	Séminaire 2009	page 1/3
	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 Donnadiou, 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 2/3
	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

	Séminaire 2009	page 3/3
	DETECTION, GESTION ET ANALYSE DU POLYMORPHISME NUCLEIQUE DES GENOMES VEGETAUX	11 - 12 - 13 mai 2009

Documents annexes

[Next-Generation high throughput sequencing technologies](#)

Catherine Golstein et Michel Caboche

[RNeasy96 : extraction ARN](#)

Transmis par **Isabelle Meusnier**