	Séminaire 2009	page 1/2
	DETECTION, GESTION ET ANALYSE DU POLYMORPHISME NUCLEIQUE DES GENOMES VEGETAUX	11 - 12 - 13 mai 2009

Programme_MAJ du 04/05/2009

Lundi 11 Mai

13h15 Accueil

13h45 Ouverture du colloque

Dominique Brunel, GAP-INRA, Evry

Session I : Restitution programmes 2008 et Technologies

14h00 Projet VTP_vigne (20'+10')

Roberto Bacilieri, GAP-INRA, Montpellier

14h30 Identification de locus lié à la qualité du fruit par génétique d'association chez la tomate - projet VTP (20'+10')

Nicolas Ranc, GAP-INRA, Avignon

15h00 GoldenGate_cacao (20'+10')

Claire Lanaud, CIRAD, Montpellier

15h30-16h00 Café

16h00 SNPlex_truite (20'+10')

Francine Krieg, GA-INRA, Jouy en Josas

16h30 La technologie VeraCode (20'+10')

Cécile Donnadieu, GA-INRA, Toulouse

17h00 Analyse de séquences hétérozygotes (2*15'+10')

Alix Pernet, Mickael Mozar, GAP-INRA, Angers

17h30 - 18h00 Discussion

18h00 Apéritif

Mardi 12 Mai

Session I (suite)

9h00 Sélection génomique chez les bovins laitiers (20'+10')

Didier Boichard, GA-INRA, Jouy en Josas

9h30 DNA methylation analysis as a tool to bridge the phenotype gap (20'+10')

Jorg Tost, CEA-IG/CNG, Evry

10h00 Vers un protocole haut débit d'extraction d'ARN_ Pyroséquençage (20'+10')

Heather McKhann, GAP-INRA, Evry

10h30-10h45 Café


Session II : Nouveaux outils de re-séquençage

10h45 Les outils de re-séquençage_Introduction (10'+5')

Marie-Christine Le Paslier, GAP-INRA, Evry

11h00 GS-FLX et GA _retour d'expériences (20'+10')

Patrick Wincker, CEA-IG/Genoscope, Evry

	Séminaire 2009	page 2/2
	DETECTION, GESTION ET ANALYSE DU POLYMORPHISME NUCLEIQUE DES GENOMES VEGETAUX	11 - 12 - 13 mai 2009

Session III : Réduction de complexité génomique

11h30 Nimblegen_Sequence Capture : génome humain (20'+10')

Gábor Gyapay, CEA-IG/Genoscope Evry

12h00 - 12h15 Discussion

12h15-13h30 Repas

Session IV : Analyses des données de re-séquençage

13h30 Outils d'analyse Genome Analyser (20'+10')

Simon Heath, CEA-IG/CNG Evry

14h00 Outils d'analyse GS-FLX (20'+10')

François Artiguenave, CEA-IG/Genoscope Evry

14h30 PlantReSeq_retour d'expériences (20'+10')

Stéphane Schlub, GAP-INRA/CEA-IG/CNG Evry

15h00 - 15h30 Discussion

15h15- 15h30 Café

Session V : Autres applications

15h30 Analyses comparatives des nouvelles technologies de séquençages appliquées aux études transcriptomiques (20'+10')

Christopher Bauser, GATC Biotech

16h00 Le Métagénome humain (20'+10')

Eric Pelletier, CEA-IG/Genoscope Evry

16h30 - 17h30 Discussion

19h30- Diner

Mercredi 13 Mai

Session VI : Discussion utilisateurs plates-formes

Dominique Brunel et Charles Poncet, GAP-INRA

9h30-10h30 Les plates-formes GentYane (Clermont-Ferrand) et EPGV (Evry)

10h30 - 11h00 Café

11h00-12h30 Discussion - Perspectives

13h00 Fin du colloque