

## **1<sup>er</sup> Symposium de Génomique Fonctionnelle**

**4 & 5 avril 2018 - Auditorium, site CEA de Fontenay aux Roses**

### **Programme**

#### **Mercredi 4 avril**

13h30 Accueil des participants

14h00 Ouverture par Jean-François Deleuze, CNRGH : objectifs du symposium

#### **Session 1. Régulation de l'expression des gènes**

14h25 Présentation de la session par le chairman : Carl Mann, I2BC

14h30 Identification de signatures moléculaires des tumeurs radio-induites de la thyroïde  
Catherine Ory, IRCM

14h50 Analyse transcriptomique des cellules neuroinflammatoires dans les maladies  
neurodégénératives - Carole Escartin, MIRCent

15h10 Vers une analyse sans hypothèse de très grands jeux de données RNA-seq en cancérologie  
Daniel Gautheret, I2BC

15h30 Ribosome profiling : une approche globale à la résolution du nucléotide pour étudier la  
traduction - Olivier Namy, 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 : Sophie Chantalat, CNRGH

16h35 Le complexe médiateur dans la régulation transcriptionnelle et la réparation de l'ADN  
Julie Soutourina, I2BC

16h55 Rôle du co-represseur transcriptionnel TRIM33 dans l'organisation de la chromatine  
Federica Ferri, IRCM

17h15 Comment des altérations discrètes de l'épigénome conduisent à des pathologies sévères chez  
l'Homme - Matthieu Gérard, I2BC

17h35 Chromosome conformation capture approaches to study 3D chromatin organization of  
imprinted genes - Daan Noordermeer, I2BC

17h55 Table ronde animée par le chairman

18h15 Clôture de la première journée

**18h30 Cocktail & découverte de la muséographie du bâtiment Zoé**

**19h15 Dîner, bâtiment Zoé**

## Jeudi 5 avril

8h30 - Accueil des participants

### Session 3. Approches cellules et molécules uniques

9h00 Présentation de la session par le chairman : Pascal Barbry, UMR7275 CNRS/UNS

9h05 Etude des populations cellulaires impliquées dans les infections virales chroniques par tri cellulaire - Olivier Lambotte, IDMIT

9h25 Un apport des approches "cellule unique" à la description des voies aériennes normales et pathologiques - Pascal Barbry, UMR7275 CNRS/UNS

9h45 Etudes de la diversité cellulaire par single-cell RNAseq; une proposition de workflow pour FAR Jan Baijer, IRCM

10h05 Le séquençage « longues lectures » (Oxford Nanopore) et ses applications au Genoscope Jean -Marc Aury, Genoscope

10h25 Table ronde animée par le chairman

10h45 Pause (20')

### Session 4. Intégration des données multi-omics

11h05 Présentation de la session par le chairman : Jean-François Deleuze, CNRGH

11h10 Criblage à grande échelle des interactions entre mutants de protéines Raphaël Guérois, I2BC

11h30 Analyse protéomique et ses interfaces en génomique fonctionnelle Virginie Brun, BIG

11h50 Analyse métabolomique, applications biomédicales et intégration de données Christophe Junot, SPI

12h10 Table ronde animée par le chairman

12h30 Déjeuner

### Session 5. Manipulations du génome et perturbation de réseaux

14h00 Présentation de la session par le chairman : Xavier Gidrol, BGE-U1038

14h05 Criblage de petites molécules pour décrypter la dynamique cellulaire: inhibition de la protéase spécifique d'ubiquitine USP8 dans l'endocytose - Marie-Odile Fauvarque, BIG

14h25 Dynamique et résolution des chromosomes dicentriques - Stéphane Marcand, IRCM

14h45 Cribles fonctionnels par CRISPR/Cas9 ou par criblage de banque RNAi Claude Gazin, CNRGH

15h05 Génomique fonctionnelle par ARN interférence à haut débit - Guillaume Pinna, I2BC

15h25 Etudes fonctionnelles sur des patients atteints de leucémie lymphoblastique aigüe à cellules T. - Françoise Pflumio, IRCM

15h45 Exploration fonctionnelle des génomes sur organoïdes - Xavier Gidrol, BGE-U1038

16h05 Table ronde animée par le chairman

16h25 Conclusions du symposium

**16h35 Fin du symposium**