

## 3D Genome in Human Health & Science: an Update

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

**Session du matin : 9h30-13h00 – Modération : Jean Muller, Chat : Cécile Rouzier/Nicolas Sévenet**

9h30-9h50	Accueil et actualités du réseau NGS-Diag ( <a href="#">Nicolas Sévenet</a> , <a href="#">Jean Muller</a> , et <a href="#">Cécile Rouzier</a> )
9h50-11h	Retours de groupes de travail :  GT COFRAC, <a href="#">Pierre Blanc</a> (SeqOIA)  GT Compte-rendu, <a href="#">Pierre Blanc</a> (SeqOIA) et <a href="#">Eulalie Lasseaux</a> (Bordeaux)  GT Interprétation variant v2, <a href="#">Pascale Saugier-Véber</a> (Rouen), <a href="#">Martin Krahm</a> et <a href="#">Svetlana Gorokhova</a> (Marseille)  GT ACLF : Conduite à tenir devant l'identification d'anomalies chromosomiques fœtales hors trisomies 13, 18 et 21 par l'étude de l'ADN libre circulant (ADNlc) <a href="#">Leila El Khattabi</a> (Paris)
11h-11h45	Exemples de rendus de résultats des plateformes, modalités d'interprétation. <a href="#">Damien Sanlaville</a> (Auragen, Lyon) <a href="#">Alban Lermine</a> et <a href="#">Pierre Blanc</a> (SeqOIA, Paris)
<b>11h45-11h55</b>	<b>Pause</b>
11h55-12h15	Introduction de la journée, <a href="#">Aurélien Trimouille</a> et <a href="#">Christophe Hubert</a> (CHU de Bordeaux)
12h15-13h00	Hi-C for the detection and interpretation of structural variants (SVs) in rare genetic disorders <a href="#">Uira Melo</a> , Max Planck Institute for Molecular Genetics, (Berlin, Allemagne)

**13h00- 14h30 Pause déjeuner**

Connexion à partir de 14h15 pour un début à 14h30

**Session après-midi: 14h30-17h15 Modération : Nicolas Sévenet, Chat : Martine Doco-Fenzy/Jean Muller**

14h30-15h00	Analysis of 3D genome organization and cancer, <a href="#">Nicolas Servant</a> , Institut Curie (Paris)
15h00-15h30	Cis-régulation et expression génique, <a href="#">Stéphanie Moisan</a> , Laboratoire Génétique Moléculaire Histocompatibilité, UMR 1078, (Brest)
15h30-16h15	Communications sélectionnées  Conservation <i>in silico</i> des domaines topologiquement associés en population témoin, impact sur l'interprétation des CNV, <a href="#">Thomas Smol</a> , Institut de Génétique Médicale (Lille)  Identification et caractérisation moléculaire d'une délétion non codante identifiée dans une famille avec calcifications cérébrales primaires et dévoilant un élément régulateur majeur de l'expression du gène <i>SLC20A2</i> , <a href="#">Kévin Cassinari</a> , Inserm U1245, (Rouen)
16h15-16h45	TAD: The Actual Diasappointment, <a href="#">Nicolas Chatron</a> , (Lyon)
16h45-17h15	<b>Table ronde</b>

Comité d'organisation : [Nicolas Sévenet](#), [Aurélien Trimouille](#), [Pierre Macquère](#), [Christophe Hubert](#), [Caroline Rooryck-Thambo](#), [Jean Muller](#), [Cécile Rouzier](#), [Stéphanie Baert-Desurmont](#), [Laurent Castéra](#), [Florence Coulet](#), [Martine Doco Fenzy](#), [Claude Houdayer](#), [Boris Keren](#), [Antony Le Béchec](#), [Valérie Malan](#), [Philippe Vago](#).