



# **ASSEMBLEE GENERALE DE L'INBS FRANCE GENOMIQUE**

**5 et 6 Juin 2025**  
**Maison des Associations**  
**10 rue des terres au curé**  
**75013 Paris**



**FRANCE  
GENOMIQUE**

## Programme

### Jeudi 05 Juin 2025

<b>09:30</b>	Accueil café
<b>10:00 - 12:00</b>	<b>Session management PFs noyau</b> (avec les Managers des PFs du noyau) - Denis Milan, Aude Perdereau et Patrick Wincker
<b>12:00 - 13:00</b>	<b>Session management PFs noyau et associés</b> (avec tous les managers des PFs du réseau France Génomique) - Denis Milan, Aude Perdereau et Patrick Wincker
<b>13:30 - 14:00</b>	<b>Accueil</b> - Auditorium MAS
<b>14:00 - 15:00</b>	<b>France Génomique</b> – Denis Milan, Aude Perdereau et Patrick Wincker
<b>15:00 - 15:30</b>	Céline Hernandez, PSI2BC, “science ouverte et plans de gestion de données »
<b>15:30 - 16:00</b>	Morgane Thomas-Chollier, IFB-core/GenomiqueENS, “dernières avancées à l’IFB, projets génomiques et futur”
<b>16:00 - 16:15</b>	<b>Posters : présentation « flash »</b> (1 min, 1 slide/poster)
<b>16:15 - 17:15</b>	Pause-café - <b>Session poster</b>
<b>17:15 - 18:30</b>	<b>Point développement des PFs</b> (15 min/PF questions incluses) <ul style="list-style-type: none"> <li>• Ligan, Bénédicte Toussaint, “Le riboséquencage sur la plateforme LIGAN”</li> <li>• MGX, “Point sur les développements de la plateforme”</li> <li>• ECOGENO, Philippe Vandenkoornhuyse, “R&amp;D à la plateforme ECOGENO”</li> <li>• GenomEast, Christelle Thibault-Carpentier “Retour d’expérience en transcriptomique spatiale : zoom sur la technologie GeoMx de Nanostring”</li> <li>• GeT-PlaGe, Camille Eche, “Applications NGS en cours et à venir sur GeT-PlaGe”</li> </ul>
<b>18:30</b>	Enregistrement à l'hôtel
<b>20:00 - 22:00</b>	Dîner convivial à l’Auberge Aveyronnaise, 40 Rue Gabriel Lamé, 75012 Paris

## Vendredi 06 Juin 2025

<b>08:30</b>	Accueil
<b>09:00 - 09:30</b>	<b>Grands projets</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>Genoscope, JM Aury, "grands projets Genoscope : ATLASea et projet européen BGE"</li> </ul>
<b>09:30 - 10:50</b>	<b>Session Régulome/Epigénétique/Variants rares</b> (20 min/intervenant) <ul style="list-style-type: none"> <li>Go@I, David Hot, "Etude du transcriptome primaire de Bordetella pertussis par 'differential RNA-seq' et caractérisation d'un petit ARN régulateur"</li> <li>PSI2BC, Delphine Naquin, "Detection of 6mA on HIV transcripts by Nanopore sequencing"</li> <li>Biomics, Rania Ouazahrou, "Detection of RNA modifications in rabies virus using Nanopore sequencing"</li> <li>CrefIX/CNRGH, Jules Lepont-Richez, "Approche par WES profond pour la détection de variants rares dans les maladies mosaïques"</li> </ul>
<b>10:50 - 11:20</b>	Pause-café
<b>11:20 - 12:40</b>	<b>Session single cell</b> (20 min/intervenant) <ul style="list-style-type: none"> <li>PSI2BC, Ngoc Chau Pham, Erwin Van Dijk, "BacDrop : High-throughput bacterial single-cell transcriptomics"</li> <li>invitées TGML, Sandrine Marquet, Loréna Quatreuille, "Transcriptomic profile characterization at the single-cell level to uncover regulatory mechanisms responsible for malaria outcomes"</li> <li>CUBIC/ICGex, Louisa Hadj, "Custom solutions for highly sensitive transcriptome analysis and DNA/chromatin profiling in single cells"</li> <li>GenomiqueENS, Ali Hamraoui, "Évaluation des outils d'analyse de données single-cell et spatiales en RNA-seq long-read"</li> </ul>
<b>12:40 - 14:00</b>	Déjeuner
<b>14:00 - 15:00</b>	<b>Session longues lectures</b> (20 min/intervenant) <ul style="list-style-type: none"> <li>GenomiqueENS, Sophie Lemoine, Tiphaine Marvillet, "Retour d'expérience transcriptomique Nanopore"</li> <li>Gentyane, Vincent Pailler, "séquençage Long Reads en Low Pass"</li> <li>CNRGH, Claire Jubin : "Retour d'utilisation des technologies de séquençage longue lecture au CNRGH dans des projets de maladies rares"</li> </ul>
<b>15:00 - 15:40</b>	<b>Session bioinformatique</b> (20 min/intervenant) <ul style="list-style-type: none"> <li>Genotoul Bioinfo, Martin Racoupeau, "graphes de pangénomes"</li> <li>POPS, Véronique Brunaud, "Retour sur des outils pour l'assemblage et la comparaison de transcriptomes de novo"</li> </ul>
<b>15:40</b>	Conclusions