



HAL
open science

Étude du Polymorphisme des Génomes Végétaux

Aurélie Berard, Aurélie Canaguier, Aurelie Chauveau, Sandrine Contenot,
Isabelle Le Clainche, Elodie Marquand, Patricia Faivre-Rampant,
Marie-Christine Le Paslier

► **To cite this version:**

Aurélie Berard, Aurélie Canaguier, Aurelie Chauveau, Sandrine Contenot, Isabelle Le Clainche, et al.. Étude du Polymorphisme des Génomes Végétaux. JOURNÉES SCIENTIFIQUES DU DÉPARTEMENT BAP, Sep 2019, Giens, France. hal-02930070

HAL Id: hal-02930070

<https://hal.inrae.fr/hal-02930070v1>

Submitted on 4 Sep 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.



Aurélié Berard, Aurélié Canaguier, Aurélié Chauveau, Sandrine Contentot, Isabelle Le Clainche, Elodie Marquand,
Patricia Faivre-Rampant et Marie-Christine Le Paslier

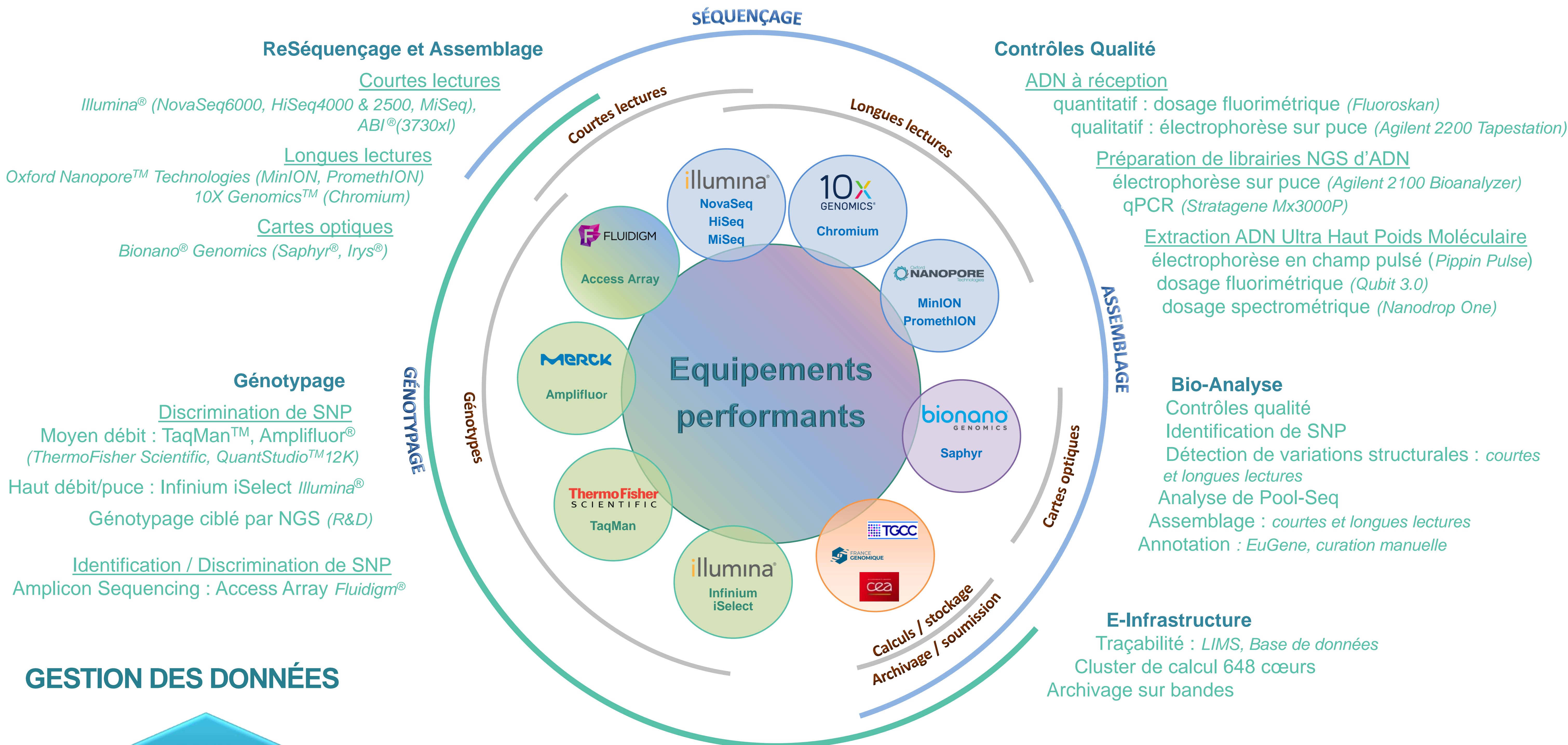
OBJECTIFS ET MISSIONS

Avec nos 2 équipes Développement Technologique & Production et Informatique & Bio-Informatique, nous répondons aux besoins des projets en génomique végétale et environnementale pour l'étude de polymorphismes ponctuels (SNP) et des variations structurales.

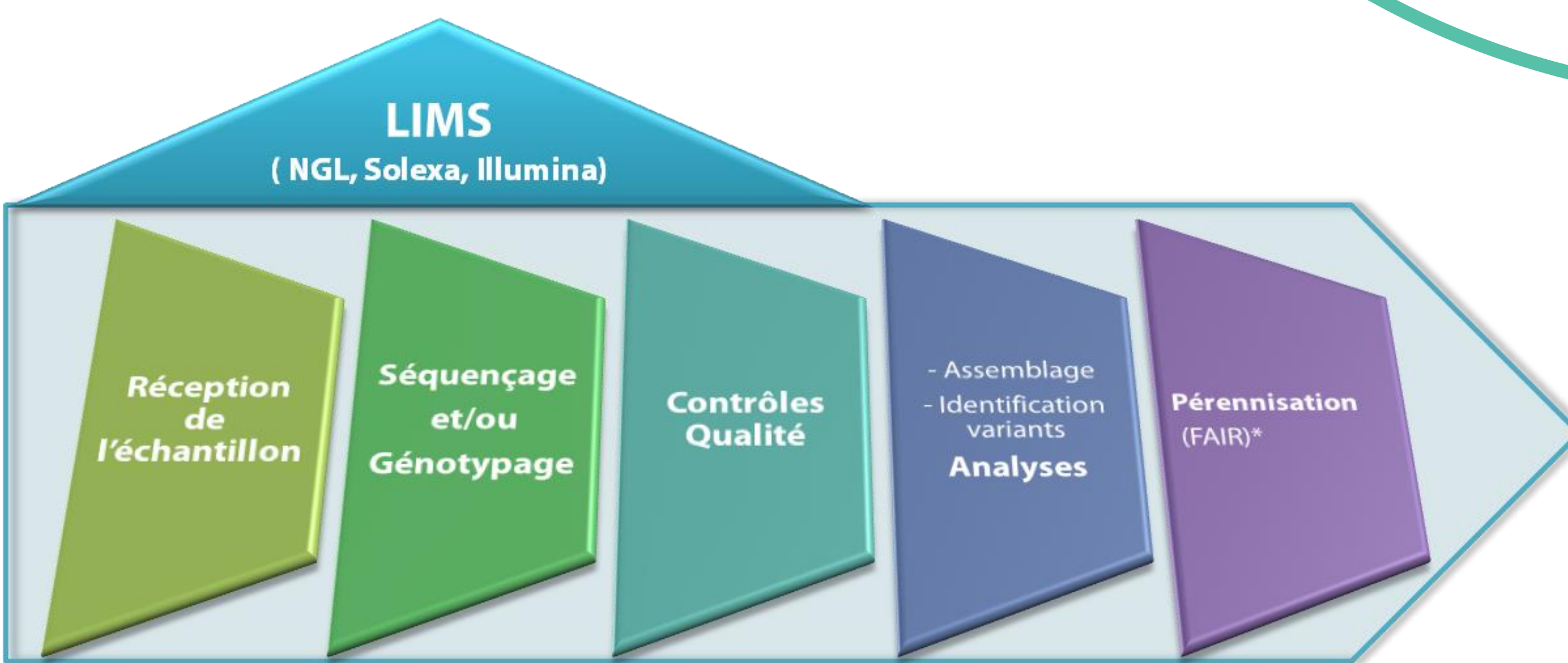
- Production de données de qualité : **Séquençage et Génotypage**
- **Solutions innovantes** pour l'étude du polymorphisme des génomes
- **Conseil et expertise**
- **Bio-Analyse** (recherche de polymorphisme, appel de génotypes, annotation)
- Gestion des données et métadonnées reçues et produites (**FAIR**).
- Formation, animation et diffusion des savoirs (**Colloque EPGV**, **Génome à l'école**).

SAVOIR FAIRE, MÉTHODOLOGIES & ÉQUIPEMENTS

Localisée au Genoscope, l'EPGV bénéficie de l'accès aux équipements du Genoscope et aux services du CNRGH.



GESTION DES DONNÉES

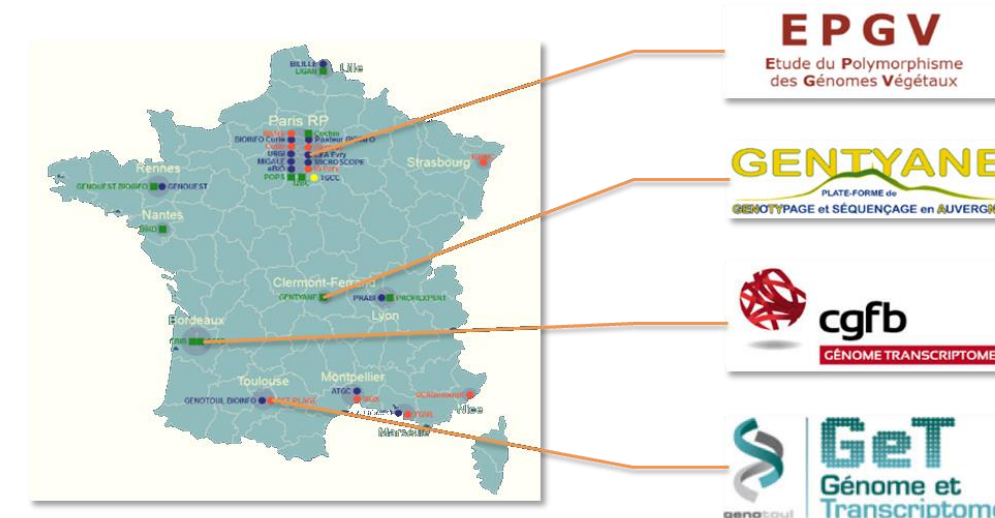


* Stockage, sauvegarde, soumission, archivage

INRA GÉNOMIQUE

...vers une Infrastructure de Recherche Distribuée

https://twitter.com/Geno_INRA



RÉSULTATS

- Séquençage et ReSéquençage d'espèces de grandes cultures, ornementales, fruitières, maraîchères, forestières et aromatiques.
- Puces de génotypage HD, coordination d'une puce européenne multi-espèces d'arbres forestiers.
- Pipeline annotation de gènes NBS-LRR : *NLGenomeSweeper* sous *SourceSup*. DOI : 10.15454/DS6VIK
- Pipeline d'analyse BSA-Seq : Canaguier et al. Poster at 7th International Poplar Symposium (Buenos Aires). URL : <http://prodinra.inra.fr/record/452557>
- Identification de Variations Structurales : *Peuplier, CNV4Sel (Métaprogramme SelGen) et Arabidopsis, SV_Arabido (Collaboration EPGV-Genoscope)*
- Colloque EPGV : <https://www.versailles-grignon.inra.fr/epgv/Colloque>

ACCESSIBILITÉ

Partenariat avec la recherche publique dans le cadre de projets nationaux et européens : support-epgv@inra.fr

RÉFÉRENCES

- Kreplak et al. (2019). A reference genome for pea provides insight into legume genome evolution. Nat Genet. DOI:10.1038/s41588-019-0480-1. Projet GenoPea, ANR
- Pegard et al. (2019). Sequence imputation from low density single nucleotide polymorphism panel in a black poplar breeding population. BMC Genomics. DOI : 10.1186/s12864-019-5660-y. Projet BreedToLast, Mp SelGen
- Lallemand et al. (2019). Thirteen new plastid genomes from mixotrophic and autotrophic species provide insights into heterotrophy evolution in Neottieae orchids. Genome Biology and Evolution. DOI : 10.1093/gbe/evz170. Projet Mixo-Orc, Prestation
- Blary et al. (2018). FANCM Limits Meiotic Crossovers in Brassica Crops. Frontiers in Plant Science. DOI : 10.3389/fpls.2018.00368. Projet CROC, ANR
- Fopa Fomeju et al. (2018). Quick and efficient approach to develop genomic resources in orphan species: application in *Lavandula angustifolia*. bioRxiv. DOI : 10.1101/381400. Projet GenoLavande, CASDAR
- Hibrand Saint Oyant L et al. (2018). A high-quality genome sequence of *Rosa chinensis* to elucidate ornamental traits. Nature Plants. DOI : 10.1038/s41477-018-0166-1. Projet GenoRose, ANR
- Rimbert et al. (2018). High throughput SNP discovery and genotyping in hexaploid wheat. Plos One. DOI : 10.1371/journal.pone.0186329. Projet BreedWheat, PIA
- Laucou et al. (2018). Extended diversity analysis of cultivated grapevine *Vitis vinifera* with 10K genome-wide SNPs. Plos One. DOI : 10.1371/journal.pone.0192540. Projet GrapeReSeq, ANR
- Darracq et al. (2018). Sequence analysis of European maize inbred line F2 provides new insights into molecular and chromosomal characteristics of presence/absence variants. BMC Genomics. DOI : 10.1186/s12864-018-4490-7. Projet Amazing, PIA
- Rincent et al. (2018). Phenomic Selection Is a Low-Cost and High-Throughput Method Based on Indirect Predictions: Proof of Concept on Wheat and Poplar. G3. DOI : 10.1534/g3.118.200760. Projet BreedToLast, Mp SelGen

