

08h45 - 09h00	<i>Accueil</i>
09h00 - 09h15	<i>Le mot de Genotoul et des plateformes</i>
09h15 – 10h45	<i>Session 1 – Président de session : F. Escudié</i>
09h15 – 10h05	Présentation invitée : Camille Marchet CARNAC-LR and C2C: de novo clustering and detection of alternative isoforms in Third Generation Sequencing transcriptomes
10h05 – 10h25	<u>M. ZYTNIKI</u> and C. GASPIN mmquant and mmannot: How to handle multiple-mapping reads in (s)RNA-Seq
10h25 – 10h45	<u>M. TOSOLINI</u> , F. PONT, G. PIZZOLATO, H. KAMINSKI, F. MARTINS, D. LABOURDETTE, S. CADOT, A. QUILLET-MARY, M. POUPOT, C. LAURENT, S. MERAVIGLIA, F. DIELI, P. MERVILLE, B. NADEL, P. MILPIED, M. MENAGER, J. DECHANET-MERVILLE and J.-J. FOURNIE Single cell transcriptomics unveils the distinct cytotoxic profiles of human TCRV1 and TCRV2 T lymphocytes
10h45 – 11h20	<i>Pause et session poster (hall d'entrée)</i>
11h20 – 12h40	<i>Session 2 – Président de session: S. Déjean</i>
11h20 – 11h40	<u>P. MARTIN</u> GeneNeighborhood: an R package to explore the direct neighbors of your favorite gene set
11h40 – 12h00	C. AMBROISE , A. DEHMAN, M. KOSKAS, <u>P. NEUVIAL</u> , G. RIGAILL and N. VIALANEIX Adjacency-constrained hierarchical clustering of a band similarity matrix with application to genomics
12h00 – 12h20	<u>V. ROCHER</u> Étude différentielle de la structure 3D de la chromatine après dommages de l'ADN via une approche omique
12h20 – 12h40	<u>S. FOISSAC</u> Integrating sequencing data from different assays: failures and successes
12h40 – 14h30	<i>Déjeuner (hall génome)</i> <i>Café et session poster (hall d'accueil)</i>
	<i>Session 3 - Présidente de session : C. Hoede</i>
14h30 – 15h20	Présentation invitée : Boris Hejblum Controlling Type-I error and false discoveries in RNA-seq differential analyses through a variance component score test
15h20 – 15h40	<u>A. VERDIER</u> , E. SALLET, L. LEGRAND and J. GOUZY Développement d'un logiciel d'annotation de sites d'épissages sur une architecture 'big data' Spark
15h40 – 16h00	<u>G. DEVAILLY</u> and A. JOSHI Epigenetic marks and the diversity of human transcripts Visualisation of Roadmap Epigenomics data
16h00 – 16h20	<u>F. BOIZARD</u> , J. KLEIN, B. BUFFIN-MEYER, J. ALIGON, J. P. SCHANSTRA and O. TESTE Du protéome urinaire vers le protéome tissulaire rénal : analyse des réseaux d'interaction protéines-protéines
16h20 – 16h40	<u>A. MEYNADIER</u> , A. BERTIDE, G. PASCAL, C. MARIE-ETANCELIN Relation entre le microbiote ruminal et performances de la brebis laitière de race lacaune
16h40 – 17h00	<i>Clôture de la journée – Pause café</i>