1er Symposium de Génomique Fonctionnelle

4 & 5 avril 2018 - Auditorium, bât. 52 – site CEA Fontenay aux Roses

Programme provisoire. Une version définitive sera communiquée ultérieurement.

4 avril

13h30 Accueil des participants

14h00 Ouverture par François Sigaux (10 min)

14h10 Rappel des objectifs de ce premier symposium par Jean-François Deleuze (15min)

Session 1. Régulation de l'expression des gènes

14h25 *Présentation de la session par le chairman*

14h30 Julie Soutourina : Régulation transcriptionnelle et réparation de l'ADN (I2BC)

14h50 Catherine Ory : Identification de signatures moléculaires des tumeurs radio-induites de la thyroïde (IRCM/LCE)

15h10 Daniel Gautheret : Analyse large-scale de données RNAseq (I2BC)

15h30 Olivier Namy : Régulation traductionnelle, analyse par Ribo-seq (I2BC)

15h50 *Table ronde, animée par le chairman*

16h10 *Pause (20')*

Session 2. Epigénome et Organisation de la chromatine

16h30 *Présentation de la session par le chairman*

16h35 Federica Ferri : Rôle du co-represseur transcriptionnel TRIM33 dans l'organisation de la chromatine (IRCM/LRTS)

16h55 Stéphane Marcand : Dynamique et résolution des chromosomes dicentriques (IRCM)

17h15 Matthieu Gérard : Dynamique et remodelage de la chromatine (I2BC_SBIGEM)

17h35 Daan Noordermeer : Organisation 3D de la chromatine (I2BC)

17h55 *Table ronde, animée par le chairman*

Fin -18h15

Visite Zoe (à confirmer)

19h00 Cocktail & Dîner – bât Zoé

5 avril

8h30 Accueil des participants

Session 3. Approches cellules et molécules uniques

9h00 *Présentation de la session par le chairman*

9h05 Olivier Lambotte : Etude des populations cellulaires impliquées dans les infections virales chroniques par tri cellulaire (IDMIT)

9h25 Pascal Barbry: Approches single cell (UPMC, FG)

9h45 Jean-Marc Aury : Pipelines bio-informatiques pour l'analyse des molécules uniques d'ADN (Genoscope)

10h05 *Table ronde, animée par le chairman*

10h25 Pause (20')

Session 4. Manipulations du génome et perturbation de réseaux

10h45 *Présentation de la session par le chairman*

10h50 Marie-Odile Fauvarque : Criblage de chimiothèques (BIG)

11h10 Claude Gazin : Cribles fonctionnels par CRISPR/Cas9 ou par criblage de banque RNAi (CNRGH)

11h30 Guillaume Pinna : Plateforme PARi : Cribles fonctionnels perte ou gain de fonction à grande échelle (I2BC-SBIGEM)

11h50 Françoise Pflumio : Etudes fonctionnelles sur des patients atteints de leucémie lymphoblastique aigüe à cellules T. (IRCM-LSHL)

12h10 Carole Escartin (MiRCEN) : titre à venir

12h30 *Table ronde, animée par le chairman*

12h50 Déjeuner

Session 5. Intégration des données multi-omics

14h15 *Présentation de la session par le chairman*

14h20 Raphaël Guérois : Criblage à grande échelle de banques de mutants ponctuels avec la technologie CHIPSET (I2BC-DMTS)

14h40 Virginie Brun : Présentation de la plateforme de protéomique

15h00 Christophe Junot : Présentation de la plateforme Métabolome-IDF (SPI)

15h20 Présentation à confirmer

15h40 *Table ronde, animée par le chairman*

16h00 Conclusions du symposium (10')

Fin du symposium