17	Inria	Ingénieure	80% co-encadrement
V. Picard	2012-15	ENS Rennes	professeur en classes préparatoires	50% co-encadrement
S. Prigent	2011-14	MENRT	chargé de recherches INRAE	70% co-encadrement
S. Videla	2011-14	ANR Biotempo	ingénieur R&D	50% co-encadrement
A. Aravena	2010-13	financement Chili	enseignant-chercheur en Turquie	50% co-encadrement
O. Abdou-Arbi	2010-13	MENRT	Enseignant-chercheur. Niger	50% co-encadrement
C. Guziolowski	2006-09	Financement MAE	Maitresse de conférence	100% encadrement
P. Blavy	2006-09		Ingénieur de recherche, INRAE	50% co-encadrement
P. Veber	2004-07		Ingénieur de Recherche. CNRS	50% co-encadrement

— Thèse en cours (2)

M. Aulagner	2023-..	CNRS	20% co-encadrement
K. Thuillier	2021-..	CNRS	50% co-encadrement
B. Ruiz	2021-..	Inria-Inrae	25% co-encadrement

Encadrement post-doc et ingénieurs (15)

Noé Robert (2023-2025, Projet BeCycle) - P. Hamon-Giraud (2022-2024, Projet Seabioz) - V. Mataigne (2022-2024, Projet Deep Impact) - Yael Tirllet (2022-2023, Projet Prolific) - C. Raphalen (2019-2022, Projet Prolific) - A. Belcour (2017-2019, ANR Idealg) - P. Vignet (2016-2018, Plan Cancer TGFSysBio) - M. Aite (2015-19, ADT Inria+ ANR Idealg) - M. Chevallier (2014-18, ADT Inria + Projet régional Ecosyst) - C. Trottier (2015-2017, ANR IDEALG) - C. Bettembourg (2014-15, post-doc ANR MIRNADAPT) - O. Quenez (2013, CDD ANR FATINTEGER) - G. Collet (2012-14, CDD ANR IDEALG) - S. Thiele (2012-13, post-doc Inria) - T. Baumuratova (2008-09, post-doc ANR SITCON) - S. Blachon (2008-09, post-doc Inria).

Médiation scientifique

- 2024 J'peux pas j'ai informatique 'prof (sensibilisation de 30 enseignant-e-s du secondaire), Rennes
- 2022 RMJI (Rencontre Jeunes Mathématiciennes et Informatiennes), Rennes
- 2022 J'peux pas j'ai informatique 'prof (sensibilisation de 50 enseignant-e-s du secondaire), Rennes
- 2021 RMJI (Rencontre Jeunes Mathématiciennes et Informatiennes), Rennes
- 2021 J'peux pas j'ai informatique 'prof (sensibilisation de 50 enseignant-e-s du secondaire), Rennes
- 2020 Formation DIU Informatique, Rennes
- 2020 Formation des étudiants en préparation CAPES, Rennes
- 2020 RMJI, Paris
- 2020 RMJI, Rennes
- 2019 J'peux pas j'ai informatique (sensibilisation de 120 élèves du secondaire), Rennes
- 2018 RMJI, Rennes
- 2018 J'peux pas j'ai informatique (sensibilisation de 60 élèves du secondaire), Rennes

Intervention dans des médias, tables-rondes

- Ministère de l'éducation nationale. Portraits de femmes engagées. 2024.^[1]
- Journée "Transformer une dynamique collective en actions concrètes", CNRS, MPDF, 2024.
- Trousse à projet, Territoire du numérique éducatif "le numérique, c'est que pour les garçons?". 2023.^[2]
- Table-ronde "Elles et ils s'engagent auprès de vous pour l'égalité : des politiques institutionnelles aux actions dans les laboratoires" de la matinée nationale 2023 "parlons égalité" du CNRS, 03/2023.^[3]
- Table-ronde de la journée 2022 de l'action COST EuGain, 10/2022.
- Table-ronde franco-australienne sur les femmes en sciences organisée par l'Ambassade d'Australie, 07/2022^[4]
- Table ronde institutionnelle de la journée de lancement du PEPR Molecularxiv, 05/2022^[5]
- Les rencontres de l'AEIF (Association des enseignantes et enseignants en informatique de France), 05/2022^[6]
- Journée citoyenneté numérique de l'Académie de Créteil, 04/2022^[7]
- Semaine de l'égalité de l'Académie de Toulouse, 03/2022.^[8]
- Table-ronde « Femmes dans l'informatique » de Sorbonne Université, 03/2022^[9]
- Women in AI, 02/2022.^[10]
- Article et podcast d'ONU Info, 11/02/22^[11]
- 20 ans de la Mission pour la place des femmes du CNRS, table-ronde. 02/2022^[12]
- ESIR, Rennes, table-ronde sur la place des femmes en science, 11/2021.
- Semaine pour l'égalité, table-ronde, Université de Rennes 1, 03/2021.
- Salon Educative-Educatec sur le stand de l'Académie de Versailles, table-ronde. 11/2021^[13]
- Émission « Autour de la question » de Radio France International, 19/10/21^[14]
- European Conference on Gender Equality in Higher Education, Panel "Bridging the gap between institutional Gender Equality Plans and bottom-up initiatives", 09/21.

1. <https://www.education.gouv.fr/8-mars-journee-internationale-des-droits-des-femmes-portraits-de-femmes-engagees-413835>

2. <https://tne.trousseaprojets.fr/professionnel-education-nationale/idees-recues-sur-le-numerique/>

fiche-outil-9

3. <https://mpdf.cnrs.fr/egalite-professionnelle/former-et-sensibiliser/parlons-egalite/>

4. <https://www.facebook.com/watch/?v=795653295150565&ref=sharing>

5. <https://www.youtube.com/watch?v=9pAR5RQawds>

6. <https://aeif.fr/index.php/2022/04/08/webinaire-1/>

7. https://dane.ac-creteil.fr/spip.php?page=article&id_article=944

8. <https://www.ac-toulouse.fr/retour-sur-la-semaine-academique-de-l-egalite-filles-garcons-edition-2022-125546>

9. <https://www.youtube.com/watch?v=-1Q0Vjs7HfY>

10. <https://aniti.univ-toulouse.fr/en/2022/02/02/conference-women-in-ai/>

11. <https://news.un.org/fr/audio/2022/02/1114202>

12. https://www.youtube.com/watch?v=9GVV7M_qBjw

13. <https://www.dane.ac-versailles.fr/s-inspirer-temoigner/article/salon-educatec-educative-2021>

14. <https://rfi.my/7qK6>

LISTE DE PUBLICATIONS

Edition et direction d'ouvrages

- E1 Encyclopédie SCIENCES, domaine : informatique, thème : bio-informatique. Sous la responsabilité de Anne Siegel et H el ene Touzet.
- E2 L ea Castor, C elia Esnault, Laure Thi ebault (2021) *Les d ecodeuses du num erique*. Sous la direction de Ali Charara, Olivier Serre, et Anne Siegel. CNRS Editions, 2021.
- E3. B. Adamczewski, A. Siegel, W. Steiner (2009). *Pr esentation de "Numeration : Mathematics and Computer Science" (CIRM, 2009)*. Actes des rencontres du CIRM. Vol. 1 no. 1. p. 1-2.
- E4. Journ ees Montoises d'Informatique Th eorique 2006 (2009). Theoretical Informatics and Applications, Vol 42 (3). D. Caucal and A. Siegel, guest editors.
- E5. N. Pytheas-Fogg (2002). *Substitutions in Dynamics, Arithmetics and Combinatorics*. Lectures Notes in Mathematics 1794, Springer-Verlag. V. Berth e, S. Ferenczi, C. Mauduit and A. Siegel, editors.

Chapitres dans des ouvrages

- B1. C. Frioux et A. Siegel (2022). *Probl emes d'optimisation combinatoire pour l' etude du m etabolisme*. Approches symboliques de la mod elisation et de l'analyse des syst emes biologiques. C. Lhoussaine and E. Remy (ed.). ISTE group.
- B2. S. Akiyama, M. Barge, V. Berth e, J.-Y. Lee , A. Siegel (2015) *On the Pisot substitution conjecture*. Mathematics of Aperiodic order. J. Kellendonk, D. Lenz, J. Savinien (ed.). Progress in Mathematics Volume 309. Birkhaeuser. p.33-72
- B3. T. Schaub, A. Siegel, S. Videla (2014). *Reasoning on the Response of Logical Signaling Networks with ASP*, Chapter of *Logical Modeling of Biological Systems*, ed. by Luis Farinas del Cerro, Katsumi Inoue, John Wiley and Sons.
- B4. V. Berth e, A. Siegel, J. Thuswaldner (2011). *Tilings, substitutions and Rauzy fractals : effectivity and complexity*, Chapter of *Combinatorics, Automata and Number Theory*, Cambridge University Press.
- B5. V. Berth e and A. Siegel (2002). Basic notions on substitutions. In N. Pytheas-Fogg, *Substitutions in Dynamics, Arithmetics and Combinatorics*. Lectures Notes in Mathematics 1794, Springer-Verlag, 1–34 (chapter 1).
- B6. A. Siegel (2002). Spectral theory and geometric representation of substitutions. In N. Pytheas-Fogg, *Substitutions in Dynamics, Arithmetics and Combinatorics*. Lectures Notes in Mathematics 1794, Springer-Verlag, 2002, pp. 199–252 (Chapter 7).

Revue internationale  a comit e de lecture

- J1. Marine Louarn, Guillaume Collet, Eve Barre, Thierry Fest, Olivier Dameron, Anne Siegel and Fabrice Chatonnet (2024) *Regulus infers signed regulatory relations from few samples' information using discretization and likelihood constraints*. PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY
- J2. Ma elle Zonnequin, Arnaud Belcour, Ludovic Delage, Anne Siegel, Samuel Blanquart, Catherine Leblanc and Gabriel V Markov (2024) *Empirical evidence for metabolic drift in plant and algal lipid biosynthesis pathways*. FRONTIERS IN PLANT SCIENCE
- J3. Arnaud Belcour, Jeanne Got, M eziane Aite, Ludovic Delage, Jonas Coll en, Cl emence Frioux, Catherine Leblanc, Simon M Dittami, Samuel Blanquart, Gabriel V Markov, Anne Siegel (2023) *Inferring and comparing metabolism across heterogeneous sets of annotated genomes using AuCoMe* GENOME RESEARCH 33(6)
- J4. Ibrahim Fakh, Jeanne Got, Carlos Eduardo Robles-Rodriguez, Anne Siegel, Evelyne Forano, et al.. (2023) *Dynamic genome-based metabolic modeling of the predominant cellulolytic rumen bacterium Fibrobacter succinogenes S8*. MSYSTEMS
- J5. Hetty Kleinjan, Cl emence Frioux, Gianmaria Califano, M eziane Aite, Enora Fremy, et al.. (2023) *Insights into the potential for mutualistic and harmful host-microbe interactions affecting brown alga freshwater acclimation*. MOLECULAR ECOLOGY 32 (3), pp.703-723.
- J6. Milka Popova, Ibrahim Fakh, Evelyne Forano, Anne Siegel, Rafael Mu oz-Tamayo, et al. *Rumen microbial genomics : from cells to genes (and back to cells)* CAB REVIEWS PERSPECTIVES IN AGRICULTURE VETERINARY SCIENCE NUTRITION AND NATURAL RESOURCES
- J7. Kerian Thuillier, Caroline Baroukh, Alexander Bockmayr, Ludovic Cottret, Lo ic Paulev e, and Anne Siegel (2022). *MERRIN : MEtabolic Regulation Rule INference from time series data*. BIOINFORMATICS (proceeding of ECCB 2022 - European Conference on Computational Biology).
- J8. Anna Niarakis, Dagmar Waltemath, James Glazier, Falk Schreiber, Sarah Keating, et al.. (2022) *Addressing barriers in comprehensiveness, accessibility, reusability, interoperability and reproducibility of computational models in systems biology*. BRIEFINGS IN BIOINFORMATICS, Oxford University Press (OUP)
- J9. Pierre Vignet, Jean Coquet, S ebastien Aubert, Mat eo Boudet, Anne Siegel, and Nathalie Th eret (2022) *Discrete modeling for integration and analysis of large-scale signaling networks*. PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY,
- J10. Marine Louarn, Fabrice Chatonnet, Xavier Garnier, Thierry Fest, Anne Siegel, Catherine Faron and Olivier Dameron (2022). *Improving reusability along the data life cycle : a Regulatory Circuits Case Study*. JOURNAL OF BIOMEDICAL SEMANTICS

- J11. Mael Conan, Nathalie Theret, Sophie Langouet, Anne Siegel (2021) *Constructing xenobiotic maps of metabolism to predict enzymes catalyzing metabolites capable of binding to DNA*. BMC BIOINFORMATICS
- J12. Elham Karimi, Enora Geslain, Arnaud Belcour, Clémence Frioux, Méziane Aite, et al.. (2021) *Robustness analysis of metabolic predictions in algal microbial communities based on different annotation pipelines*. PEERJ <https://hal.sorbonne-universite.fr/hal-03223662/file/Karimi>
- J13. Jean Girard, Goulven Lanneau, Ludovic Delage, Cédric Leroux, Arnaud Belcour, et al.. (2021) *Semi-Quantitative Targeted Gas Chromatography-Mass Spectrometry Profiling Supports a Late Side-Chain Reductase Cycloartenol-to-Cholesterol Biosynthesis Pathway in Brown Algae*. FRONTIERS IN PLANT SCIENCE
- J14. François Moreews, Hugo Simon, Anne Siegel, Florence Gondret, Emmanuelle Becker. (2021) *PAX2GRAPHML : a Python library for large-scale regulation network analysis using BIOPAX*. BIOINFORMATICS
- J15. A. Belcour, C. Frioux, M. Aite, A. Bretaudeau, F. Hildebrand, and A. Siegel (2020), *Metage2Metabo, microbiota-scale metabolic complementarity for the identification of key species*. eLIFE.
- J16. D. Mandakovic, A. Cintolesi, J. Maldonado, S. Mendoza, M. Aite, A. Gaete, F. Saitua, M. Allende, V. Cambiazo, A. Siegel, A. Maass, M. Gonzalez, M. Latorre (2020), *Genome-scale metabolic models of Microbacterium species isolated from a high altitude desert environment*. Scientific Reports, Nature Publishing Group
- J17. L. Garczarek, U. Guyet, H. Doré, G. Farrant, M. Hoebeke, et al.. (2020) *Cyanorak v2.1 : a scalable information system dedicated to the visualization and expert curation of marine and brackish picocyanobacteria genomes*. NUCLEIC ACIDS RESEARCH
- J18. U. Guyet, N. Nguyen, H. Doré, J. Haguait, J. Pittera, et al.. (2020) *Synergic Effects of Temperature and Irradiance on the Physiology of the Marine Synechococcus Strain WH7803*. FRONTIERS IN MICROBIOLOGY
- J19. C. Frioux, S. Dittami, A. Siegel. (2020) *Using automated reasoning to explore the metabolism of unconventional organisms : a first step to explore host-microbial interactions*. BIOCHEMICAL SOCIETY TRANSACTIONS
- J20. A. Belcour, J. Girard, M. Aite, L. Delage, C. Trottier, C. Marteau, C. Leroux, S. Dittami, P. Sauleau, E. Corre, J. Nicolas, C. Boyen, C. Leblanc, J. Collén, A. Siegel, G. Markov, (2020) *Inferring Biochemical Reactions and Metabolite Structures to Understand Metabolic Pathway Drift*. iSCIENCE
- J21. B. Burgunter-Delamare, H. Kleinjan, C. Frioux, E. Fremy, M. Wagner, E. Corre, A. Le Salver, C. Leroux, C. Leblanc, C. Boyen, A. Siegel, S. Dittami, (2020) *Metabolic Complementarity Between a Brown Alga and Associated Cultivable Bacteria Provide Indications of Beneficial Interactions*. FRONTIERS IN MARINE SCIENCE
- J22. S. Dittami, E. Corre, L. Brillet-Guéguen, A. Lipinska, N. Pontoizeau, et al. (2020) *The genome of Ectocarpus subulatus ? A highly stress-tolerant brown alga*. MARINE GENOMICS
- J23. D. Nègre, M. Aite, A. Belcour, C. Frioux, L. Brillet-Guéguen, et al.. (2019) *Genome-Scale Metabolic Networks Shed Light on the Carotenoid Biosynthesis Pathway in the Brown Algae Saccharina japonica and Cladosiphon okamuranus*. ANTIOXIDANTS
- J24. M. Wery, O. Dameron, J. Nicolas, E. Remy, A. Siegel. (2019) *Formalizing and Enriching Phenotype Signatures using Boolean Networks*. JOURNAL OF THEORETICAL BIOLOGY
- J25. V. Delannée, S. Langouët, A. Siegel, N. Thérêt (2019). *In silico prediction of Heterocyclic Aromatic Amines metabolism susceptible to form DNA adducts in humans*. TOXICOLOGY LETTERS
- J26. C. Frioux, T. Schaub, S. Schellhorn, A. Siegel, P. Wanko (2018). *Hybrid Metabolic Network Completion*. THEORY AND PRACTICE OF LOGIC PROGRAMMING
- J27. S. Gay, J. Bugeon, A. Bouchareb, L. Henry, C. Delahaye, et al.. (2018) *MiR-202 controls female fecundity by regulating medaka oogenesis*. PLOS GENETICS
- J28. Frioux C., Trottier C., Fremy E., Siegel A (2018) *Scalable and exhaustive screening of metabolic functions carried out by microbial consortia*. BIOINFORMATICS
- J29. M. Razzaq, L. Paulevé, A. Siegel, J. Saez-Rodriguez, J. Bourdon, C. Guziolowski (2018) *Computational Discovery of Dynamic Cell Line Specific Boolean Networks from Multiplex Time-Course Data* PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY
- J30. Aite M., Chevallier M. , Frioux C., Trottier C., Got J., Cortés MP, Mendoza S.N., Carrier G., Dameron O., Guillaudeux N., Latorre M., Loira N., Markov G.V., Maass A, Siegel A (2018) *Traceability, reproducibility and wiki-exploration for "à-la-carte" reconstructions of genome-scale metabolic models*. PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY.
- J31. Cortés MP, Mendoza SN, Travisany D, Gaete A, Siegel A, Cambiazo V and Maass A (2018) *Analysis of Piscirickettsia salmonis Metabolism Using Genome-Scale Reconstruction, Modeling, and Testing*. FRONT. MICROBIOL.
- J32. Laniau J, Frioux C, Nicolas J, Baroukh C, Cortes M, Got J, Trottier C, Eveillard D, Siegel A. (2018) *Combining graph and flux-based structures to decipher phenotypic essential metabolites within metabolic networks*. PEERJ
- J33. S. Videla, J. Saez-Rodriguez, C. Guziolowski, A. Siegel (2017) *caspo : a toolbox for automated reasoning on the response of logical signaling networks families* BIOINFORMATICS.
- J34. S. Prigent, C. Frioux S.M. Dittami, S. Thiele, A. Larhlimi, G. Collet, F. Gutknecht, J. Got, D. Eveillard, J. Bourdon, F. Plewniak, T. Tonon, A. Siegel (2017). *Meneco, a Topology-Based Gap-Filling Tool Applicable to Degraded Genome-Wide Metabolic Networks*. PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY.
- J35. V. Picard, A. Siegel, J. Bourdon (2017) *A Logic for Checking the Probabilistic Steady-State Properties of Reaction Networks* JOURNAL OF COMPUTATIONAL BIOLOGY, Mary Ann Liebert 2017, 24 (8), pp.1–12.

- J36. V. Delannée, S. Langouet-Prigent, N. Théret, A. Siegel (2017) *A modeling approach to evaluate the balance between bioactivation and detoxification of MeIQx in human hepatocytes* PEERJ
- J37. F. Gondret, A. Vincent, M. Houé-Bigot, A. Siegel, S. Lagarrigue, D. Causeur, H. Gilbert, I. Louveau (2017) *A transcriptome multi-tissue analysis identifies biological pathways and genes associated with variations in feed efficiency of growing pigs* BMC GENOMICS
- J38. V. Picard, O. Mulner-Lorillon, J. Bourdon, J. Morales, P. Cormier, A. Siegel, R. Bellé (2016). *Model of the delayed translation of cyclin B maternal mRNA after sea urchin fertilization* MOLECULAR REPRODUCTION AND DEVELOPMENT.
- J39. Loïc Paulevé, Max Ostrowski, Torsten Schaub, Anne Siegel, Carito Guziolowski (2016) *Boolean Network Identification from Perturbation Time Series Data combining Dynamics Abstraction and Logic Programming*, BIOSYSTEMS.
- J40. V. Acuna, A. Aravena, C. Guziolowski, D. Eveillard, A. Siegel and A. Maass (2016). *Deciphering transcriptional regulations coordinating the response to environmental changes*. BMC BIOINFORMATICS
- J41. F. Gondret, A. Vincent, M. Houé-Bigot, A. Siegel, S. Lagarrigue, I. Louveau and D. Causeur (2016), *Molecular alterations induced by a high-fat high-fiber diet in porcine adipose tissues : variations according to the anatomical fat location*, BMC GENOMICS
- J42. P. Bordon, M. Latorre, M.-P. Cortes, M. Gonzalez, S. Thiele, A. Siegel, A. Maass, D. Eveillard (2015), *Putative bacterial interactions from metagenomic knowledge with an integrative systems ecology approach*. MICROBIOLOGY OPEN.
- J43. S. Videla, I. Konokotina, L. G. Alexopoulos, J. Saez-Rodriguez, T. Schaub, A. Siegel and C. Guziolowski (2015) *Designing experiments to discriminate families of logical models*. FRONTIERS BIOENG. BIOTECH.
- J44. S. Thiele, L. Cerone, J. Saez-Rodriguez, A. Siegel, C. Guziolowski, S. Klamt (2015) *Extended Notions of Sign Consistency to Relate Experimental Data to Signaling and Regulatory Network Topologies*, BMC BIOINFORMATICS
- J45. Valérie Berthé, Jérémie Bourdon, Anne Siegel, Timo Jolivet (2015) *A combinatorial approach to products of Pisot substitutions*. ERGODIC THEORY AND DYNAMICAL SYSTEMS.
- J46. S. Prigent, G. Collet, S. M. Dittami, L. Delage, F. Ethis de Corny, O. Dameron, D. Eveillard, S. Thiele, J. Cambefort, C. Boyen, A. Siegel, T. Tonon (2014), *The genome-scale metabolic network of Ectocarpus siliculosus (EctoGEM) : a resource to study brown algal physiology and beyond*, THE PLANT JOURNAL
- J47. S. Videla, C. Guziolowski, F. Eduati, S. Thiele, M. Gebser, J. Nicolas, J. Saez-Rodriguez, T. Schaub, A. Siegel (2014) *Learning Boolean logic models of signaling networks with ASP* (2014). THEORETICAL COMPUTER SCIENCE.
- J48. S.M. Dittami, T. Barbeyron, C. Boyen, J. Cambefort, G. Collet, L. Delage, A. Gobet, A. Groisillier, C. Leblanc, G. Michel, D. Scornet, A. Siegel, J.E Tapia and T. Tonon (2014). *Genome and metabolic network of "Candidatus Phaeoamarinobacter ectocarpi" Ec32, a new candidate genus of Alphaproteobacteria frequently associated with brown algae*, FRONTIERS IN GENETICS, section Systems Biology.
- J49. S. Laurent, A. Richard, O. Mulner-Lorillon, J. Morales, D. Flament, V. Glippa, J. Bourdon, P. Gosselin, A. Siegel, P. Cormier, R. Bellé (2014) *Modelisation of the regulation of protein synthesis following fertilization in sea urchin shows requirement of two processes : a destabilization of eIF4E :4E-BP complex and a great stimulation of the 4E-BP-degradation mechanism, both rapamycin-sensitive* FRONTIERS IN GENETICS section Systems Biology
- J50. P. Blavy, F. Gondret, S. Lagarrigue, J. Van Milgen and A. Siegel (2014). *Using a large-scale knowledge database on reactions and regulations to propose key upstream regulators of various sets of molecules participating in cell metabolism* BMC SYSTEMS BIOLOGY
- J51. O. Abdou-Arbi, S. Lemosquet, J. Van Milgen, A. Siegel and J. Bourdon (2014). *Exploring metabolism flexibility in complex organisms through quantitative study of precursor sets for system outputs*. BMC SYSTEMS BIOLOGY.
- J52. V. Berthé, T. Jolivet and A. Siegel (2014). *Connectedness of fractals associated with Arnoux-Rauzy substitution*. Special issue of the RAIRO-THEORETICAL INFORMATICS AND APPLICATIONS dedicated to the "Journées Montoises d'Informatique Théorique 2012".
- J53. C. Guziolowski, S. Videla, F. Eduati, S. Thiele, A. Siegel and J. Saez-Rodriguez (2013). *Exhaustively characterizing feasible logic models of a signaling network using Answer Set Programming*. BIOINFORMATICS.
- J54. R. Kaminski, T. Schaub, A. Siegel and S. Videla (2013). *Minimal Intervention Strategies in Logical Signaling Networks with Answer Set Programming*. ICLP - 29TH INTERNATIONAL CONFERENCE ON LOGIC PROGRAMMING. THEORY AND PRACTICE OF LOGIC PROGRAMMING 13 (Special Issue 4-5). 675-690.
- J55. V. Berthé, T. Jolivet, A. Siegel (2012). *Substitutive Arnoux-rauzy sequences have pure discrete spectrum* UNIFORM DISTRIBUTION THEORY 7(1).
- J56. J. Bourdon, D. Eveillard, A. Siegel (2011). *Integrating Quantitative Knowledge Into a Qualitative Gene Regulatory Network*. PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY, 7(9) e1002157.
- J57. V. Berthé, A. Siegel, W. Steiner, P. Surer, J. Thuswaldner (2011). *Fractal tiles associated with shift radix systems* ADVANCES IN MATHEMATICS.
- J58. T. Tonon, D. Eveillard, S. Prigent, J. Bourdon, P. Potin, C. Boyen, and A. Siegel (2011) *Toward systems biology in brown algae to explore acclimation and adaptation to the shore environment*. OMICS : A JOURNAL OF INTEGRATIVE BIOLOGY 15(12).

- J59. O. Radulescu, A. Siegel, E. Pécou, C. Chatelain and S. Lagarrigue (2011). *Genetically regulated metabolic networks : Gale-Nikaido modules and differential inequalities* TRANSACTIONS ON COMPUTATIONAL SYSTEMS BIOLOGY.
- J60. C. Guziolowski, S. Blachon, T. Baumuratova, G. Stoll, O. Radulescu, A. Siegel (2011). *Designing logical rules to model the response of biomolecular networks with complex interactions : an application to cancer modeling*. IEEE TRANSACTIONS ON COMPUTATIONAL BIOLOGY AND BIOINFORMATICS, 8 (5) pp. 1223-1234
- J61. T. Baumuratova, D. Surdez, B. Delyon, G. Stoll, O. Delattre, O. Radulescu, A. Siegel (2010). *Localizing potentially active post-transcriptional regulations in the Ewing's sarcoma gene regulatory network* BMC SYST. BIOL. 4 (1).
- J62. R. Bellé, S. Prigent, A. Siegel and P. Cormier (2010). *Model of cap-dependent translation initiation in sea urchin. A step towards the eukaryotic translation regulation network* MOL. REPRODUCTION & DEVELOPMENT, 77(3) 257-264
- J63. B. Adamczewski, C. Frougny, A. Siegel, W. Steiner (2010). *Rational numbers with purely periodic β -expansion*, BULLETIN LONDON MATHEMATICAL SOCIETY, 42 (3) 538-552.
- J64. A. Siegel and J. Thuswaldner (2009). *Topological properties of Rauzy fractals*, MÉMOIRES DE LA SMF 118.144 pages.
- J65. P. Blavy, F. Gondret, H. Guillou, S. Lagarrigue, P. G. P. Martin, J. van Milgen, O. Radulescu and A. Siegel (2009). *A minimal model for hepatic fatty acid balance during fasting : application to PPAR alpha-deficient mice*, JOURNAL OF THEORETICAL BIOLOGY.
- J66. C. Guziolowski, A. Bourdé, F. Moreews and A. Siegel (2009). *Bioquali Cytoscape Plugin : Analysing the global consistency of regulatory networks*, BMC GENOMICS, 10 :244.
- J67. P. Veber, C. Guziolowski, M. Le Borgne, O. Radulescu, and A. Siegel (2008). *Inferring the role of transcription factors in regulatory networks*, BMC BIOINFORMATICS 9.
- J68. S. Akiyama, G. Barat, V. Berthé and A. Siegel (2008). *Boundary of central tiles associated with Pisot beta-numeration and purely periodic expansions*, MONASHEFTE FÜR MATHEMATIK 155 (3-4) 377-419.
- J69. V. Berthé and A. Siegel (2007). *Purely Periodic beta-Expansions in the Pisot Non-unit Case* JOURNAL OF NUMBER THEORY 153 (2) 153-172.
- J70. C. Guziolowski, P. Veber, M. Le Borgne, O. Radulescu, and A. Siegel (2007). *Checking Consistency Between Expression Data and Large Scale Regulatory Networks : A Case Study* JOURNAL OF BIOLOGICAL PHYSICS AND CHEMISTRY (7) 37-43.
- J71. A. Siegel, O. Radulescu, M. Le Borgne, P. Veber, J. Ouy, S. Lagarrigue (2006). *Qualitative analysis of the relation between DNA microarray data and behavioral models of regulation networks* BIOSYSTEMS 84, 153-174
- J72. O. Radulescu, S. Lagarrigue, A. Siegel, M. Le Borgne, P. Veber (2006). *Topology and linear response of interaction networks in molecular biology*, JOURNAL OF THE ROYAL SOCIETY INTERFACE 3(6) 185 - 196.
- J73. P. Arnoux, V. Berthé, A. Hilion and A. Siegel (2006). *Fractal representation of the attractive lamination of an automorphism of the free group*, ANNALES DE L'INSTITUT FOURIER 56(7) 2161-2212.
- J74. V. Berthé and A. Siegel (2005). *Tilings associated with beta-numeration and substitutions*, INTEGERS : ELECTRONIC JOURNAL OF COMBINATORIAL NUMBER THEORY, 5(3), pp. A2.
- J75. P. Veber, M. Le Borgne, A. Siegel, S. Lagarrigue, O. Radulescu (2005). *Complex Qualitative Models in Biology : a new approach* COMPLEXUS 2, pp. 140-151.
- J76. A. Siegel (2004). *Pure discrete spectrum dynamical system and periodic tiling associated with a substitution*. ANNALES DE L'INSTITUT FOURIER 2(54) 288-299.
- J77. P. Arnoux, V. Berthé and A. Siegel (2004). *Two-dimensional iterated morphisms and discrete planes*. THEORETICAL COMPUTER SCIENCE, 319, 2004, p. 145–176.
- J78. A. Siegel (2003). *Représentation des systèmes dynamiques substitutifs non unimodulaires*. ERGODIC THEORY AND DYNAMICAL SYSTEMS, 23, 1247-1273
- J79. V. Canterini and A. Siegel (2001). *Geometric Representation of primitive substitution of Pisot type*. TRANSACTIONS OF THE AMS, 353(12), 5121–5144.
- J80. V. Canterini and A. Siegel (2001). *Automate des préfixes-suffixes associé à une substitution primitive*. JOURNAL DE THÉORIE DES NOMBRES DE BORDEAUX, 13(2), 353–369.
- J81. A. Siegel. *Théorème des trois longueurs et suites sturmiennes : mots d'agencement des longueurs* (2001). ACTA ARITHMETICA, 97 (1-3), 2001, pp. 195–210.

Actes de colloques à comité de lecture

- C1. Kerian Thuillier, Anne Siegel, Loïc Paulevé (2024) *CEGAR-Based Approach for Solving Combinatorial Optimization Modulo Quantified Linear Arithmetics Problems*. AAAI 2024 - The 38th Annual AAAI Conference on Artificial Intelligence, Feb 2024, Vancouver, Canada. pp.1-8.
- C2. Kerian Thuillier, Caroline Baroukh, Alexander Bockmayr, Ludovic Cottret, Loïc Paulevé, and Anne Siegel (2022). *MERRIN : MEtabolic Regulation Rule INference from time series data*. ECCB 2022 - European Conference on Computational Biology, Sep 2022, Barcelone, Spain.
- C3. Kerian Thuillier, Caroline Baroukh, Alexander Bockmayr, Ludovic Cottret, Loïc Paulevé, et al.. (2021) *Learning Boolean controls in regulated metabolic networks : a case-study* CMSB 2021 - 19th International Conference on Computational Methods in Systems Biology, Sep 2021, Bordeaux, France.

- C4. M. Louarn, F. Chatonnet, X. Garnier, T. Fest, A. Siegel, O. Dameron *Increasing life science resources re-usability using Semantic Web technologies*. ESCIENCE 2019 - 15th International eScience Conference, Sep 2019, San Diego, United States.
- C5. C. Frioux, E. Fremy, C. Trottier, A. Siegel. *Scalable and exhaustive screening of metabolic functions carried out by microbial consortia*. ECCB - 2018 - 17th European Conference on Computational Biology, Sep 2018, Athènes, Greece.
- C6. C. Frioux T. Schaub, S. Schellhorn, A. Siegel, P. Wanko, Hybrid Metabolic Network Completion, LPNMR 2017 (International Conference on Logic Programming and Nonmonotonic Reasoning, Logic Programming and Nonmonotonic Reasoning, 10377, Springer, p. 308-321 **Best student paper award**).
- C7. V. Picard, J. Bourdon, A. Siegel, A logic for Checking the Probabilistic Steady-State Properties of Reaction Networks, IJCAI-BAI 2015 BIOINFORMATICS AND ARTIFICIAL INTELLIGENCE Argentina.
- C8. T. Jolivet and A. Siegel. Decidability problems for self-induced systems generated by a substitution. MCU'2015 - MACHINE, COMPUTATION AND UNIVERSALITY. 2015. North Cyprus. LNCS 9288.
- C9. L. Paulevé, M. Ostrowski, A. Siegel, Carito Guziolowski, Boolean Network Identification from Multiplex Time Series Data, CMSB'2015 - COMPUTATIONAL METHODS IN SYSTEMS BIOLOGY, 2015. Nantes, France. LNBI 9308.
- C10. V. Picard, A. Siegel, J. Bourdon (2014) *Multivariate Normal Approximation for the Stochastic Simulation Algorithm : limit theorem and applications*, SASB - 5TH INTERNATIONAL WORKSHOP ON STATIC ANALYSIS AND SYSTEMS BIOLOGY. Electr. Notes Theor. Comput. Sci. 316 : 67-82 (2015)
- C11. V. Acuna, A. Aravena, A. Maass, A. Siegel (2014). *Modeling Parsimonious Putative Regulatory Networks : Complexity and Heuristic Approach*, VMCAI - VERIFICATION, MODEL CHECKING, AND ABSTRACT INTERPRETATION.
- C12. G. Collet, M. Gebser, S. Prigent, T. Schaub, A. Siegel and S. Thiele (2013). *Extending the Metabolic Network of Ectocarpus Siliculosus using Answer Set Programming*. LPNMR -12TH INTERNATIONAL CONFERENCE ON LOGIC PROGRAMMING AND NONMONOTONIC REASONING.
- C13. P. Bordron, D. Eveillard, A. Maass, A. Siegel and S. Thiele (2013). *An ASP application in integrative biology : identification of functional gene units*. LPNMR - 12TH INTERNATIONAL CONFERENCE ON LOGIC PROGRAMMING AND NONMONOTONIC REASONING.
- C14. V. Berthé, J. Bourdon, T. Jolivet and A. Siegel (2013). *Generating discrete planes with substitutions*. WORDS - 9TH INTERNATIONAL CONFERENCE ON WORDS.
- C15. S. Videla, C. Guziolowski, F. Eduati, S. Thiele, N. Grabe, J. Saez-Rodriguez and A. Siegel (2012). *Revisiting the Training of Logic Models of Protein Signaling Networks with a Formal Approach based on Answer Set Programming*. CMSB - COMPUTATIONAL METHODS IN SYSTEMS BIOLOGY. London. **Best paper award**.
- C16. M. Gebser, C. Guziolowski, M. Ivanchev, T. Schaub, A. Siegel, P. Veber and S. Thiele (2010). *Repair and Prediction (under Inconsistency) in Large Biological Networks with Answer Set Programming*, KR - INTERNATIONAL CONFERENCE ON THE PRINCIPLES OF KNOWLEDGE REPRESENTATION AND REASONING.
- C17. S. Lemosquet, O. Abdou-Arbi, A. Siegel, J. Guinard-Flament, J. Van Milgen, J. Bourdon, A generic stoichiometric model to analyse the metabolic flexibility of the mammary gland in lactating dairy cows (2010). in MODELLING NUTRIENT DIGESTION AND UTILIZATION IN FARM ANIMALS, Wageningen Academic Publishers , 2010
- C18. S. Blachon, A. Siegel, O. Radulescu (2009). *Relate inter-patient gene copy numbers variations with gene expression via gene networks in Ewing sarcoma*, BIOMEDICAL INFORMATICS AND INTELLIGENT METHODS IN THE SUPPORT OF GENOMIC MEDICINE Workshop, AIAI 2009, Greece. CEUR Workshop Proceedings vol. 475.
- C19. C. Guziolowski, J. Gruel, O. Radulescu and A. Siegel (2009). *Curating a large-scale regulatory network by evaluating its consistency with expression datasets*, CIBB 2008 - COMPUTATIONAL INTELLIGENCE METHODS FOR BIOINFORMATICS AND BIostatISTICS. Peer-reviewed selected revised papers. Lecture Notes in Computer Science, 5488, Springer-Verlag, p.144-155, 2009
- C20. A. Siegel, M. Le Borgne, O. Radulescu, C. Guziolowski, P. Veber (2007). *Qualitative response of interaction networks : application to the validation of biological models*. Minisymposium *New research in bioinformatics*. ICIAM - 6TH INTERNATIONAL CONGRESS ON INDUSTRIAL AND APPLIED MATHEMATICS. Zurich. PPAM, Volume 7, Issue 1, p 1121803-1121804.
- C21. P. Arnoux, V. Berthé, and A. Siegel (2006). *Finiteness properties for Pisot S-adic tilings* JOURNÉES MONTOISES D'INFORMATIQUE THÉORIQUE.
- C22. P. Veber, M. Le Borgne, A. Siegel, S. Lagarrigue, O. Radulescu (2005). *Complex Qualitative Models in Biology : a new approach*. ECCS - EUROPEAN CONFERENCE ON COMPLEX SYSTEMS. Paris.
- C23. A. Siegel, *Spectral theory for dynamical system arising from substitutions* (2003). EWM, K. Dajani, J. Von Reis (eds.), CWITract, Marseille, 2003.

AUTRES COMMUNICATIONS

Communication à des congrès, symposium en bioinformatique (sans actes)

Congreso Futuro (Santiago du Chile, **conférence invitée**, 01/2024) - Journée Ferments'IA (Saclay, 09/23) - Workshop Symbiodiversity (Santiago du Chili, 05/22) - Workshop Modélisation du métabolisme (Bordeaux, 10/21, conférence invitée) - BC2 Workshop (Basel, 09/21, conférence invitée) - SASB (Porto, 10/19, **conférence invitée**) - Metabolic Pathway Analysis (Riga, **conférence invitée**, 08/19) - Journées Jacques Louis Lions (Roscoff, 03/19) - Boolean Weekend (**conférence invitée**, Burlington, US, 04/19) - Journée annuelle de la société française de microbiologie (Paris, 09/18), **conférence plénière**) - ECCB Symposium, systems biology (2018) - *ECMTC - european conference on mathematical and theoretical biology*, Nottingham, UK (07/2016) - *Integrative biology*, Lille (12/2015) - *Théorie des réseaux booléens et leurs applications en biologie*, Nice (11/2015) - *Logical Modeling and Analysis of Cellular Networks*, Strasbourg/ECCB 2014 (09/2014). **Invited conference** - *Logic and Systems Biology*, Vienna/CSL/LICS 2014 (07/2014). **Invited conference** - *CIBB Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics & PRIB International Conference on Pattern Recognition in Bioinformatics*, Nice (06/2013) **Keynote speaker**.

Séminaires

Systèmes biologiques 5 minutes Lebesgue (Rennes, 02/24) - Seminar of the CNB-CSIC (Madrid, 12/23) - GT Bioss du GDR BIMMM (11/23) - GDR Intelligence Artificielle (05/20) - Séminaire INRAE Toulouse (05/19) - Séminaire Morgeinstein (Sophia antipolis, 02/19) - Séminaire du réseau CATI, INRA (09/18) - Marseille, séminaire Century (02/18) - Sanofi (Gentilly, 01/17) - CMM (Chile, 11/2016) - Frei Berlin Univ. (10/2015) - CMM (Chile, 11/2014) - FRUMAM, Marseille (10/2014) - LINA, Nantes (07/2014) - LRI, Orsay (06/2014) - EBI, Cambridge, UK, (02/2013) - Inria Sophia Antipolis (02/2013, 02/2010) - Info, Univ. Evry (01/2013) - CMM, Univ. Chile (11/2012) - Station Bio. Roscoff (05/2010; 10/2008) - CAREN, Rennes (03/2010) - Math, Orsay (04/2009) - LSNC, Toulon (12/2007) - Math, Nice (03/2007).

Géométrie discrète, numération LIRMM, Montpellier (02/2006) - LIAFA, Paris VII (02/01) - IGM, Marne la vallée (12/2000) - Info, Amiens (03/1998).

Systèmes dynamiques symbolique, numération, pavages Orsay (01/2015) - Leoben, Austria (10/2012) - LATP, Marseille (01/2010, 10/1997, 03/1999, 04/2000) - Grenoble (11/2009) - IRMAR, Rennes (02/2008, 02/2005, 11/2001) - Orsay (05/2006, 06/2001) - ENS Lyon (04/2006) - Neuchâtel (01/2006) - TU Wien (11/2005) - Brest (11/2004) - Dijon (03/2001) - Montpellier (03/01) - Paris VI (11/2000) - Ecole polytechnique (11/2000) - Bordeaux (10/2000) - Turku (09/1998) - IML, Marseille (04/1998, 04/2000)

Communication à des congrès, symposium en mathématiques (sans actes)

Numeration, Kyoto, Japon (06/2012) - *The Mathematics of Aperiodic Order*, Corea (10/2010) - *Numeration*, Leiden, Neitherlands (06/2010, **Invited conference**) - *Aperiodic Order*, Leicester, Great-Britain (09/2009, **Invited conference**) - *Fractals and Tilings*, Strobl, Austria (07/2009) - *Number Theory and Ergodic Theory*, Kanazawa, Japan (04/2008) - *Systèmes Dynamiques, Automates et Algorithmes*, *GT SDA2*, Paris (10/2007) - *Numeration*, Graz, Autriche (04/2007) - *International Conference on Probability and Number Theory*, Japan (05/2005) - *Numeration Tilings and Substitutions*, Grenoble (03/2005) - *Number Theoretic Algorithms and Related Topics* Strobl, Austria (10/2004) - *Aperiodic Order : Dynamical Systems, Combinatorics and Operators*, Banff, Canada (04/2004). EWM (European Women in Mathematics), Marseille (11/2003). *Forum des jeunes mathématiciennes et des jeunes informaticiennes* Paris (03/2002). *Systèmes dynamiques-l'odyssée dynamique*, CIRM (02/2001) - *Fourth international joint meeting of the AMS and SSM* Denton, Texas (05/1999).

Vulgarisation / revues sans comité de lecture

1. D. Eveillard, P. Vandenkoornhuysse, Anne Siegel (2017), *L'écologie des systèmes*, LES BIG DATA À DÉCOUVERT
2. M. Taghipoor, S. Lemosquet, J. van Milgen, A. Siegel, D. Sauvart, F. Gondret (2016), *Modélisation de la flexibilité métabolique : vers une meilleure compréhension des capacités adaptatives de l'animal*, INRA PRODUCTION ANIMALE
3. T. Schaub and A. Siegel (2010) *Testing, Diagnosing, Repairing, and Predicting from Regulatory Networks and Datasets* ERCIM NEWS (82)
4. A. Siegel, C. Guziolowski, P. Veber, O. Radulescu, M. Le Borgne (2007) *Optimiser un plan d'expérience à partir de modèles qualitatifs ?*, BioFUTUR (275).
5. P. Durand, D. Lavenier, M. Leborgne, A. Siegel, P. Veber and J. Nicolas (2005) *Applying Complex Models on Genomic Data*. ERCIM NEWS (60).
6. A. Siegel, *Fractals a la carte* (2004) TANGENTE, Hors Série 18 Les fractales
7. A. Siegel. Répétitions dans les figures géométriques. (2002) *Quadrature* 34.