Visite ENS Cachan

LIRMM - Montpellier - 5 décembre 2011

9h00: Accueil café au LIRMM
9h15: Présentation du département informatique par Violaine Prince (directrice du département)

Sessions parallèles d'exposés

	Salle de séminaire	Salle E.3.23
10h00:	**Benjamin Lévèque** (ALGCO) Représentations de graphe par contact de triangles et dualité	**Eric Rivals** (MAB) De la génomique à la médecine personnalisée : le rôle de la bioinformatique
10h30:	**Emanuel Jeandel** (ESCAPE) Pavages quasipériodiques	**Mathieu Roche** (Texte) Traitement Automatique du Langage et Fouille de Textes
11h00:	**Vincent Boudet** (Maore) Réseau de capteurs : il en faut pour tous les gouts	**Dino Ienco** (Tatoo) Méthode automatique de construction de hiérarchies contextuelles
11h30:	**Laurent Imbert** (ARITH) Cryptographie basée sur les groupes : principes et enjeux	**Michaël Thomazo** (GraphiK) Interrogation de bases de connaissances avec des règles existentielles
12h00:	**Matthieu Martel** (DALI) Génération de code rapide et certifié pour évaluer un polynôme	

12h30 Repas à la cafétriat du LIRMM

14h30: Ateliers - Démos - Discussions - Rencontre avec des chercheurs (par session de 45 minutes)

ZENITH - démos
P2Prec: a social-based P2P recommendation system (F. Draidi, E. Pacitti, D. Parigot, G. Verger)
WebSmatch: a Web Metadata Integration Platform (R. Colleta, E.Castanier, Z. Bellahsene, P. Valduriez)
COCONUT (F. Koriche) Atelier Apprentissage en ligne
MAB (A. Chateau, F. Pardi, A. Mancheron)
The reconstruction of evolution via distances between DNA sequences (Fabio Pardi)
ALGCO (E. Gioan, C. Paul)
ROBOTIQUE Visite de la Halle robotique et démos (P. Fraisse)

Résumés des exposés

Benjamin Lévèque (ALGCO) "*Représentations de graphe par contact de triangles et dualité* "

Une représentation par contact de triangles d'un graphe est un ensemble de triangles dans le plan tel que deux triangles s'intersectent en au plus un point, chaque triangle représente un sommet du graphe et deux triangles s'intersectent si et seulement si leur sommet correspondant sont adjacent. de Fraysseix, Ossona de Mendez et Rosenstiehl ont montré que tout graphe planaire admet une représentation par contact de triangles. Nous renforçons ce résultat par une représentation simultanée d'un graphe planaire et de son dual par contact de triangles.

Emmanuel Jeandel (ESCAPE) "*Pavages quasipériodiques*"

On présentera le modèle géométrique des pavages et on expliquera en quoi il est prépondérant en informatique fondamentale. En particulier, on essaiera dans le temps imparti de construire dans le temps imparti un jeu de tuiles pavant le plan uniquement de faon apériodique. Pour les amateurs de géométrie discrète et de modèles de calcul.
Note: La conférence de rentrée que vous avez eu sur un thème proche n'est ni requise ni négligée.

Vincent Boudet (Maore) "*Réseau de capteurs : il en faut pour tous les goûts*"

Dans cet exposé, nous partirons à la découverte des capteurs et de leur mise en réseaux. A partir d'une modélisation simple et de problèmes concrets, nous verrons que la recherche dans cette thématique peut plaire à tous et que tous outils envisageables sont utiles : simulation numérique, théorie des graphes, algorithmique distribuée, complexité...

Laurent Imbert (ARITH) "*Cryptographie basée sur les groupes : principes et enjeux*"

L'idée de cryptographie asymétrique, aussi appelée cryptographie à clé publique, a été proposée en 1976 par Diffie et Hellman. L'exemple de plus connu de réalisation pratique est sans aucun doute le célèbre algorithme RSA, dont la sécurité repose sur la difficulté de calculer les facteurs d'un nombre entier suffisamment grand. Mais RSA n'est pas le seul exemple de protocole asymétrique. Qu'il s'agisse de chiffrement, de signature numérique ou d'échange de clé, de nombreux algorithmes reposent sur la difficulté d'inverser certaines fonctions dans un groupe fini. On parle alors de cryptographie basée sur les groupes. Dans cet exposé, je présenterai les principes de base de ce type de cryptographie en mettant en avant quelques choix classiques de groupes et les niveaux de sécurité qu'ils procurent en fonction des meilleures attaques connues.

Matthieu Martel (DALI) "*Génération de code rapide et certifié pour évaluer un polynme*"

Certains processeurs utilisés dans l'embarqué ne disposent pas de matériel dédié aux calculs sur les nombres flottants. Ainsi, afin de faire tourner du code utilisant des valeurs de type flottant sur ces processeurs, il est nécessaire de fournir une bibliothèque émulant l'arithmétique flottante au niveau logiciel.

L'implantation d'opérateurs flottants comme la racine carré ou les fonctions trigonométriques repose souvent sur l'évaluation d'un polynme. L'objectif est alors de réaliser cette évaluation le plus rapidement possible, en exploitant au maximum le parallelisme offert par le processeur. De plus, pour être compatible avec le standard IEEE 754-2008 sur l'arithmétique flottante qui recommande de fournir un résultat correctement arrondi, il faut s'assurer que les erreurs qui apparaissent aux fils des opérations soient suffisamment petites.

Pour commencer, je parlerai des architectures de type VLIW, ainsi que des arithmétiques flottante et virgule fixe, afin d'introduire les problématiques soulevées par le développement d'une bibliothèque de support de l'arithmétique flottante pour ces architectures. Ensuite, je me concentrerai sur le problème de l'évaluation rapide et précise d'un polynme et j'expliquerai comment modéliser les différentes faon d'évaluer un polynme à l'aide des schémas d'évaluations. Enfin, je présenterai l'outil CGPE (Code Generation for Polynomial Evaluation) que nous avons développé et qui permet de générer de faon heuristique des schémas

d'évaluations rapides et suffisamment précis pour évaluer un polynme d'approximation sur une architecture de type VLIW.

Mathieu Roche (Texte) "*Traitement Automatique du Langage (TAL) et Fouille de Textes*"

Afin d'acquérir des connaissances à partir de données textuelles, un processus fondé sur des méthodes de TAL et de fouille de textes est mis en oeuvre dans l'équipe TEXTE. Nos approches sont souvent tranverses à plusieurs disciplines telles que l'Intelligence Artificielle, les Mathématiques/Statistiques, les Sciences Cognitives. Ceci permet d'aboutir à plusieurs types d'applications. Ainsi, deux logiciels produits par l'équipe TEXTE seront présentés : JeuxdeMots qui a pour but d'acquérir des informations lexicales et POSTIT qui s'intéresse au titrage automatique de documents.

Eric Rivals (MAB) "*De la génomique à la médecine personnalisée : le rôle de la bioinformatique.*

Suite à une révolution technologique récente, la génomique sonde par le séquenage aussi bien l'héritage génétique de l'individu que les molécules actives, produits de ses gènes, dans ses organes. Les progrès permettent d'atteindre une profondeur sans précédent et d'échantillonner quasiment tous les ARN présents, ARN qui informent sur le fonctionnement de la cellule et ses réactions. La médecine personnalisée vise à utiliser ces données moléculaires individuelles pour affiner le diagnostic, adapter les traitements, suivre et interpréter l'évolution du patient. Passer d'une masse faramineuse de courtes séquences de symboles à des prédictions moléculaires et fonctionnelles repose fortement sur la bioinformatique. Je montrerai à partir d'un exemple de traitement, à quels défis est confrontée la bioinformatique, notamment le besoin de passage à l'échelle des algorithmes.

Dino Ienco (Tatoo) "*Méthode automatique de construction de hiérarchies contextuelles*"

Dans de nombreux domaines (e.g., fouille de données, entrepts de données), l'existence de hiérarchies sur certains attributs peut être extrêmement utile dans le processus analytique. Toutefois, cette connaissance n'est pas toujours disponible ou adaptée. Il est alors nécessaire de disposer d'un processus de découverte automatique pour palier ce problème. Dans cet exposé, nous montrons comment combiner et adapter des techniques issues de la théorie de l'information et du clustering pour proposer une technique orientée données de construction automatique de taxonomies. Les deux principaux avantages d'une telle approche sont son caractère totalement non-supervisé (i.e., aucune connaissance a priori n'est nécessaire) et l'absence de paramètre utilisateur à spécifier. Nous montrons également l'importance d'une telle approche dans des domaines aussi variés que l'extraction de séquences fréquentes multidimensionnelles et multi-niveaux, la construction de résumés de tables relationnelles ainsi que la préservation de la vie privée (k-anonymity).

Michal Thomazo (GraphiK) "*Interrogation de bases de connaissances avec des règles existentielles*"

On s'intéresse à des règles positives en logique du premier ordre, qui sont très simples syntaxiquement (de la forme "si ¡conjonction d'atomes¿ alors ¡conjonction d'atomes¿") mais très expressives. En effet, ces règles permettent de créer de nouveaux individus (par exemple : "tout humain a un parent qui est un humain"). Ces règles peuvent également être vues sous forme de graphe. Etant bien adaptées à la représentation de connaissances dans des domaines ouverts (c'est-à-dire dont on ne connat pas tous les individus), elles sont actuellement très étudiées, notamment dans le cadre de l'interrogation de bases de connaissances (voir également le problème appelé Ontology-Based Data Access). Cependant, elles rendent le problème d'interrogation indécidable. Nous présenterons différents critères de décidabilité et les mécanismes de raisonnement associés et terminerons par quelques questions ouvertes pouvant faire l'objet d'un stage de L3.