



ASSEMBLEE GENERALE

18 et 19 Juin 2024

IBIS STYLES

52 BOULEVARD DES COQIBUS

ÉVRY-COURCOURONNES



Programme

Mardi 18 Juin 2024

08:30 - 09:00 Accueil café

09:00 - 11:00 **Session management PFs noyau** (avec les Managers des PFs du noyau) - Patrick Wincker et Denis Milan

11:00 - 12:00 **Session management PFs noyau et associés** (avec tous les managers des PFs du réseau France Génomique) - Patrick Wincker et Denis Milan

12:00 - 14:30 **Accueil / Déjeuner / Visites du Genoscope et CNRGH**, déjeuner sandwich (rdv salle Jacob, Bât G1, Genoscope)

14:30 - 15:00 **France Génomique** – Patrick Wincker, hôtel Ibis Styles Evry Courcouronnes

15:00 - 15:30 **Stéphane Le Crom**, Présentation de la collection HAL de France Génomique

15:30 - 16:10 **Point développement des PFs** (10 min/PF questions incluses)

- **GenoA**, Julien Barc, Mise en place du génotypage par séquençage, premiers retours d'expérience
- **GenomEast**, Angélique Pichot, Retour d'expérience sur la technologie single cell RNA FLEX de 10x Genomics
- **Genom'IC**, Franck Letourneur, Implantation de la technologie Flex de 10X
- **ICGex**, Sylvain Baulande, Long read sequencing (Expansion repeat, CRISPR/Cas9, HiFi reads, Methylation)

16:10 - 16:25 **Posters technologiques : présentation « flash »** (1min, 1 slide/poster)

16:25 - 17:15 Pause-café - **Session poster**

17:15 - 17:45 **Guy Perrière**, IFB, présentation de l'INBS IFB et liens avec FG

17:45 - 18:45 **Session Technologies 1/2** (10min+5min Q&A/intervenant)

- **Marc Monot**, Biomics, Comparaison FC XLEAP Illumina
- **Claire Kuchly**, GeT-PlaGe, Retour d'expérience MGI & AVITI
- **Tiphaine Marvillet**, GenomiqueENS, RNA direct Nanopore : retour d'expérience de la nouvelle flowcell RNA et du kit RNA004
- **Vincent Paillet et Véronique Gautier**, Gentyane, Séquençage Pacbio/Revio

19:00 - 20:00 Enregistrement à l'hôtel Ibis Styles Evry Courcouronnes ou Novotel Courcouronnes, 3 Rue de la Mare Neuve, 91080 Évry-Courcouronnes

20:00 - 22:00 Dîner convivial restaurant Au bon'art, 10 Rue Jean Mermoz, 91080 Évry-Courcouronnes (accessible à pied, pas de bus prévu)



Mercredi 19 Juin 2024

08:30 - 09:00 Accueil

09:00 - 09:40 **Point développement des PFs** (10 min/PF questions incluses)

- **PSI2BC**, Céline Hernandez
- **MGX**, Kévin Callewaere, Automatisation de protocoles sur le robot Mosquito
- **Go@I**, Martin Figeac, nouveautés 2024 à la plateforme
- **GenomiqueENS**, Morgane Thomas-Chollier, Transcriptomique low-input et single-cell en Nanopore pour les organismes eucaryotes

9:40 - 10:40 **Grands projets** (30 min/intervenant)

- **Jean-Marc Aury**, Genoscope, Assemblage de génomes, programme ATLASea, ERGA
- **Alex Duval**, Centre de recherche Saint-Antoine, projet Microsplicother

10:40 - 11:10 Pause-café

11:10 - 11:40 **Invité session transcriptomique spatiale**

- **Marco Mendoza**, LISSB Genoscope, épigénomique spatiale et cut&tag spatial

11:40 - 13:10 **Session transcriptomique spatiale et discussion** (10 min/intervenant, questions et discussion à la fin)

- **Marie-Jeanne Arguel**, UCAGenomiX, Mise en place d'un service de transcriptomique spatiale
- **Kyra Borgman**, ICGex, test des systèmes MERSCOPE & Xenium à Curie
- **Gilles Laverny**, GenomEast, Visium HD, CytAssist (10X), GeoMx, Curio seeker, et Xenium (10X)
- **Eric Bonnet**, CNRGH, retour d'expérience sur du cerveau de souris avec la technologie Vizgen/Merscope
- **Joël Lachuer, Guillaume Marcy**, ProfileXpert : technologie stereo-seq de Stomics sur séquenceur DNBseq G400

13:10 - 14:30 Déjeuner - **Session poster**

14:30 - 16:00 **Session Technologies 2/2** (10min+5min Q&A/intervenant)

- **Corinne Blugeon et Salomé Brunon**, GenomiqueENS, Résultats des tests de sensibilité du protocole mRNA stranded d'Illumina sur l'automate MAGELIA d'Inorevia
- **Amel Larnane**, CNRGH, Application de la technologie Magelia d'Inorevia à la forensique génétique
- **Médine Benchouaia et Erwin Van Dijk**, POPS et PSI2BC, Mise en route d'un nouveau protocole de séquençage des petits ARN
- **Yan Jaszczyszyn**, PSI2BC, Comparaison de protocoles pour séquençage RNASeq single cell
- **Azimidine Habib**, Biomics, Analyse métaG (Génomique et Génétique) à la plateforme Biomics
- **Sophie Marre**, AuBi, Utilisation de réseaux de neurones profonds et de données de microbiote pour la prédiction de pathologies humaines : vers une médecine personnalisée