

ANNE SIEGEL CURRICULUM VITAE

Name, Surname: SIEGEL, Anne **URL:** <http://www.irisa.fr/dyliss/anne.siegel>

Nationality: French **Date of birth:** 21/07/1975

EDUCATION

2008: habilitation from University Rennes (FR), with a **double degree in Computer Science and Mathematics**.

2000: PhD from Aix-Marseille University (FR), in **Discrete mathematics & Foundations of computer science**

1997: laureate of the **agrégation of mathematics**

ACADEMIC POSITIONS

2017: director of research DR1.

2010: director of research DR2 (CNRS) in computer science at IRISA, Rennes.

2002: research scientist (CNRS) in computer science at IRISA.

RESEARCH TOPICS

Research field: bioinformatics, systems biology, automatic logical reasoning

Contributions: >80 publications (journal paper and conferences), transversally to theoretical computer science, knowledge representation, bioinformatics and mathematics.

Supervision of graduate students: 14 ph-D students, 11 post-docs and engineers.

SERVICE TO THE COMMUNITY & SCIENTIFIC LEADERSHIP

Institutional direction board. Member of the direction team of INS2I, the national department of CNRS for computer science. In charge of Interdisciplinarity, Research Networks (GDR) and gender equality.

Local responsibilities. (a) (2019-21) Head of the Data and Knowledge Management department of the lab (b) (2012-19) Leader of the Dyliss research group. Formal systems & logical programming for the interpretation of large-scale datasets.

Institutional evaluation boards: (i) National evaluation board of INRIA (2008-11, 2015-2019). (ii) National board of CNRS for research evaluation (2010-12)

Evaluation boards (selection): (i) 2018 Member of ANR committee (CES45). (ii) 2017. Presidency of the 2017 call of the System Biology call of INCA/plan cancer (iii) 2017. President of a HCERES evaluation committee.

Founder of a national working group on the symbolic study of dynamical systems involved in biology ([www](http://www.idealproject.fr)). (Bioss, GDR Informatique Mathématiques & GDR Bioinformatique moléculaire)

Since 2012: scientific board of the Idealg project - PIA ([www](http://www.idealproject.fr)). Responsible for the systems biology task (0.9M€).

Scientific coordinator of the research project Biotempo (2010-2014) ([www](http://www.idealproject.fr)). **Involvement in scientific program** (recent). Deep Impact (PIA “cultiver autrement”) – SeaBioz (ANR bioéconomie) - TGFSysBio (Plan cancer) – Mecagenotox (ANSES)

Since 2012: scientific board of the Idealg project - PIA ([www](http://www.idealproject.fr)). Responsible for the systems biology task (0.9M€).

Guest presentations (selection). Keynote speaker at SASB'2019, Metabolic Pathway Analysis'2019, MCU'2015, PRIB'2013, CIBB'2013. Inaugural session of the 2018 congress of the French society of Microbiology. **Invited survey speaker** ECCB workshop (2014, France), CSL/LICS workshop (Austria, 2014), Numeration conference (Netherlands, 2010); Conference on aperiodic Order (UK, 2009). **50 seminar talks.**

Selection of International collaborations: T. Schaub (University of Potsdam, Germany) [7 joint publications. 1 co-supervised PhD student.], J. Saez-Rodriguez, chair of systems biology at RWTH-Aachen university, Germany [5 joint publications.], A. Maass (University of Chile) [7 joint publications and 1 co-supervised PhD student].

A SELECTION OF PUBLICATIONS

[1] A. Belcour et al, Metage2Metabo, microbiota-scale metabolic complementarity for the identification of key species, *eLife* 2021 [2] C. Frioux et al, hybrid metabolic network completion, *Theory Pract. Log. Program* 2019. [3] C. Frioux et al Scalable and exhaustive screening of metabolic functions carried out by microbial consortia, *bioinformatics/ECCB* 2018. [4] M. Aite, et al, Traceability, reproducibility and wiki-exploration for “a-la-carte” reconstructions of genome-scale metabolic networks, *Plos Comp. Biology*, 2018 [5] S. Videla et al. caspo: a toolbox for automated reasoning on the response of logical signaling networks families, *Bioinformatics*, 2017. [6] S. Prigent et al. Meneco, a Topology-Based Gap-Filling Tool Applicable to Degraded Genome-Wide Metabolic Networks, *Plos Comp. Biology*, 2017. [7] S. Prigent et al. The genome-scale metabolic network of *Ectocarpus siliculosus* (EctoGEM) : a resource to study brown algal physiology and beyond, *the Plant Journal*, 2014 [8] C. Guziolowski et al. Exhaustively characterizing feasible logic models of a signaling network using Answer Set Programming. *Bioinformatics*. 2013 [9] M. Gebser et al. Repair and prediction (under Inconsistency) in Large Biological Networks with Answer Set Programming. *Knowledge Reasoning*. 2010 [10] B. Adamczwzski et al. Rational numbers with purely periodic beta-expansions. *Bull. Lond. Math. Soc.* 2010 [11] A. Siegel and J. Thuswaldner. Topological properties of Rauzy fractals. *Mémoires de la SMF* 2009 [12] V. Berthé and A. Siegel, Purely periodic beta-expansions in the Pisot non unit case, *J Number Theory* 2007 [13] P. Arnoux et al, Two-dimensional iterated morphisms and discrete plantes. *Theor. Comput. Sci.* 2004. [14] V. Canterini and A. Siegel, Geometric representation of substitutions of Pisot type, *Trans. Am. Math Soc*, 2001.

Anne Siegel.

Discipline : Informatique théorique et bioinformatique.

Laboratoire IRISA (CNRS-Université Rennes 1- Inria).

Responsable équipe DyLISS (DYnamique, Logique, Inférence pour les Systèmes et Séquences biologiques).

1. Curriculum Vitae

ETAT-CIVIL

Née en 1975.

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

CURSUS ET TITRES UNIVERSITAIRES

| | |
|-----------|---|
| 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

Je suis 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. En septembre 2001, j'ai obtenu un poste de maître de conférence en mathématiques à l'université de Rennes 1 (IRMAR). Dans la foulée de ma mobilité à Rennes, en janvier 2002, j'ai obtenu 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. J'ai défendu une habilitation à l'université de Rennes 1, avec la double mention « mathématiques et informatique ». J'ai ensuite eu été promue Directrice de Recherche au CNRS en 2010.

En 2010, je me suis engagée dans la création d'une équipe issue de l'équipe de bioinformatique. Ce projet a vu le jour en 2012, sous la forme d'une équipe de recherche, nommée Dyliss, qui rassemble des personnels du CNRS, de l'université de Rennes 1 et d'Inria. Le but de cette équipe est 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, la direction de l'équipe Dyliss a changé pour permettre un élargissement des thématiques de recherches aux technologies du web sémantique et à la santé, qui ouvrent de vraies problématiques informatiques en structuration et en intégration de données hétérogènes. Je continue toujours activement à la vie de l'équipe en particulier autour de la modélisation des systèmes biologiques.

Suite à ce changement de responsable d'équipe, 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.

J'ai en parallèle intégré l'équipe de la direction scientifique de l'INS2I au CNRS en tant que chargée de mission, où mes principales activités sont 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.

RESPONSABILITÉS

Instances nationales

- 2019-21 Directrice adjointe 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).
- 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.

Animation de la recherche

- 2020-.. Conseil scientifique du département mathNum d'Inrae
- 2020-.. Membre de la coordination du groupe ModCov19
- 2014-21 Création et co-animation du groupe de travail BIOS "modélisation symbolique des systèmes biologiques" communs aux GDR BIM - Bioinformatique Moléculaire et au GDR IM - Informatique Mathématique.

Responsabilités scientifiques

- 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).
- 2011-20 **ANR Idealg**, membre du conseil scientifique, co-responsable du workpackage 4, Inv. Avenir Bioresources et biotech. (11M?)
- 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
- 2017-21 Coordination du groupe de travail "égalité femmes-hommes" de l'Irisa - Inria Rennes
- 2016-19 Comité parité-égalité INRIA. Responsable du groupe de travail "recrutement des chercheurs"

Instances locales

- 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.

Comités d'experts, de sélections, jurys

- ERA-CAPS* Panel committee of the Europe-USA Call Strengthening Transnational Research in Molecular Plant Sciences
- Divers International* Israel Science Fundation - FP7-people-Cofund. - NWO (netherlands).
- HCERES* Bioinformatique-Institut Curie (présidente, 11/2017) - LIFL-LAGIS (2013).
- Plan cancer/biologie des systèmes* Présidence comité (10/2017) - Membre comité (2014).
- ANR* Expertise ANR-Flash-covid - Membre comité CIS41 (modélisation interdisciplinaire, 2018). Expertise de dossiers : informatique, biologie, mathématiques (2013. 2014).
- Divers France* ARP Mermed (2014)

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

- 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.

Comités de sélections

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

Jurys de thèse

- Jurys thèse* (29) M. Manceny (Informatique, Evry, 2006) - G. Kervizic (biologie, Brest, 2009) - C. Friguet (biologie, Rennes, 2010) - I. Ndiaye (automatique, Nice, 2010. *rapporteuse*) - G. Espinoza (mathématiques, Univ. Chile & Univ. Nice, 2010. *rapporteuse*) - N. Loira (informatique, Univ. Bordeaux, 2012. *rapporteuse*) - S. Thiele (informatique, Univ Potsdam, 2012. *rapporteuse*) - M. Noual (informatique, ENS Lyon, 2012, *présidente*) - P. Vanier (informatique, Univ. Marseille, 2013. *présidente*) - F. Nguema-Ndong (mathématiques, Poitiers, 2013. *présidente*) - T. Jolivet (informatique. Univ. Paris Diderot, 2013) - M. Folschette (bioinformatique, Nantes, 2014. *rapporteuse*) - B. Le Gloannec (informatique, Orléans, 2014. *présidente*) - Vu Nguyen (bioinformatique, Bordeaux, 2015. *rapporteuse*) - N. Mobilia (informatique, Grenoble, 2015. *présidente*) - A. Rougny (informatique, Paris Sud, 2016. *rapporteuse*) - M. Morterol (informatique, Paris Sud, 2016. *rapporteuse*) - P. Traynard (Informatique, ENS&Inria, 2017) - J. Mercier (Biologie, Evry, 2017. *rapporteuse*) - C. Fraynay (Biologie, Toulouse, 2017, *rapporteuse*) - B. Miraglio (Informatique, Nice, 2018, *rapporteuse*) - M. Pichene (Informatique, Rennes, 2018) - C. Marchet (Informatique, Rennes, 2018) - A. Bonnafoux (Biologie, ENS Lyon, 2018, *rapporteuse*) - C. Biane (Informatique, Evry, 2018, *rapporteuse*) - A. Beica (Informatique, DIENS, 2019, *rapporteuse et présidente*) - F. Bridoux (informatique, Marseille, 2019) - C. Hernandez (Biologie, ENS, 2019, *rapporteuse et présidente*).
- Jurys HDR* (7) O. Dameron (Rennes, 2016) - A. Chateau (Montpellier, 2016. *rapporteuse*) - M. Elati (Evry, 2016. *rapporteuse*) - E. Remy (Marseille, 2016. *présidente*) - A. Baudot (Marseille, 2018, *rapporteuse*) - L. Calzone (Curie, 2019, *présidente*) - S. Peres (Saclay, 2019. *rapporteuse*)

Relecture d'articles

TCS - Advances in Math - Annales Institut Fourier - BMC bioinformatics - PLOS CB - Journal of Mathematical Biology - Genome Biology - Nature - DCDS - ...

FORMATION

Encadrement thèses

- *Thèses soutenues* (14)
 - M. Conan (2017-2021, MENRT, Ecole doctorale biologie santé). (50% encadrement)
 - M. Wery (2017-2020, CIFFRE Sanofi). Ingénieure bio-analyse CHU Angers. (35% encadrement)
 - M. Louarn (2017-2020, Inria-Inserm). ATER à l'université de Rennes 1. (35% encadrement)
 - C. Frioux (2015-2018, Inria-Cordi). Chargée de recherche chez Inria. (100% encadrement)
 - V. Delannée (2014-2017, Anses/Région). NIH, Washington. (50% encadrement)
 - J. Laniau (2013-2017, Inria), en recherche d'emploi. (80% encadrement)
 - V. Picard (2012-15, ENS Rennes), professeur en classes préparatoires. (50% encadrement)
 - S. Prigent (2011-14, MENRT), chargé de recherches INRAE. (70% encadrement)
 - S. Videla (2011-14, ANR Biotempo), ingénieur R&D. (50% encadrement)
 - A. Aravena (2010-13, financement Chili), enseignant-chercheur en Turquie. (50% encadrement)
 - O. Abdou-Arbi (2010-13, MENRT) Enseignant-chercheur. Université de Maradi, Niger. (50% encadrement)
 - C. Guziolowski (2006-09, Financement ministère affaires étrangères) Maitre de conférence/chaire CNRS, Ecole centrale Nantes. (100% encadrement)
 - P. Blavy (2006-09). Ingénieur de recherche, INRAE. (50% encadrement)
 - P. Veber (2004-07). Ingénieur de Recherche. LBBE. CNRS. (50% encadrement)
- *Thèse en cours* (1) A. Belcour (Inria).

Encadrement post-doc et ingénieurs (11)

S. Blachon (2008-09, post-doc Inria) - T. Baumuratova (2008-09, post-doc ANR SITCON) - S. Thiele (2012-13, post-doc Inria) - G. Collet (2012-14, CDD ANR IDEALG) - O. Quenez (2013, CDD ANR FATINTEGGER) - C. Bettembourg (2014-15, post-doc ANR MIRNADAPT). - C. Trottier (2015-2017, ANR IDEALG) - M. Chevallier (2014-18, ADT Inria + Projet régional Ecosyst) - M. Aite (2015-19, ADT Inria+ ANR Idealg) - P. Vignet (2016-2018, Plan Cancer TGFSysBio) - A. Belcour (2017-2019, ANR Idealg) - C. Raphalen (2019-2021, Projet Prolific).

Enseignements

| | |
|---------|--|
| 2020-21 | Cours de Master 2 bioinformatique (Rennes). Biologie des systèmes. |
| 2019-20 | Cours de Master 2 bioinformatique (Rennes). Biologie des systèmes. |
| 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. |

VIE SCIENTIFIQUE

Collaborations internationales

| | |
|---------------------------|--|
| <i>Chili</i> | BIOLOGIE DES SYSTÈMES, MÉTHODES PROBABILISTES. Mathématiques (CMM, Univ. Chile). Inria-Conycit (2011). Equipe associée Inria (2011-16). CIRIC-omics (2011-16, Coordinatrice). Equipe associée Inria (2020-2022). Visites annuelle depuis 2011, 08, 05. Co-encadrement thèse. |
| <i>Allemagne</i> | ASP-BASED KNOWLEDGE REPRESENTATION FOR SYSTEMS BIOLOGY. Informatique (Univ. Potsdam). Egide Procope (2011-12). Visite : 2012, 2013. Co-encadrement de thèse. |
| <i>Japon</i> | NUMBER THEORY AND DISCRETE DYNAMICAL SYSTEMS. Mathématiques (Univ. Nagoya & Kanazawa). Egide Sakura (2007-08). Visites : 2008, 09, 11. |
| <i>UK</i> | INFERENCE OF SIGNALING NETWORK WITH ASP. Bioinformatique (EBI, Cambridge). Visite : 2013. |
| <i>Autriche</i> | FRACTALS ET NUMÉRATION. Mathématiques (Univ. Leoben). ANR FAN (2013-16). Egide Amadeus (2008-09 & 2011-12, coordinatrice). Visites : 2008, 09, 12. |
| <i>Autres invitations</i> | <i>Chine</i> . Math. Univ. Canton (2009 & 10). <i>USA</i> . Math. Univ North Texas (2000). <i>Finlande</i> . Informatique, Turku (1999) |

Participation à des projets scientifiques

| | |
|----------------|--|
| <i>Bioinfo</i> | DEEP IMPACT (2021-2025, PPR "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 PE-GASE. Rennes. Responsable locale .) - MiRNAADAPT, 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). |
| <i>Info</i> | 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). |
| <i>Math</i> | 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

- 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, invited speaker (10/2018).
- LPMNR - **Best Student Paper award** (07/2017).
- Conference Machine, Complexity Universality (MCU). Chypre (09/2015). **Invited conference**
- Workshop on Logical Modeling and Analysis of Cellular Networks (associated with ECCB 2014), Strasbourg (09/2014). **Invited conference**.

- Workshop on Logic and Systems Biology (associated with CSL/LICS 2014), Vienna (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.**
- CMSB - *Computational Methods in Systems biology* 2012. London. **Best paper award.**
- *Numeration*, Leiden, Neitherlands (06/2010), **Invited conference.**
- *Aperiodic Order*, Leicester, UK (09/2009) **Invited conference.**

Publications dans des revues ou conférences : principaux journaux

| | |
|-------------------------------------|---|
| <i>Biologie systèmes / méthodes</i> | PLOS Comp Bio - Bioinformatics - BMC Systems Biology - BMC Bioinformatics - BMC Genomics - CMSB - IEEE TCBB - Jour. Royal Soc. interface - Biosystems - Nature scientific methods - Frontiers |
| <i>Informatique</i> | Theoretical Computer Science - Knowledge Reasoning - ICLP - LPNMR - WORDS - VMCAI - TPLP |
| <i>Mathématiques</i> | Adv. in Math - Bull. LMS - Mémoire SMF - Jour. Number Theory - Ann. Institut Fourier - Erg. Th. Dyn. Sys. - Trans. AMS - Acta Arith. |
| <i>Biologie/modèles</i> | Plant Journal - Frontiers - Jour. Theor. Bio. - OMICS - Mol. Rep. Dev. - Frontiers - NAR |

LISTE DE PUBLICATIONS

Edition d'ouvrages

- E1. B. Adamczewski, A. Siegel, W. Steiner (2009). *Présentation de "Numeration : Mathematics and Computer Science" (CIRM, 2009)*. Actes des rencontres du CIRM. Vol. 1 no. 1. p. 1-2.
- E2. Journées Montoises d'Informatique Théorique 2006 (2009). Theoretical Informatics and Applications, Vol 42 (3). D. Cauca and A. Siegel, guest editors.
- E3. N. Pytheas-Fogg (2002). *Substitutions in Dynamics, Arithmetics and Combinatorics*. Lectures Notes in Mathematics 1794, Springer-Verlag. V. Berthé, S. Ferenczi, C. Mauduit and A. Siegel, editors.

Chapitres dans des ouvrages

- B1. S. Akiyama, M. Barge, V. Berthé, 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
- B2. 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.
- B3. V. Berthé, A. Siegel, J. Thuswaldner (2011). *Tilings, substitutions and Rauzy fractals : effectivity and complexity*, Chapter of *Combinatorics, Automata and Number Theory*, Cambridge University Press.
- B4. V. Berthé 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).
- B5. 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).

Revues internationales à comité de lecture

- J1. 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.
- J2. 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
- J3. 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
- J4. 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
- J5. 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
- J6. 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

- J7. 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
- J8. 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
- J9. 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
- J10. M. Wery, O. Dameron, J. Nicolas, E. Remy, A. Siegel. (2019) *Formalizing and Enriching Phenotype Signatures using Boolean Networks*. JOURNAL OF THEORETICAL BIOLOGY
- J11. V. Delannée, S. Langouët, A. Siegel, N. Théret (2019). *In silico prediction of Heterocyclic Aromatic Amines metabolism susceptible to form DNA adducts in humans*. TOXICOLOGY LETTERS
- J12. C. Frioux, T. Schaub, S. Schellhorn, A. Siegel, P. Wanko (2018). *Hybrid Metabolic Network Completion*. THEORY AND PRACTICE OF LOGIC PROGRAMMING
- J13. S. Gay, J. Bugeon, A. Bouchareb, L. Henry, C. Delahaye, et al.. (2018) *MiR-202 controls female fecundity by regulating medaka oogenesis*. PLOS GENETICS
- J14. Frioux C., Trottier C., Fremy E., Siegel A (2018) *Scalable and exhaustive screening of metabolic functions carried out by microbial consortia*. BIOINFORMATICS
- J15. M. Razaq, 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
- J16. 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.
- J17. 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.
- J18. 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
- J19. 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.
- J20. 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.
- J21. 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.
- J22. V. Delannée, S. Langouët-Prigent, N. Théret, A. Siegel (2017) *A modeling approach to evaluate the balance between bioactivation and detoxification of MeIQx in human hepatocytes* PEERJ
- J23. 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
- J24. 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.
- J25. Loic 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.
- J26. 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
- J27. 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
- J28. 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.
- J29. 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.
- J30. 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
- J31. Valérie Berthé, Jérémie Bourdon, Anne Siegel, Timo Jolivet (2015) *A combinatorial approach to products of Pisot substitutions*. ERGODIC THEORY AND DYNAMICAL SYSTEMS.

- J32. 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
- J33. 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.
- J34. 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 Phaeomarinobacter ectocarpus" Ec32, a new candidate genus of Alphaproteobacteria frequently associated with brown algae*, FRONTIERS IN GENETICS, section Systems Biology.
- J35. 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
- J36. 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
- J37. 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.
- J38. 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".
- J39. 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.
- J40. 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.
- J41. V. Berthé, T. Jolivet, A. Siegel (2012). *Substitutive Arnoux-rauzy sequences have pure discrete spectrum* UNIFORM DISTRIBUTION THEORY 7(1).
- J42. J. Bourdon, D. Eveillard, A. Siegel (2011). *Integrating Quantitative Knowledge Into a Qualitative Gene Regulatory Network*. PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY, 7(9) e1002157.
- J43. V. Berthé, A. Siegel, W. Steiner, P. Surer, J. Thuswaldner (2011). *Fractal tiles associated with shift radix systems* ADVANCES IN MATHEMATICS.
- J44. 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).
- J45. 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.
- J46. 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
- J47. 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).
- J48. 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
- J49. B. Adamczewski, C. Frougny, A. Siegel, W. Steiner (2010). *Rational numbers with purely periodic β -expansion*, BULLETIN LONDON MATHEMATICAL SOCIETY, 42 (3) 538-552.
- J50. A. Siegel and J. Thuswaldner (2009). *Topological properties of Rauzy fractals*, MÉMOIRES DE LA SMF 118.144 pages.
- J51. 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.
- J52. C. Guziolowski, A. Bourdé, F. Moreews and A. Siegel (2009). *Bioquali Cytoscape Plugin : Analysing the global consistency of regulatory networks*, BMC GENOMICS, 10 :244.
- J53. 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.
- J54. 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.
- J55. V. Berthé and A. Siegel (2007). *Purely Periodic beta-Expansions in the Pisot Non-unit Case* JOURNAL OF NUMBER THEORY 153 (2) 153-172.

- J56. 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.
- J57. A. Siegel, O. Radulescu, M. Le Borgne, P. Veber, J. Ouy, S. Laguarrigue (2006). *Qualitative analysis of the relation between DNA microarray data and behavioral models of regulation networks* BIOSYSTEMS 84, 153-174
- J58. O. Radulescu, S. Laguarrigue, 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.
- J59. 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.
- J60. V. Berthé and A. Siegel (2005). *Tilings associated with beta-numeration and substitutions*, INTEGERS : ELECTRONIC JOURNAL OF COMBINATORIAL NUMBER THEORY, 5(3), pp. A2.
- J61. 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.
- J62. A. Siegel (2004). *Pure discrete spectrum dynamical system and periodic tiling associated with a substitution*. ANNALES DE L'INSTITUT FOURIER 2(54) 288-299.
- J63. P. Arnoux, V. Berthé and A. Siegel (2004). *Two-dimensional iterated morphisms and discrete planes*. THEORETICAL COMPUTER SCIENCE, 319, 2004, p. 145–176.
- J64. A. Siegel (2003). *Représentation des systèmes dynamiques substitutifs non unimodulaires*. ERGODIC THEORY AND DYNAMICAL SYSTEMS, 23, 1247-1273
- J65. V. Canterini and A. Siegel (2001). *Geometric Representation of primitive substitution of Pisot type*. TRANSACTIONS OF THE AMS, 353(12), 5121–5144.
- J66. 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.
- J67. 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. 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.
- C2. 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.
- C3. 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**.
- C4. 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.
- C5. 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.
- C6. 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.
- C7. 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)
- C8. 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.
- C9. 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.
- C10. 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.
- C11. V. Berthé, J. Bourdon, T. Jolivet and A. Siegel (2013). *Generating discrete planes with substitutions*. WORDS - 9TH INTERNATIONAL CONFERENCE ON WORDS.
- C12. 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**.

- C13. 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.
- C14. 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
- C15. 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.
- C16. 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
- C17. 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.
- C18. P. Arnoux, V. Berthé, and A. Siegel (2006). *Finiteness properties for Pisot S-adic tilings* JOURNÉES MONTOISES D'INFORMATIQUE THÉORIQUE.
- C19. 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.
- C20. 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 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).

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

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 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) - FRU-MAM, 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)

Vulgarisation / revues sans comité de lecture

1. D. Eveillard, P. Vandenkoornhuise, 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.