

ECOLE THEMATIQUE

« ANALYSE DU GENOME TUMORAL »

Lundi 12 au jeudi 15 mars 2012
Château de Maffliers, Chantilly

Comité organisateur :

Pierre LAURENT-PUIG (UMR-S775), Yves ROZENHOLC (MAP5, UMR CNRS 8145)

Comité scientifique :

Michael GUEDJ (Pharnex), Sandrine IMBEAUD (INSERM, UMR U-674, IUH),
Franck LETOURNEUR (Institut Cochin, INSERM U1016, CNRS UMR8104),
Pierre LAURENT-PUIG (UMR-S775), Yves ROZENHOLC (MAP5, UMR CNRS 8145)

PROGRAMME*

Introduction par François SIGAUX, Président du Cancéropôle Île-de-France

Aide au diagnostic

- **Analyses statistiques haut débit du génome tumoral**
Tatiana POPOVA (Institut Curie, INSERM U830)
- **Génomique et bio-informatique : spécificité tumorale**
Philippe DESSEN (Institut Gustave Roussy, INSERM UMR 985)
- **Apport des NGS dans le diagnostic de prédisposition héréditaire aux cancers du sein et de l'ovaire**
Yannick BIDET (Institut Fédératif de Recherche 79 Santé Auvergne, EA 4233 Uda)
- **Variants structuraux et altération du nombre de copies dans le cancer : stratégies de détection utilisant des données NGS**
Valentina BOEVA (Institut Curie, INSERM U830)
- **Nouveaux paradigmes dans la R&D des nouveaux médicaments et importance de la modélisation. Cellules souches cancéreuses issues de glioblastomes**
Jacques HAIECH (Université de Strasbourg, AERES)

Bio-Ontologie

- **Titre à préciser**
Marie-Dominique DEVIGNES (LORIA)

Statistique du génome tumoral

- **Méthode statistique de segmentation pour la détection d'altérations génomiques**
Stéphane ROBIN (AgroParisTech / INRA Applied Mathematics Computer Sciences, UMR 518)
- **Analyse statistique de puces SNP dans le cancer : des données brutes à l'étiquetage des régions altérées**
Pierre NEUVIAL (Université d'Evry Val d'Essonne, UMR CNRS 8071)

Acquisition / Data

- **Utilisation du séquençage haut débit en cancérologie**
Thomas RIO FRIO (Institut Curie, plateforme NGS)
- **Technologie puce ADN adaptée au Cancer**
David GENTIEN (Institut Curie, plateforme puce à ADN)