



ASSEMBLEE GENERALE

19 et 20 Juin 2023

MAS
10-18 Rue des Terres au Curé
75013 Paris



Programme

Lundi 19 Juin 2023

10:00 - 12:00 **Session management PFs noyau (avec les Managers des PFs du noyau)** - Patrick Wincker et Denis Milan

12:00 - 13:00 **Session management PFs noyau et associés (avec tous les managers des PFs du réseau France Génomique)** - Patrick Wincker et Denis Milan

13:00 - 14:00 *Déjeuner (seulement pour les managers ayant participé aux réunions du matin)*

13:30 - 14:00 **Accueil**

14:00 - 15:00 **France Génomique** – Patrick Wincker et Denis Milan

15:00 - 15:45 **Point développement des PFs 1/3** (5 min/PF, questions à la fin pour les intervenants)

-**LIGAN** : L'accréditation ISO15189 de LIGAN, Amélie Bonnefond

-**GenomiqueENS** : Single cell transcriptomique avec Nanopore à GenomiqueENS - Morgane Thomas-Chollier

-**ICGex** : Mise en place du séquençage d'isoformes en transcriptomique single cell avec le protocole MAS-seq de PacBio, Sylvain Baulande

-**TGML** : Séquençage sur noyaux uniques : méthodes de multiplexage, Charlyne Gard

-**UCAGenomiX** : Transcriptomique Spatiale avec Vizgen, Marie Couralet

-**GenoA** : ATAC-seq et compréhension du rôle de régions non-codantes dans les pathologies, Julien Barc

15:45 - 16:15 *Pause-café*

16:15 - 17:00 **Point développement des PFs 2/3** (5 min/PF, questions à la fin pour les intervenants)

-**Biomics** : Soutien à la création de plateforme NGS dans le réseau de l'institut Pasteur, Marc Monot

-**MGX** : Retour sur l'utilisation du robot SPT Labtech Mosquito, Hugues Parrinello

-**GenomEast** : Retour d'expérience sur le DNBSEQ G400 de MGI, Christelle Thibault-Carpentier

-**Gentyane** : Premiers résultats de l'utilisation du Revio PacBio, Véronique Gautier

-**Genoscope** : MetaBarcoding Long Read sur ONT, Caroline Menguy

-**GeT-PlaGe** : Le développement du « low pass sequencing » en short reads avec automatisation, Cécile Donnadieu

17:00 - 17:30 **Retour d'expérience du transfert de savoir-faire**

-Gentyane au Genoscope, Vincent Pailler et Corinne Cruaud

-Genom'IC chez Biomics, Franck Letourneur et Marc Monot

17:30 - 18:15 **Session Transcriptomique**

- Characterization of EWSR1-FLI1-induced neotranscripts in Ewing Sarcoma using long-read sequencing technologies, Jill Pilet, *Institut Curie*

-Optimisation des approches RNA-seq avec la nouvelle chimie Nanopore, Corinne Blugeon, **GenomiqueENS**

-Epitranscriptomics: detection of modifications by Nanopore direct RNA sequencing, Rania Ouazahrou, **PSI2BC**

19:00 - 20:00 **Enregistrement à l'hôtel**

20:00 - 22:00 **Dîner convivial** Le Libertalia N°6 Quai Jean Compagnon, 94200 Ivry-sur-Seine

Mardi 20 Juin 2023

08:30 - 09:00 **Accueil**

09:00 - 09:45 **Point développement des PFs 3/3** (5 min/PF, questions à la fin pour les intervenants)

- PSI2BC** : Updates on the detection of modifications by direct RNA sequencing (ONT)
- Genom'IC** : single cell Gene Expression Flex de 10X, Franck Letourneur
- CNRGH - CRefIX** : Protocoles WGS PCR Free pour échantillons FFPE, Violette Turon
- Go@I** : Séquençage de souches de SARS-CoV2, identification des iSNV, David Hot
- EPGV** : Nanopore Adaptive Sampling, Damien Hinsinger
- PGTB** : Stratégie de multiplexage Unique Dual Index pour le métabarcoding et GBS, Olivier Lepais

09:45 - 10:15 **Session Régulome** (10min+5min/intervenant)

- Cut & Tag/Run : les alternatives au CHIP-seq en plein essor », Stéphanie Le Gras, **GenomEast**
- Mise en place du MicroC pour une identification plus efficace des interactions physiques entre éléments régulateurs du génome, Sophie Chantalat, **CNRGH**

10:15 - 10:30 **Posters technologiques : présentation « flash »** (1min, 1 slide/poster)

10:30 - 11:30 **Pause-café - Session Poster**

11:30 - 12:45 **Session Technologie** (10min+5min/intervenant)

- Retour d'expérience service GBS AgriSeq Gentyane, Charles Poncet, **Gentyane**
- Identification d'altération du nombre de copies (CNA) par la méthode DRAK-seq, Laurent Journot, **MGX**
- Développement Nanopore à Biomics, adaptive sampling, Chloé Baum, **Biomics**
- Evaluation du kit de ribodéplétion Illumina Ribo Zero Plus Microbiome, Caroline Menguy, **Genoscope**
- Comparaison MGI / Illumina, Claire Kuchly et Damien Hinsinger, **GeT-PlaGe** et **EPGV**

12:45 - 14:15 **Déjeuner - Session poster**

14:15 - 14:35 **Grands projets**

- ATLASEa, Jean-Marc Aury, **Genoscope**

14:35 - 15:50 **Session Bioinformatique** (10min+5min/intervenant)

- Démultiplexage des données Single-Cell à partir des SNPs, Marie Couralet, **UCAGenomiX**
- Annotation de gènes à partir de données RNA-seq Nanopore (applications sur des organismes variés, en bulk et en single-cell), Sophie Lemoine, **GenomiqueENS**
- Diving into Sequana, a set of Next Generation Sequencing pipelines, Thomas Cokelaer, **Biomics**
- Amélioration de l'assemblage du génome de *Bos taurus* grâce aux nouvelles technologies de séquençage, Claire Kuchly, **GeT PlaGe**
- 'DiffsegR', une méthode d'analyse d'expression différentielle basée sur la détection des points de rupture. Application à l'analyse de processing des ARN et de données RIP-seq, Etienne Delannoy, **POPS**

15:50 - 16:00 **Conclusions**
