

10 h 00 - 10 h 15 Accueil Grand Amphithéâtre

10 h 15 - 10 h 45 **Régis Debruyne**. Stratégies expérimentales alternatives en capture ciblée appliquée à la génomique et la post-génomique.

10 h 45 - 11 h 00 **Cédric Mariac**. Evaluation et optimisation d'une méthode d'enrichissement de bibliothèques NGS par capture.

11 h 00 - 11 h 15 **David Royet**. Magnetic in situ Hybridization a complementary approach for investigating microbial diversity.

11 h 15 - 11 h 45 **Cyrielle Gasc**. Capture de gènes par hybridation pour l'exploration ciblée d'échantillons métagénomiques.

11h45- 12h05 Pause café

12 h 05 - 12 h 20 **Annulé**

12 h 20 - 12 h 35 **Laure Franqueville**. Genefish : un outil innovant pour la capture de gènes ciblés dans les métagénomiques.

12 h 35 - 12 h 50 **Christine Cagnon**. Caractérisation d'un intégron au sein d'un métagénome environnemental par une approche de capture de gènes par hybridation.

12 h 50 - 13 h 05 **Roland Marmeisse**. Exploration de la diversité fonctionnelle des communautés microbiennes eucaryotes par capture d'ADNc de sol.

Pause méridienne

14 h 30 - 15 h 00 **Astrid Cruaud**. Retour d'expérience sur la capture d'exons pour la phylogénie des insectes pollinisateurs des figiers (Hymenoptera, Agaonidae).

15 h 00 - 15 h 15 **Mark Phuong**. Range stability predicts lineage persistence in morphologically cryptic ground squirrel lineages.

15 h 15 - 15 h 45 **Jérôme Salse**. De l'évolution ancienne à l'adaptation et sélection récente des espèces modernes.

15 h 45 - 16 h 00 **Emeline Deleury**. Evolution du fardeau génétique au cours des invasions biologiques.

16 h 00 - 16 h 15 **Armel Salmon**. Détection des homéologues au sein des génomes polyploïdes par Capture de Séquence: applications chez le cotonnier (*Gossypium hirsutum*) et les spartines (*Spartina* sp).

16 h 15 - 16h45 **Thierry Grange**. NGS for paleogenetics: sequence capture vs multiplex PCR.

17 h 00 Clôture