Demande n°3864 - ARED

Acronyme :Predicom

Identification

Identification

N°	3864
Année	2025
Statut	Brouillon
Date de création	28/01/2025
Date de modification	28/01/2025
Date de soumission	28/01/2025
Acronyme	Predicom
Intitulé du projet	Fouille de données pour le screening à haut-débit de génomes : prédire les capacités de synthèses microbiennes de métabolites à effet santé.
Dispositif	ARED

Priorité régionale

Priorité régionale

Priorité régionale	Lien avec une politique publique de la Région (Cybersécurité, Agroécologie, Mer, Mobilités, Ports, Langues de Bretagne)

Stratégie régionale de recherche et d’innovation (S3)

Stratégie régionale de recherche et d’innovation (S3)

Domaine d'innovation stratégique principal	Économie alimentaire du bien manger pour tous
Levier thématique associé au DIS principal	Consommation de demain
Domaine d'innovation statégique secondaire	Économie numérique sécurisée et responsable
Levier thématique associé au DIS secondaire	Données et intelligence

Organisme de tutelle

Organisme de tutelle

Etablissement	CNRS BRETAGNE PAYS LOIRE
Commune	RENNES
Civilité	Madame
Nom	SINANIDES
Prénom	Murielle

Unité de recherche

Unité de recherche

Nom de l'unité	IRISA
Civilité	Monsieur
Nom	Gravier
Prénom	Guillaume
Tél.	0299847100
Courriel	dir@irisa.fr

Données complémentaires de l'unité de recherche

Libellé	Valeur
Statut et numéro de l'unité de recherche (UMR, USR, EA)	UMR6074
Le cas échéant, nom de l'équipe de recherche	Equipe Dyliss
Le cas échéant, nom du responsable de l'équipe de recherche	Anne Siegel
Activités de recherche et points forts de l'équipe	L'équipe DyLiSS est experte de méthodes pour la reconstruction et la comparaison de cartes d'interactions à grande échelle, avec une spécialisation sur les voies de synthèse métaboliques de multiples espèces, à partir de données omiques (génomes) et de connaissances.
Si implication dans un/plusieurs programmes européens ou internationaux, préciser	

Co-directeur de thèse

Co-directeur de thèse

Civilité	Madame
Nom	FALENTIN
Prénom	Hélène
Unité de recherche	STLO
Etablissement de tutelle	INRAE

Description

Description du projet

Libellé	Valeur
Résumé synthétique du projet (2000 caractères max)	Ce projet s'inscrit aux interfaces entre la fouille de données massives en biologie moléculaire, la bioinformatique et la modélisation de systèmes dynamiques. Il s'agit de découvrir le potentiel microbien d'espèces à partir de leurs génomes et de mesures expérimentales, puis à transférer cette information sur de nouvelles espèces. On pourra ainsi prédire in-silico les capacités de synthèse de composés de nouvelles espèces. Une collaboration entre l'IRISA et STLO a permis de concevoir des méthodes bioinformatiques et des approches expérimentales pour analyser des milliers de génomes bactériens, prédire leurs fonctions et identifier des consortia microbiens optimaux. Ces approches ont été validées dans des projets de fermentation, produisant des neurotransmetteurs, vitamines et autres composés à des concentrations physiologiques. L'objectif est désormais d'étendre ces travaux à des espèces de levures afin d'exploiter leur potentiel pour produire des métabolites d'intérêt, et potentiellement en collaboration avec des bactéries. Les connaissances et données génomiques sur les levures étant limitées, il faut pour cela développer des nouvelles méthodes d'analyse in silico. La thèse s'organise autour de trois axes : Développer des outils pour identifier des gènes liés à des enzymes spécifiques dans les génomes en utilisant des méthodes d'algorithmique et des réseaux de neurones ; Explorer la variabilité génomique des levures pour cibler les souches les plus prometteuses grâce à des approches d'optimisation combinatoire ; Concevoir des modèles dynamiques pour identifier les consortia microbiens les plus efficaces et valider leurs capacités en bioréacteurs. Cette approche permettra d'intégrer les concepts de fermentation de précision mais sans utilisation d'OGM, pour exploiter la diversité microbienne, incluant bactéries et levures et produire des métabolites favorables à la santé humaine, végétale et environnementale.
Caractère structurant/stratégique du projet (descriptif/ex. : art.5 Rglmt ARED 2025 -2000 car. max)	Ce projet assoit une collaboration scientifique de longue date entre l'INRAE et l'IRISA en apportant des connaissances scientifiques exploitables industriellement. Ce sujet s'inscrit dans l'objectif d'explorer plus largement le potentiel de fermentation microbienne comme un moyen efficace et durable de produire des métabolites qui permettent de préserver la santé des hommes mais aussi des plantes (composés indoliques et métabolites antimicrobiens en particulier). Dans ce contexte, l'enjeu est non seulement d'exploiter la diversité bactérienne (comme expliqué ci-dessus), et plus globalement l'ensemble de la diversité microbienne, en particulier celle des levures, combinées ou non avec des bactéries.
Porteur du projet : date d'obtention de l'HDR ou dérogation	2008
Collaborations scientifiques (nature/pays) et partenariat socio-économique envisagé (3000 car. max.)	L'IRISA et l'INRAE ont des compétences complémentaires en informatique et en microbiologie. Dans le cadre du projet interrégional Prolific, grâce au développement collaboratif de méthodes et d'outils prédictifs basés sur l'analyse à haut débit de génomes bactériens (suite logicielle prolipipe https://github.com/AuReMe/prolipipe), ces instituts ont déjà su mettre à disposition de l'industrie agro-alimentaire laitière des outils prédictifs de capacité de production de métabolites bactériens d'intérêt santé. Le présent projet de thèse permettrait d'adapter les outils précédemment développés aux génomes de levures pour de la production de métabolites ayant des effets positifs sur la santé de l'humain et des plantes. Les nouveaux outils seront testés sur la collection bactérienne du CIRM BIA de Rennes (INRAE STLO) et sur la collection de levures du CIRM levure de Montpellier, toutes les deux au sein du pilier RARE de l'infrastucture européenne MIRRI, https://www.mirri.org/, avec lesquelles les partenaires du projet ont des contacts étroits. En cas de succès, les méthodes développées seront mises à disposition des académiques et des industriels sous la forme de logiciel (extension du logiciel prolipipe). Les partenaires du projet précompétitif Prolific (interrégional) et les partenaires du consortium Ferment du Futur seront informés des avancées du projet pour leur permettre d'en bénéficier. Le projet de thèse est intrinsèquement interdisciplinaire. La première partie étendra des approches de l'IRISA en génomique comparative (AuCoMe - Belcour et al. 2023) avec des approches basées sur des réseaux de neurones (Enzbert - Buton et al. 2023) pour permettre l'identification dans les génomes de levure des séquences de gènes associées aux enzymes impliquées dans les voies de synthèse des composés ciblés. Ces nouvelles approches permettront d'étendre les

	fonctionnalités de la suite logicielle prolipipe et de les tester sur des collections de levures (CIRM Montpellier) et de bactéries (CIRM BIA Rennes). La deuxième partie de la thèse consistera à étudier la variabilité au sein des différentes collections pour identifier les spécificités de souches au sein des différentes familles d'espèces, en focalisant l'effort sur les portions de génome des souches les plus prometteuses, en s'appuyant sur l'expertise de l'INRAE en génétique microbienne. La troisième partie de la thèse visera à identifier les meilleurs consortia de levures et bactéries pour produire des composés (des composés indoliques et métabolites antimicrobiens utiles en santé humaine et en santé des plantes) en adoptant une approche de modélisation pour tenir compte des milieux de culture des espèces (méthode MISCOTO - Frioux et al. 2018) reconstruits à partir des metadonnées présentes dans des banques de données internationales (ESMECATA - Belcour et al. 2025). Les consortia les plus prometteurs sont testées en bioréacteurs à l'INRAE pour valider la production des métabolites cibles par fermentation.
Si DIS identifié, préciser l'adéquation du projet avec le DIS (2000 car. maximum)	Le projet s'inscrit naturellement dans l'axe D2 « Economie alimentaire du bien manger pour tous » (D2) : axes 10 « consommation de demain » et 9 « de l'amont à l'aval ». En effet, la fermentation microbienne est un moyen efficace et durable de produire des métabolites qui permettent de préserver la santé des hommes et des plantes. Au cours du projet interrégional Prolific, les UMR IRISA et STLO en ont réalisé une preuve de concept par fermentation bactérienne de lait de vache. Plus récemment, cette preuve de concept a été élargie à la fermentation de jus végétaux dans le cadre d'un projet précompétitif Ferment du Futur (France 2030). La stratégie a été de combiner l'analyse à haut débit de génomes bactériens disponibles dans les bases de données internationales pour identifier le potentiel de production de métabolites par des espèces bactériennes déjà présentes dans notre alimentation et de mettre en œuvre ces espèces non OGM en bioréacteur dans des conditions de production optimisée. Cette démarche a permis de produire des neurotransmetteurs, des vitamines, des acides organiques et des composés indoliques à des concentrations physiologiques. Le projet vise à poursuivre cette dynamique pour explorer la diversité microbienne (levures) en résolvant les verrous méthodologiques en bio-informatique qui empêchent actuellement de réellement pouvoir exploiter la diversité des levures. À moyen termes les applications des méthodes développées peuvent aussi concerner les bioressources et technologies marines (D1), via des collaborations avec la station biologique de Roscoff et l'exploitation de la matière noire océanique en cours de séquençage dans le PEPR Atlasea et pour lequel un appel à manifestation d'intérêt est prévu dans les deux prochaines années. Une autre application future vise l'agriculture de précision (D2-8) et la santé des plantes, en lien avec l'exploitation des données en cours de production dans le projet PEPR DeepImpact piloté par le centre INRAE Le Rheu.
Si priorité régionale cochée, préciser en quoi le projet s'y rattache effectivement (2000 car.max.)	
Si priorité régionale "Politique publique Région", préciser (voir liste au point 4, Règlement 2025)	Le projet s'inscrit dans la thématique prioritaire « Agroécologie », puisque le projet vise à développer des méthodes numériques originale pour exploiter la biodiversité et à favoriser la création de consortia microbiens inspirés du fonctionnement des écosystèmes naturels de manière à promouvoir des systèmes alimentaires viables et non OGM. En effet, dans la lignée du projet Interrégional Prolific et du projet France2030 « Ferment du Futur », le projet propose d'intégrer les concepts de fermentation de précision mais sans utilisation d'OGM, d'utiliser la grande quantité de génomes publics pour en sortir des informations à haute valeur ajoutée, de les rendre disponibles à la communauté scientifique et enfin d'utiliser et de valoriser la biodiversité naturelle présente dans les collections institutionnelles françaises. De plus, les méthodes développées sont suffisamment génériques pour être appliquées à la caractérisation des écosystèmes naturels permettant d'améliorer la santé des plantes et donc d'avoir des impacts en gestion des sols et réduction des intrants chimiques. Différents jeux de données sont en cours de production dans le cadre du projet PEPR DeepImpact porté par le centre INRAE Le Rheu, et dont l'équipe Dyliss de l'Irisa est partenaire. Les méthodes développées dans ce projet visent aussi à permettre d'explorer et d'exploiter les informations produites sur la diversité

	microbienne pour aller vers une amélioration de la santé des plantes. Ces fermentations et leurs utilisations ultérieures en agronomie ou en agroalimentaire participeront à la démarche One Health.
Cotutelle financière internationale (oui/non)	non
Nom(s) du(des) cofinanceur(s) envisagé(s) ou confirmé(s)	Des discussions sont en cours pour un cofinancement par le consortium Ferment du Futur (France2030). Une autre demande va être envoyée pour un cofinancement par l'INRAE
Si cofinancement industriel, justifier le choix du dispositif ARED au lieu du dispositif CIFRE	
État du cofinancement (indiquer "acquis" ou "demandé")	demandé
Si demandé, date prévisionnelle de réponse du cofinanceur	mai 2025
Si cofinancement refusé, autre(s) source(s) de cofinancement identifiée(s)	
Si reversement prévu, préciser (partenaire, montant)	

Candidat

Candidat

Genre	Masculin
Nationalité	Francaise

Collaboration internationale

Collaboration internationale

Pays	
Etablissement partenaire à l'étranger	

Pièces jointes

Date de mi	Type de pièce	Commentaire	Document	Valide	Commentaire
28/01/2025	ARED - Dépôt - CV du porteur	Obligatoire - Le CV doit préciser si le porteur est titulaire de l'HDR et, le cas échéant, depuis quand, et mentionner la liste des doctorant·e·s déjà encadré·e·s et des publications associées.	CV-ARED-2025.pdf	Non traité	
28/01/2025	ARED - Dépôt - Avis directeur·rice d'unité	Obligatoire - Voir le modèle à suivre dans l'onglet "Documents à télécharger"		Non traité	
28/01/2025	ARED - Dépôt - Justificatif cofinancement	Facultatif - Dépôt de demande, justificatif d'obtention, courrier du cofinanceur pressenti...		Non traité	
28/01/2025	ARED - Dépôt - Lettre partenaire étranger	Facultatif - Lettre d'engagement de l'établissement partenaire étranger en cas de cotutelle internationale		Non traité	

28/01/2025	ARED - Dépôt - Pièce complémentaire	Facultatif		Non traité	
28/01/2025	ARED - Dépôt - Pièce complémentaire	Facultatif		Non traité	
28/01/2025	ARED - Instruction - Lettre de saisine	Lettre de l'établissement à transmettre à la Région (utiliser le modèle disponible dans la rubrique "Documents à télécharger")		Non traité	
28/01/2025	ARED - Versement - Convention de partenariat	Le cas échéant (si autorisation de reversement)		Non traité	
28/01/2025	ARED - Versement 2 - CV doctorant.e	Pour versement tranche 2		Non traité	
28/01/2025	ARED - Versement 2 - Copie du contrat doctoral (ou CDD ou attestation))	Pour versement tranche 2		Non traité	
28/01/2025	ARED - Versement 2 - Attestation bon déroulement travaux année 1	Pour versement tranche 2		Non traité	
28/01/2025	ARED - Versement 2 - Bilan financier année 1	Pour versement tranche 2 ARED		Non traité	
28/01/2025	ARED - Versement 3 - Attestation bon déroulement travaux année 2	Pour versement 50% tranche 3 ARED		Non traité	
28/01/2025	ARED - Versement 3 - Bilan financier année 2	Pour versement 50% tranche 3 ARED		Non traité	
28/01/2025	ARED - Versement 4 - Bilan financier année 3	Pour versement solde année 3 ARED		Non traité	
28/01/2025	ARED - Versement 4 - Certificat administratif précisant statut thèse	Pour versement du solde de la tranche 3		Non traité	

ANNE SIEGEL CURRICULUM VITAE

Nom, Prénom: SIEGEL, Anne ***URL:*** http://www.irisa.fr/dyliss/anne.siegel
Nationalité: 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'Ecole Normale Supérieure de Lyon & DEA de mathématiques de l'université Claude Bernard (Lyon)

POSITIONS ACADEMIQUES

2023: Directrice de recherche Classe Exceptionnelle (DRCE) au CNRS.
2010: Directrice de recherche au CNRS en informatique, IRISA, Rennes. **2017** : DR1
2002: Chargée de recherche au CNRS en informatique, IRISA, Rennes.
2001 : Maitresse de conférences en mathématiques, IRMAR, Rennes.

SUJETS DE RECHERCHE

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

Contributions: >110 publications en informatique théorique, représentation des connaissance, bioinformatique et mathématiques (CV détaillé http://www.irisa.fr/dyliss/public/asiegel/CV.pdf).*Edition d'ouvrages: 5. Chapitres d'ouvrages: 6. Publications dans des revues : 81. Actes de conférences avec comité de lecture : 23. Vulgarisation scientifique : 7*

Sélection de publications [1] Thuiller et al, CEGAR-based approach for solving combinatorial optimization modulo quantified linear arithmetics problems, AAAI conference 2024 [2] Belcour et al, Infering and comparing metabolism across heterogeneous sets of annotated genomes using AuCoMe, Genome Research 2023 [3] Thuillier et al, Merrin: metabolic regulation rule inference from time series data, bioinformatics/ECCB 2022 [4] Belcour et al, Metage2Metabo, microbiota-scale metabolic complementarity for the identification of key species, eLife 2021 [5] Frioux et al, hybrid metabolic network completion, Theory Pract. Log. Program 2019 [6] Prigent et al. Meneco, a Topology-Based Gap-Filling Tool Applicable to Degraded Genome-Wide Metabolic Networks, Plos Comp. Biology, 2017 [7] Guziolowski et al. Exhaustively characterizing feasible logic models of a signaling network using Answer Set Programming. Bioinformatics, 2013 [8] Gebser et al. Repair and prediction (under Inconsistency) in Large Biological Networks with Answer Set Programming. Knowledge Reasoning. 2010 [9] Siegel & Thuswaldner. Topological properties of Rauzy fractals. Mémoires de la SMF 2009 [10] Berthé & Siegel, Purely periodic beta-expansions in the Pisot non unit case, J Number Theory 2007 [11] Arnoux et al, Two-dimensional iterated morphisms and discrete planes. Theor. Comput. Sci. 2004. [12] Canterini & 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 futuro (Académie des sciences, 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 (Neitherlands, 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).

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 (2024).

ENCADREMENT

Encadrement: 18 thèses soutenues et 2 thèses en cours sous ma direction. 14 post-docs et ingénieurs.

Thèses en cours

- P. Hamon-Giraud, 2024-2027, Univ Rennes, 50\% co-encadrement
- M. Aulagner, 2023-26, Inria-Inrae, 30\% co-encadrement

Thèses soutenues

- K. Thuillier, 2021-24, CNRS, 50\% co-encadrement - Post-doc
- B. Ruiz, 2021-24, Inria-Inrae, 25\% co-encadrement

- A. Belcour, 2019-2022, Inria, 50% encadrement - Post-doc
- M. Bougeon, 2020-2023, Univ Rennes, 10\% co-encadrement - Post-doc
- M. Conan 2017-21 MENRT R&D 50% co-encadrement – Ingénieur dans l'industrie
- M. Wery 2017-20 CIFFRE Sanofi Ingénieure bio-analyse CHU Angers 35% co-encadrement – Ingénieure en CHU
- 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 – Chercheuse INRIA
- V. Delannée 2014-17 Anses/Région NIH, Washington 50% co-encadrement – En poste aux Etats-Unis
- J. Laniau 2013-17 Inria Ingénieure 80% co-encadrement
- V. Picard 2012-15 ENS Rennes 50% co-encadrement - professeur en classes préparatoires
- S. Prigent 2011-14 MENRT 70% co-encadrement - Chercheur INRAE
- S. Videla 2011-14 ANR Biotempo 50% co-encadrement - Ingénieur R&D
- A. Aravena 2010-13 financement Chili 50% co-encadrement - Enseignant-chercheur en Turquie
- O. Abdou-Arbi 2010-13 MENRT 50% co-encadrement - Enseignant-chercheur. Niger
- C. Guziolowski 2006-09 Financement MAE 100% encadrement - Maitresse de conférence
- P. Blavy 2006-09 50% co-encadrement - Ingénieur de recherche, INRAE
- P. Veber 2004-07 50% co-encadrement - Ingénieur de Recherche. CNRS

Ingénieurs

- Noé Robert (2023-2025, Projet BeCycle) - A. Mataigne (2022- 2025, Projet Deep Impact) - P. Hamon-Giraud (2022-2024, Projet Seabioz) - Yael Tirlet (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).

ENSEIGNEMENT

Enseignement

- **Master de bioinformatique** (Rennes). 20h/an entre 2008 et 2011 et entre 2014 et 2023
- **Ecoles de recherche** : 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

- **Bande dessinée « Les décodeuses du numérique »** CNRS éditions (versions française et anglaise) & **Matériel pédagogique** (livret accompagnement, posters, vidéos).
- **Collèges et lycées** : Rencontre Jeunes Mathématiciennes et Informaticiennes (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, plan de formation académique, Rennes) (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 (Episode 9 Vrai ou faux, le numérique c'est pour les garçons, 2023). Portrait de femmes engagées (Ministère Education nationale 2024).

Media, Table-ronde, Interventions. Journées parité mathématique (2024). Actions concrètes@CNRS (2024). Parlons égalité, CNRS (2023). Sorbonne université (2022). Webinaire of l'ambassade d'Australie (2022). Women in AI (2022). Article et podcast d'ONU Info, (2022). 20 ans MPDF (2022). Salon Educatice-Educatec (2021). Émission « Autour de la question » de Radio France International (2021). Semaine égalité Rennes (2021).

SERVICE A LA COMMUNAUTE ET LEADERSHIP SCIENTIFIQUE

Comités de direction institutionnels.

- 09/2021- 09/2025 **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, CPJ, IR, IE… CNRS, Inria, Inrae, Universités)
- **Membre ou présidente de 35 jurys de thèses et de 10 jurys d'habilitation à diriger des recherche**.
- **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) - 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.** BeCycle (Grand défi Ferment du futur, 250k€, 2022-25). Deep Impact (PPR Cultiver & protéger autrement", 3M€, 2021-27). SeaBioz (ANR bioéconomie, 750K€, 2021-25).

Responsabilité de commissions et projets parité-égalité

- Membre du comité-parité du CNRS (2024-..)
- Co-supervision du projet "Les décodeuses du numérique" (2021). *Médaille médiation scientifique 2022.*
- Coordinatrice de la cellule parité-égalité, CNRS Sciences informatiques (INS2I), depuis 2019. (Livret des (440) actions parité des 40 laboratoires de sciences informatique rattachés au CNRS).
- 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.

LISTE DE PUBLICATIONS

Edition et direction d'ouvrages

E1 Encyclopédie SCIENCES, domaine : informatique, thème : bio-informatique. Sous la responsabilité de Anne Siegel et Hélène Touzet.

E2 Léa Castor, Célia Esnoult, Laure Thiébault (2021) *Les décodeuses du numérique*. Sous la direction de Ali Charara, Olivier Serre, et Anne Siegel. CNRS Editions, 2021.

E3. 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.

E4. Journées Montoises d'Informatique Théorique 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. Berthé, S. Ferenczi, C. Mauduit and A. Siegel, editors.

Revues internationales à comité de lecture

J1. Matthieu Bouguéon, Vincent Legagneux, Octave Hazard, Jérémy Bomo, Anne Siegel, Jérôme Feret, Nathalie Théret (2024) *A rule-based multiscale model of hepatic stellate cell plasticity : critical role of the inactivation loop in fibrosis progression* PLOS COMPUtational Biology

J2. Matthieu Bougueon, Vincent Legagneux, Octave Hazard, Jérémy Bomo, Anne Siegel, Jérôme Féret, Nathalie Theret (2024) *OS-102 A rule-based multiscale model of hepatic stellate cell plasticity : critical role of the inactivation loop in fibrosis progression* JOURnal of HEPatology

J3. 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

J4. Maëlle 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

J5. Arnaud Belcour, Jeanne Got, Méziane Aite, Ludovic Delage, Jonas Collén, Clémence 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)*

J6. Ibrahim Fakih, 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

J7. Hetty Kleinjan, Clémence Frioux, Gianmaria Califano, Méziane 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.

J8. Milka Popova, Ibrahim Fakih, Evelyne Forano, Anne Siegel, Rafael Muñoz-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

J9. Kerian Thuillier, Caroline Baroukh, Alexander Bockmayr, Ludovic Cottret, Loïc Paulevé, and Anne Siegel (2022). *MERRIN : MEtabolic Regulation Rule INference from time series data.* BIOINFORMATICS (proceeding of ECCB 2022 - European Conference on Computational Biology)

J10. 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)

J11. Pierre Vignet, Jean Coquet, Sébastien Aubert, Matéo Boudet, Anne Siegel, and Nathalie Théret (2022) *Discrete modeling for integration and analysis of large-scale signaling networks.* PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY,

J12. 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

J13. 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

J14. 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

J15. 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

J16. François Moreews, Hugo Simon, Anne Siegel, Florence Gondret, Emmanuelle Becker. (2021) *PAX2GRAPHML : a Python library for large-scale regulation network analysis using BIOPAX*. BIOINFORMATICS

J17. 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.

J18. 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

J19. 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

J20. 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

J21. 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

J22. 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

J23. 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

J24. 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

J25. 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

J26. M. Wery, O. Dameron, J. Nicolas, E. Remy, A. Siegel. (2019) *Formalizing and Enriching Phenotype Signatures using Boolean Networks*. JOURNAL OF THEORETICAL BIOLOGY

J27. 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

J28. C. Frioux, T. Schaub, S. Schellhorn, A. Siegel, P. Wanko (2018). *Hybrid Metabolic Network Completion*. THEORY AND PRACTICE OF LOGIC PROGRAMMING

J29. S. Gay, J. Bugeon, A. Bouchareb, L. Henry, C. Delahaye, et al.. (2018) *MiR-202 controls female fecundity by regulating medaka oogenesis.* PLOS GENETICS

J30. Frioux C., Trottier C., Fremy E., Siegel A (2018) *Scalable and exhaustive screening of metabolic functions carried out by microbial consortia*. BioinfoRMatics

J31. 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

J32. 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.

J33. 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.

J34. 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

J35. 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.

J36. 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.

J37. 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.

J38. 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

J39. F. Gondret, A. Vincent, M. Houé-Bigot, A. Siegel, S. Lagarrigue, D. Causeur, H. Gilbert, I. Louveau (2017) *A trans- criptome multi-tissue analysis identifies biological pathways and genes associated with variations in feed efficiency of growing pigs* BMC GEnoMics

J40. 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 DEVE-loPMENt.

J41. 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.

J42. 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

J43. F. Gondret, A. Vincent, M. Houée-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

J44. 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.

J45. 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.

J46. 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

J47. Valérie Berthé, Jérémie Bourdon, Anne Siegel, Timo Jolivet (2015) *A combinatorial approach to produts of Pisot substitutions*. ERgodic THEoRy and dynaMical systEMS.

J48. 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

J49. 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.

J50. 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 ectocarpi" Ec32, a new candidate genus of Alphaproteobacteria frequently associated with brown algae*, FRontiERS in GEnEtics, section Systems Biology.

J51. 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

J52. 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

J53. 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.

J54. 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".

J55. 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.

J56. 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.

J57. V. Berthé, T. Jolivet, A. Siegel (2012). *Substitutive Arnoux-rauzy sequences have pure discrete spectrum* UniforM DistRiBUtion THEORY 7(1).

J58. J. Bourdon, D. Eveillard, A. Siegel (2011). *Integrating Quantitative Knowledge Into a Qualitative Gene Regulatory Network*. PLOS COMPUtational Biology, 7(9) e1002157.

J59. V. Berthé, A. Siegel, W. Steiner, P. Surer, J. Thuswaldner (2011). *Fractal tiles associated with shift radix systems* AdVancES in MatHEMatics.

J60. 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).

J61. 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.

J62. 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

J63. 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).

J64. 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

J65. B. Adamczewski, C. Frougny, A. Siegel, W. Steiner (2010). *Rational numbers with purely periodic β-expansion*, BULlEtin London MatHEMatical SociEty, 42 (3) 538-552.

J66. A. Siegel and J. Thuswaldner (2009). *Topological properties of Rauzy fractals*, MEMoiRES DE La SMF 118.144 pages.

J67. 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.

J68. C. Guziolowski, A. Bourdé, F. Moreews and A. Siegel (2009). *Bioquali Cytoscape Plugin : Analysing the global consis- tency of regulatory networks*, BMC GEnoMics, 10 :244.

J69. 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.

J70. 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.

J71. V. Berthé and A. Siegel (2007). *Purely Periodic beta-Expansions in the Pisot Non-unit Case* JoURnal of NUMBER THEORY 153 (2) 153-172.

J72. 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.

J73. 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

J74. 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.

J75. 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.

J76. V. Berthé and A. Siegel (2005). *Tilings associated with beta-numeration and substitutions*, IntEgERS : ELEctRonic joURnal of coMBinatoRial nUMBER tHEoRy, 5(3), pp. A2.

J77. P. Veber, M. Le Borgne, A. Siegel, S. Lagarrique, O. Radulescu (2005). *Complex Qualitative Models in Biology : a new approach* COMPLEXUS 2, pp. 140-151.

J78. A. Siegel (2004). *Pure discrete spectrum dynamical system and periodic tiling associated with a substitution*. AnnalES dE L'InstitUt FoURiER 2(54) 288-299.

J79. P. Arnoux, V. Berthé and A. Siegel (2004). *Two-dimensional iterated morphisms and discrete planes*. THEORETical COMPUtER SciEncE, 319, 2004, p. 145–176.

J80. A. Siegel (2003). *Représentation des systèmes dynamiques substitutifs non unimodulaires*. ERgodic THEORY and DynaMical SystEMS, 23, 1247-1273

J81. V. Canterini and A. Siegel (2001). *Geometric Representation of primitive substitution of Pisot type*. TRansactions of tHE AMS, 353(12), 5121–5144.

J82. V. Canterini and A. Siegel (2001). *Automate des préfixes-suffixes associé à une substitution primitive*. JoURnal dE tHEoRiE DES nOMBRES DE BORDEaUx, 13(2), 353–369.

J83. A. Siegel. *Théorème des trois longueurs et suites sturmiennes : mots d'agencement des longueurs* (2001). Acta ARitH- MEtica, 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 (Inter- national 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 Predic- tion (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 BioinfoR-Matics 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. Guzioloswski, 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 IndUStRil 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. Lagarrique, 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.

Chapitres dans des ouvrages

B1. C. Frioux et A. Siegel (2022). *Problèmes d'optimisation combinatoire pour l'étude du métabolisme*. Approches symboliques de la modélisation et de l'analyse des systèmes biologiques. C. Lhoussaine and E. Remy (ed.). ISTE group.

B2. 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

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. Berthé, 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. 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).

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).