

**Programme des Journées Jeunes Chercheurs
du département Biologie et Amélioration des Plantes**

17 & 18 Octobre 2013 au Moulon

Jeudi 17 Octobre

- 8h45 à 9h15** *Accueil des Participants*
- 9h15 à 9h30** *Dominique de Vienne*
Présentation de l'UMR de Génétique Végétale
- 9h40 à 9h50** *Maud Tenaillon*
Présentation des travaux de l'équipe **Génétique Evolutive : Adaptation et Redondance (GEAR)**
- 9h50 à 10h15** *Margaux-Alison Fustier*
Caractérisation de la variation adaptative de la téosinte (*Zea mays ssp parviglumis*) le long de gradients altitudinaux
- 10h15 à 10h40** *Franck Simonnet*
Développement et symétrie de la fleur *Grevillea juniperina* (Protéacées)
- 10h40 à 11h05** *Jean-Tristan Brandenburg*
Utilisation du séquençage nouvelle génération pour retracer l'histoire évolutive du maïs cultivé
- 11h05 à 11h30** **Pause café**
- 11h35 à 11h50** *Johann Joet*
Présentation des travaux de l'**Atelier de Bioinformatique et d'Informatique (ABI)**
- 11h50 à 12h15** *Aude Daracq*
Bioinformatics approaches to discover presence/absence variants in maize
- 12h15 à 12h40** *Open session #1 - Estelle Schaefer*
TRM7 : une protéine mitotique impliquée dans la détermination du plan de division chez *Arabidopsis*
- 12h40 – 14h** **Pause Déjeuner**
- 14h00 – 14h10** *Christine Dillman*
Présentation des travaux de l'équipe **Génétique Quantitative Fondamentale (GQF)**
- 14h10 – 14h35** *Charlotte Urien*
La levure de levains naturels en France : une diversité à préserver
- 14h35 – 14h50** *Melisande Blein-Nicolas*
Présentation de la **Plate-forme d'Analyse Protéomique de Paris Sud-Ouest (PAPPSO)**

- 14h50 – 15h05** *Philippe Brabant*
Présentation de l'Installation Expérimentale (**IE**)
- 15h05 – 15h20** *Carine Remoué*
Présentation de l'**Atelier Cartographie d'Expression Polymorphisme (ACEP)**
- 15h30 – 17h30** *Visite du Musée de la Lumière et de la Matière (anneaux de collision, physique des particules, accélérateurs de particules)*
- 18h30 –** *Sortie sur Paris*

Vendredi 18 Octobre

- 8h45 – 9h00** *Accueil des Participants*
- 9h00 – 9h10** *Alain Charcosset*
Présentation des travaux de l'équipe **G**énétique **Q**uantitative et **M**éthodologie de la **S**élection (**GQMS**)
- 9h10 – 9h35** *Héloïse Giraud*
Détection de QTL dans un dispositif multiparental connecté de maïs (*Zea Mays L.*)
- 9h35 – 10h00** *Renaud Rincent*
Optimisation du jeu de calibration en sélection génomique
- 10h – 10h25** *Mariangela Arca*
Caractérisation de la diversité génétique de populations de maïs au moyen de la puce 50kSNPs
- 10h25 – 10h55** **Pause café**
- 10h55 – 11h05** *Jérôme Enjalbert*
Présentation des travaux de l'équipe **D**iversité **E**volution et **A**daptation des **P**opulations (**DEAP**)
- 11h05 – 11h30** *Christophe Lecarpentier*
Modélisation architecturée d'un peuplement multivariétal de blé
- 11h30 – 11h55** *Open session #2 – Chloé Girard*
What limits meiotic crossover ?
- 11h55 – 12h15** *Vie de groupe*