



HAL
open science

Étude du polymorphisme des génomes végétaux

Damien Hinsinger, Romane Guilbaud, Sandrine Contenot, Aurélie Canaguier,
Patricia Faivre-Rampant, Aurélie Bérard, Isabelle Le Clainche, Aurelie
Chauveau

► **To cite this version:**

Damien Hinsinger, Romane Guilbaud, Sandrine Contenot, Aurélie Canaguier, Patricia Faivre-Rampant, et al.. Étude du polymorphisme des génomes végétaux: Polymorphisme nucléotidique (SNP) et de structure (SV). Colloque INRAE Genomics, May 2022, Orléans, France. . hal-03935707

HAL Id: hal-03935707

<https://hal.inrae.fr/hal-03935707>

Submitted on 12 Jan 2023

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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0
International License



Damien Hinsinger, Romane Guilbaud, Sandrine Contenton, Aurélie Canaguier, Patricia Faivre Rampant (Direction), Aurélie Berard, Isabelle Le Clainche, Aurélie Chauveau
support-epgv@inrae.fr

ÉTUDE DU POLYMORPHISME DES GÉNOMES VÉGÉTAUX

Polymorphisme nucléotidique (SNP) et de structure (SV)

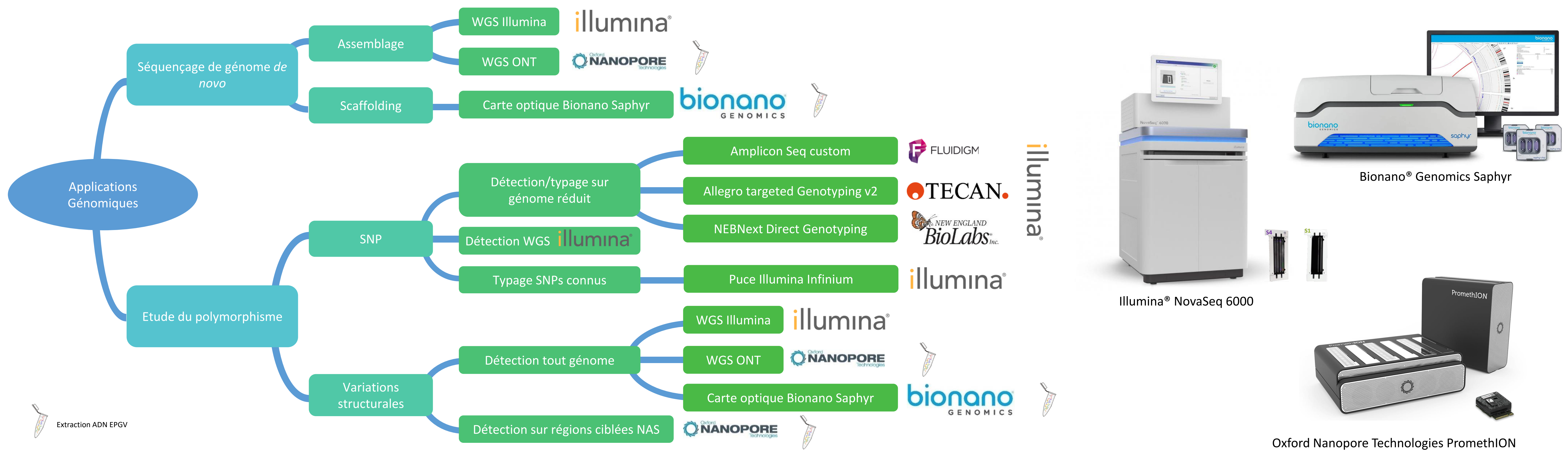
OBJECTIFS ET MISSIONS

Avec nos 2 équipes Développement Technologique & Production et Informatique & Bio-Informatique, nous répondons aux besoins des projets en génomique végétale et environnementale

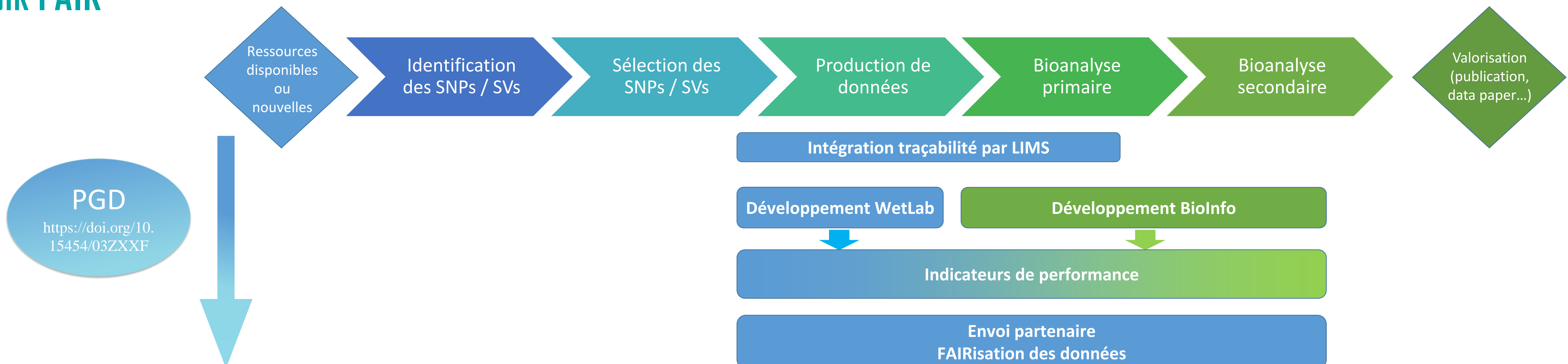
- Production de données de qualité : **Séquençage et Génotypage**
- **Solutions innovantes** pour l'étude du polymorphisme des génomes
- **Expertise et conseil**
- **Bio-Analyse** (recherche de polymorphismes, appel de génotypes, annotation)
- Gestion des données et métadonnées reçues et produites (**FAIR**)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

MÉTHODOLOGIES & ÉQUIPEMENTS

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



SAVOIR FAIR



DÉVELOPPEMENTS 2020-2022

Technologiques

- Extraction ADN Haut Poids Moléculaire
- Assemblage de génomes : peuplier, lavande et lin
- Génotypage de SNPs ciblés par séquençage : lavande, lentille, maïs, tomate
- Séquençage sélectif Oxford Nanopore Technologies (NAS)

Informatique et Bio-Informatique

- Pipeline d'appel de SNPs et de génotypes
- Pipeline d'estimation de fréquences haplotypiques dans des mélanges d'individus
- Pipeline d'appel de SV et de génotypes à partir de séquençage courtes lectures : peuplier
- Evaluation des performances de méthodes longs fragments pour la détection de SV : arabette



Canaguier, R. Guilbaud, E. Denis, G. Magdelenat, C. Belsler, B. Istace, C. Cruaud, P. Wincker, M-C. Le Paslier, P. Faivre-Rampant & V. Barbe
Oxford Nanopore and Bionano Genomics technologies evaluation for plant structural variation detection

Centre Île-de-France - Versailles-Grignon

Département pilote BAP

Départements associés ECODIV GA

INRAE - Unité EPGV US1279
CEA - Institut de biologie François Jacob
Site d'Evry - Bat G1
2 rue Gaston Crémieux
91057 - Evry Cedex
France

support-epgv@inrae.fr

<https://www6.versailles-grignon.inrae.fr/epgv>