

## Nouvelles approches de séquençage à haut débit de l'ADN (long read)

Connexion à partir de 9h15 pour un début à 9h30

**Session du matin : 9h30-13h00**

Modération : à définir, Chat : à définir

9h30-9h45 Accueil et actualités du réseau NGS-Diag (**Jean Muller et Cécile Rouzier**)

9h45-11h Retours de groupes de travail :

- GT Transcrit, **Claude Houdayer** (Rouen)
- Formation ANPGM BIO-NGS nouvelle version, **Aurélien Trimouille** (Bordeaux).
- CAD et projets de recherche, **Yves Vandenbrouck/Anne Jouvenceau**

**11h00-11h15 Pause**

11h15-11h30 Introduction de la journée, **Jean Muller**.

11h30-12h00 Long read sequencing technologies, **Charles Poncet/Véronique Gautier** GENTYANE (Clermont-Ferrand)

**12h00- 13h30 Pause déjeuner**

Connexion à partir de 13h15 pour un début à 13h30

**Session après-midi: 13h30-17h30**

Modération : à définir, Chat : à définir

13h30-17h30 Long read sequencing for rare disease, **Alex Hoischen**, Radboud UMC (Nijmegen, The Netherlands)

Apport du séquençage nanopore pour l'identification de variants de structure et l'étude de la méthylation, **Claire Bardel**, (Lyon)

Explorer les variations de structure du génome: Quand le chromosome laisse place aux longues molécules d'ADN, **Laila El Khattabi** (Paris)

Approches omiques pour l'identification et la reclassification des variations responsables d'anomalies du développement, **Antonio Vitobello** (Dijon)

Insertion de séquences alpha-satellite à proximité d'un centromère ancestral, **Caroline Schluth-Bolard** (Strasbourg)

Communications sélectionnées

**Table ronde**

Comité d'organisation : Board du réseau NGS-Diag.