

Journée MesoChallenge 2016
13 octobre 2016 – Institut Henri Poincaré – Paris

9h Ouverture – Présentation de SIMSEO

9h15 Session 1 : Mécanique des fluides

- Université Aix-Marseille : *Simulations numériques de mécanique des fluides géophysiques en géométries complexes* - Benjamin Favier, Simon Cabanes, Alexandre Grannan, Jonathan Aurnou et Michael Le Bars
- Université de Reims Champagne Ardennes : *Simulation d'écoulements aérodynamiques instationnaires autour de profils d'ailes : comment approcher 100% d'efficacité sur 100 noeuds* - Jean-Matthieu Etancelin / Jean-Marie Le Gouez (Onera)
- Université du Havre: *Simulation de sillage de turbines (hydroliennes, éoliennes) en interaction* – G. Pinon, C. Carlier, C. Choma-Bex
- Université Claude Bernard Lyon I – ENSAM : *Space-time dynamics of optimal wavepackets for streaks in a channel entrance flow* Frédéric Alizard

10h55 Pause café

11h25 Session 2 : Physique

- Maison de la Simulation : *Optimisation du code Metalwalls* – Matthieu Haefele
- Paris Sciences et Lettres : *Simulations ab initio pour la modélisation planétaire et exoplanétaire* – Stéphane Mazevet

12h15 Déjeuner

13h30 Session 3 : Nouvelles applications en sciences humaines et sociales et économie

- Présentation par la TGIR HumaNum – TBA – Joël Marchand
- Université de Strasbourg : *Utilisation des méso-centres par la faculté des Sciences Historiques de Strasbourg : état des lieux et perspectives*– Loup Bernard
- **Pause (10 mn)**
- Université de Franche-Comté : *Le calcul haute performance en Java : 3 exemples d'utilisation en SHS* - Gilles Vuidel
- PRES Université de Toulouse : *Apprentissage et calcul haute performance pour l'optimisation interactive : Applications à l'optimisation de fermes d'éolienne* - Sylvain Cussat-Blanc

15h40 Pause Café

16h10 Session 4 : Sciences de la vie et de l'environnement

- Université Grenoble Alpes - CNRS : *Formes structurales et moléculaires du mercure dans le milieu naturel, nos aliments et nos cheveux* - Alain Manceau, Pierre Girard
- ENS Lyon : *Distributed biomolecular computing on a GPU-accelerated cluster: a power-full tool for watching proteins to at work* – Martin Spichy

17h00 Fin de la journée