



HAL
open science

Séquençage, assemblage et analyse du chromosome 3B du blé tendre

Frédéric Choulet

► **To cite this version:**

Frédéric Choulet. Séquençage, assemblage et analyse du chromosome 3B du blé tendre. Séminaire INRIA Symbiose, Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique (INRIA). FRA., Feb 2013, Rennes, France. hal-02744514

HAL Id: hal-02744514

<https://hal.inrae.fr/hal-02744514>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Séquençage, assemblage et analyse du chromosome 3B du blé tendre

Le génome du blé tendre est hexaploïde, composé de 17 Gb (5x le génome humain), et dont 85% dérivent d'éléments répétés. Ces caractéristiques font que son séquençage reste un véritable challenge même en considérant les débits des technologies actuelles. Afin de réduire cette complexité, une approche utilisant le tri de chromosomes et la construction de banques BAC ordonnées spécifiques de chacun des 21 chromosomes a été réalisée dans le cadre d'un consortium international (Int. Wheat Genome Sequencing Consortium). L'Equipe GENOME à l'INRA de Clermont-Ferrand a établi la première carte physique d'un chromosome de blé (le 3B, 1 Gb à lui seul) en 2008 et, depuis 2010, la production d'une séquence de référence a été entreprise en combinant une approche de séquençage par pools de BAC (8500 BAC au total) et une approche chromosome entier. Je présenterai la stratégie employée et les outils mis en place pour parvenir à assembler une pseudomolécule unique représentative du chromosome 3B. Les résultats concernant la composition, l'organisation et l'évolution du génome de blé seront également discutés.