

4<sup>ème</sup> édition

# Séminaire **BioInfoDiag**

## Programme

31 mars au 02 avril 2025

Genopolys

CNRS

141 Rue de la Cardonille

34396 Montpellier cedex 5 France



**BioInfoDiag**

# Lundi 31 mars

## *Journée aux interfaces*

- 09h00 - 09h45 **Accueil des participants**
- 09h45 - 10h00 **Discours d'ouverture**
- 10h00 - 11h00 **Concepts de conteneurisation**  
*Rémi Thévenoux (CHU Toulouse)*
- 11h00 - 12h00 **Vers une bioinformatique plus reproductible avec Apptainer**  
*Céline Mandier (Université de Montpellier)*
- 12h00 - 13h30 **Déjeuner**
- 13h30 - 14h00 **Apport de l'apprentissage profond pour le diagnostic en hématologie**  
*Cédric De Almeida Braga (Université de Nantes)*
- 14h00 - 14h40 **Application de l'intelligence artificielle pour le diagnostic clinique et génétique pour le syndrome de Bardet-Biedl**  
*Mehdi Al Alaoua (CHU de Strasbourg)*
- 14h40 - 15h20 **CAD : présentation et enjeux**  
*Virginie Bernard (PFMG - CAD)*
- 15h20 - 15h40 **Pause**
- 15h40 - 16h25 **ISDM : infrastructures, services et trajectoire HDS**  
*Anne Laurent/Marie-Pierre Drogue (Université de Montpellier)*
- 16h25 - 17h10 **Du labo au marché : décrypter le parcours réglementaire d'un DMDIV logiciel**  
*Manon Marault (Sparta Care)*



# Mardi 01 avril

- 09h00 - 09h30 **NGS des virus respiratoires et surveillance épidémiologique**  
*Hadrien Regue (Hospices Civils de Lyon)*
- 09h30 - 10h00 **Diagnostic en bactériologie à l'ère de la génomique**  
*Melissa N'Débi (CHU Henri Mondor)*
- 10h00 - 10h30 **Apport du séquençage long reads pour l'amélioration de la compatibilité HLA donneur/receveur en transplantation rénale**  
*Gregory Gatouillat (CHU de Reim)*
- 10h30 - 11h00 **Pause**
- 11h00 - 11h30 **Shallow WGS appliqué aux biopsies liquides pour identifier des remaniements de nombre de copies dans les lymphomes**  
*Pierre-Julien Vially ( Centre Henri Becquerel)*
- 11h30 - 12h00 **Analyse multiplex de 15 maladies à expansions par séquençage long reads**  
*Clément Hersent (CHU Montpellier)*
- 12h00 - 13h15 **Déjeuner**
- 13h15 - 14h00 **Apport du transcriptome pour l'étude du non-codant**  
*Benjamin Cogné (CHU de Nantes)*
- 14h00 - 14h45 **Retour des GTs BioInfoDiag**  
GT Infrastructure *Olivier Ardouin*  
GT RNA-Seq *David Baux*  
GT Métier *Claire Bardel, Christophe Habib*
- 14h45 - 15h15 **Pause**
- 15h15 - 16h00 **Réseaux partenaires**  
Réseau MÉRIT *Vincent Lombart*  
Pharmacogenomix *Louis Lebreton*  
NanoDiag *Renault Victor*
- 16h00 - 17h00 **Table ronde**



# Mercredi 02 avril

- 08h30 - 09h00 **Apport du séquençage ONT dans la détection de CNV issus de cytopénies idiopathiques de signification indéterminée, comparé à la cytogénétique conventionnelle**  
*Quentin Testard (Hospices Civils de Lyon)*
- 09h00 - 09h30 **De l'ARN à l'ADN : Optimiser l'analyse des séquences longues avec des pipelines bioinformatiques performants**  
*Camille Aucouturier (Institut Baclesse)*  
*Antoine Chouteau*
- 09h30 - 10h00 **MobiCT : un pipeline open-source pour l'analyse de l'ADN tumoral circulant**  
*Simon Cabello (CHU Montpellier)*
- 10h00 - 10h30 **Pause**
- 10h30 - 11h00 **Diagho : un outil académique d'aide à l'interprétation**  
*Marie de Tairac (CHU de Rennes)*
- 11h00 - 11h30 **gLeaves : Roadmap et partage de l'application**  
*Alban Lermine (AP-HP)*  
*Vincent Beliveau (Austrian Genome Project)*
- 11h30 - 12h00 **Seqoia dAta laKE (Sake) : que pêcher dans le lac ?**  
*Pierre Marijon (AP-HP SeqOIA)*
- 12h00 - 12h15 **Discours de clôture**



Plus d'informations :

<https://bioinfo-diag.fr/blog/seminaire-2025>



**BioInfoDiag**