



HAL
open science

La fibre génomique du Lin

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

► **To cite this version:**

Damien Hinsinger, Romane Guilbaud, Sandrine Contenot, Aurélie Canaguier, Patricia Faivre-Rampant, et al.. La fibre génomique du Lin. 30ème édition du Festival du Lin et de la Fibre Artistique, Jul 2022, Saint-Pierre-Le-Viger, France. . hal-03937438

HAL Id: hal-03937438

<https://hal.inrae.fr/hal-03937438v1>

Submitted on 13 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



Unité EPGV US1279

La fibre génomique du Lin

Des outils qui accélèrent l'étude de la biodiversité des populations naturelles et l'amélioration des plantes

Damien Hinsinger, Romane Guilbaud, Sandrine Contenot, Aurélie Canaguier, Patricia Faivre Rampant (Direction) Aurélie Berard, Isabelle Le Clainche, Aurélie Chauveau,

La génomique

La génomique est l'étude de la structure des génomes et de leur fonctionnement. Le génome nucléaire est l'ensemble des chromosomes constitués de gènes et de régions intergéniques.



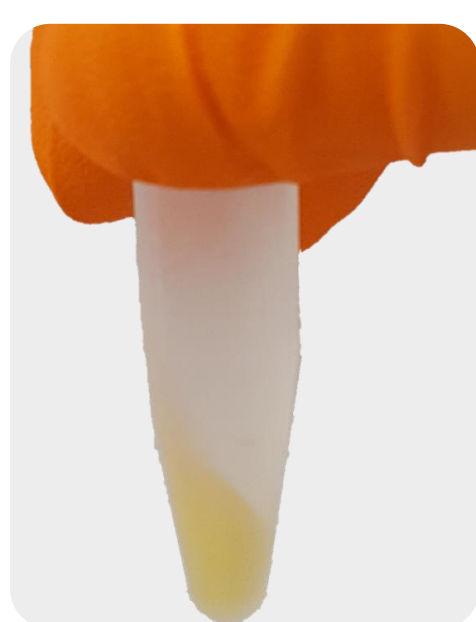
@ C. Pineau
Echantillonnage sur le terrain



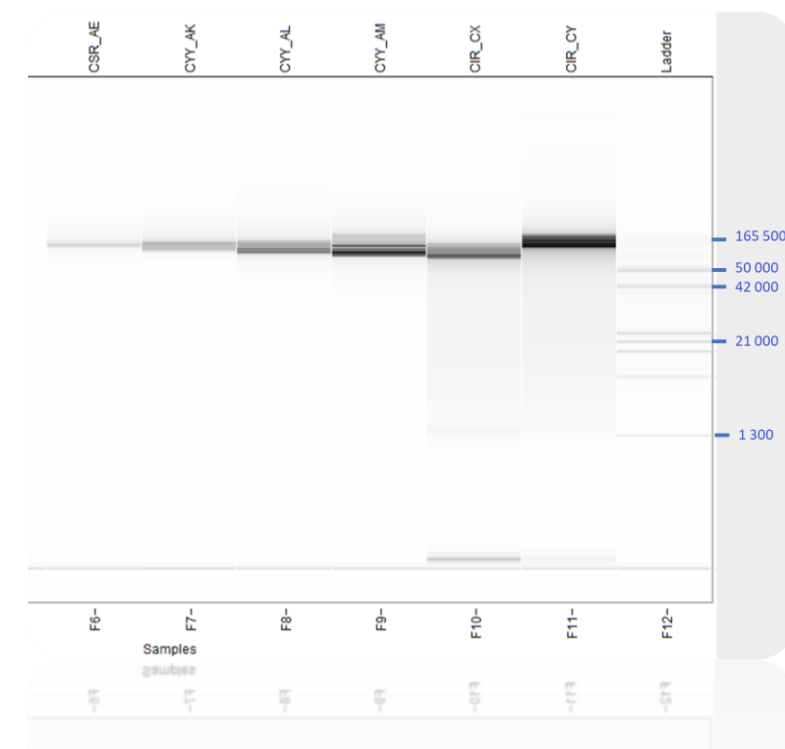
@ S. Lecomte
Prélèvement des feuilles



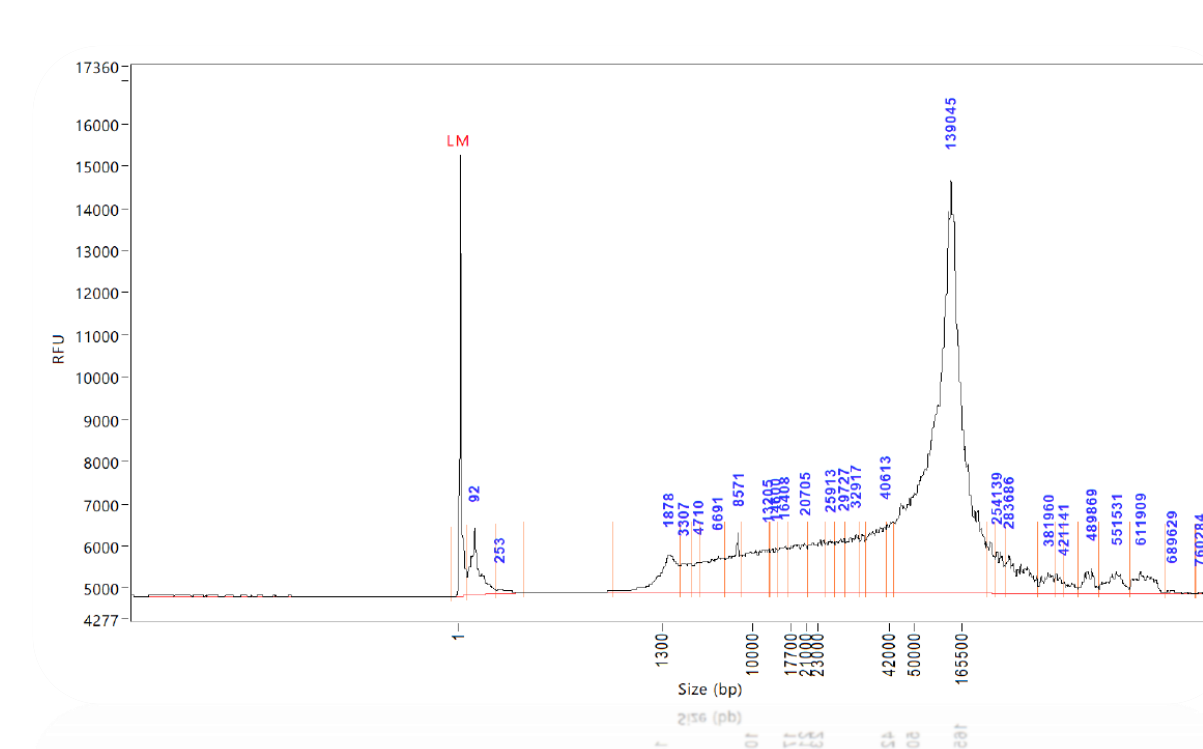
Poudre après broyage des feuilles



Culot d'ADN



visualisation et estimation de la taille des ADN totaux extraits par migration électrophorétique



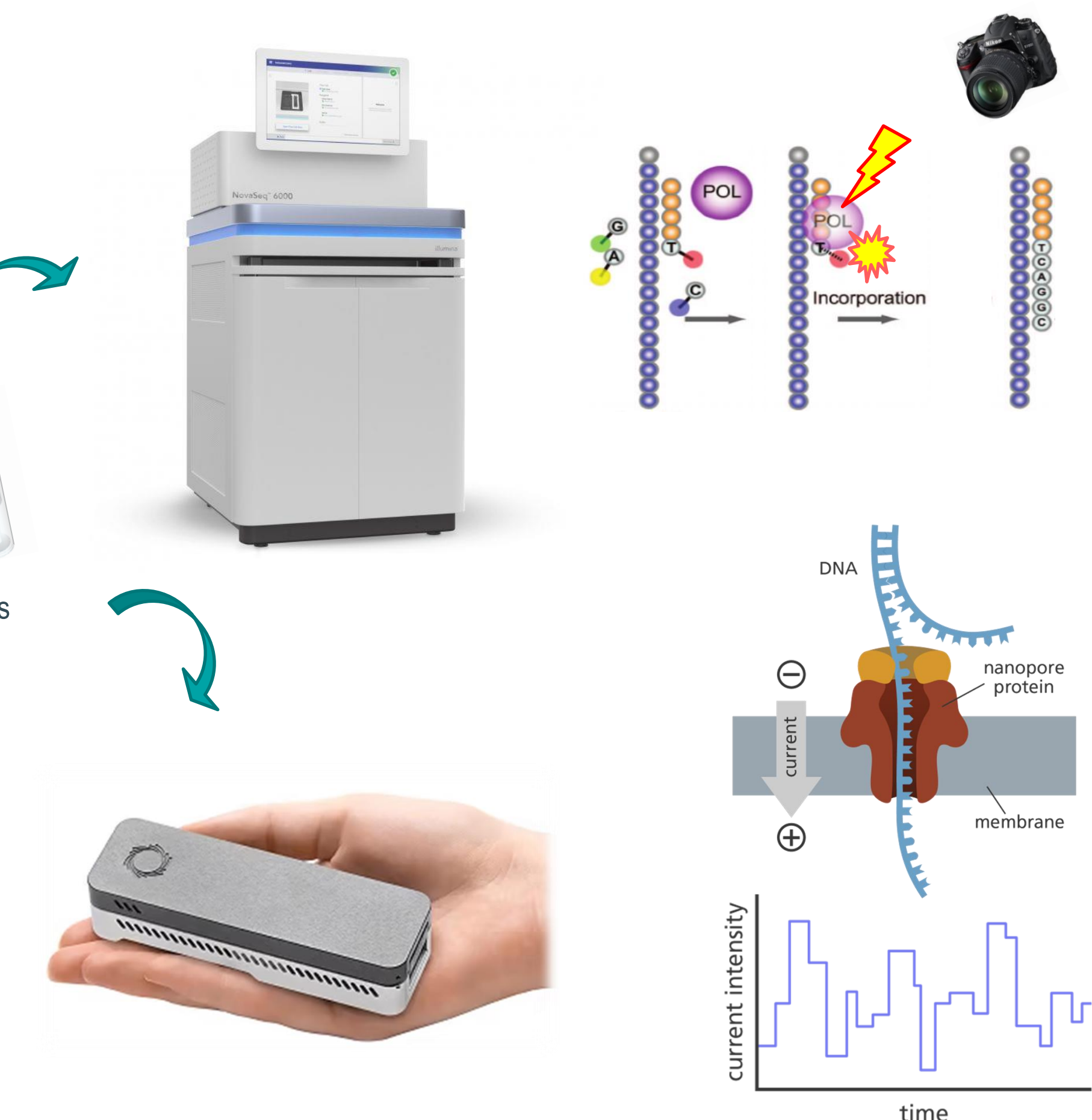
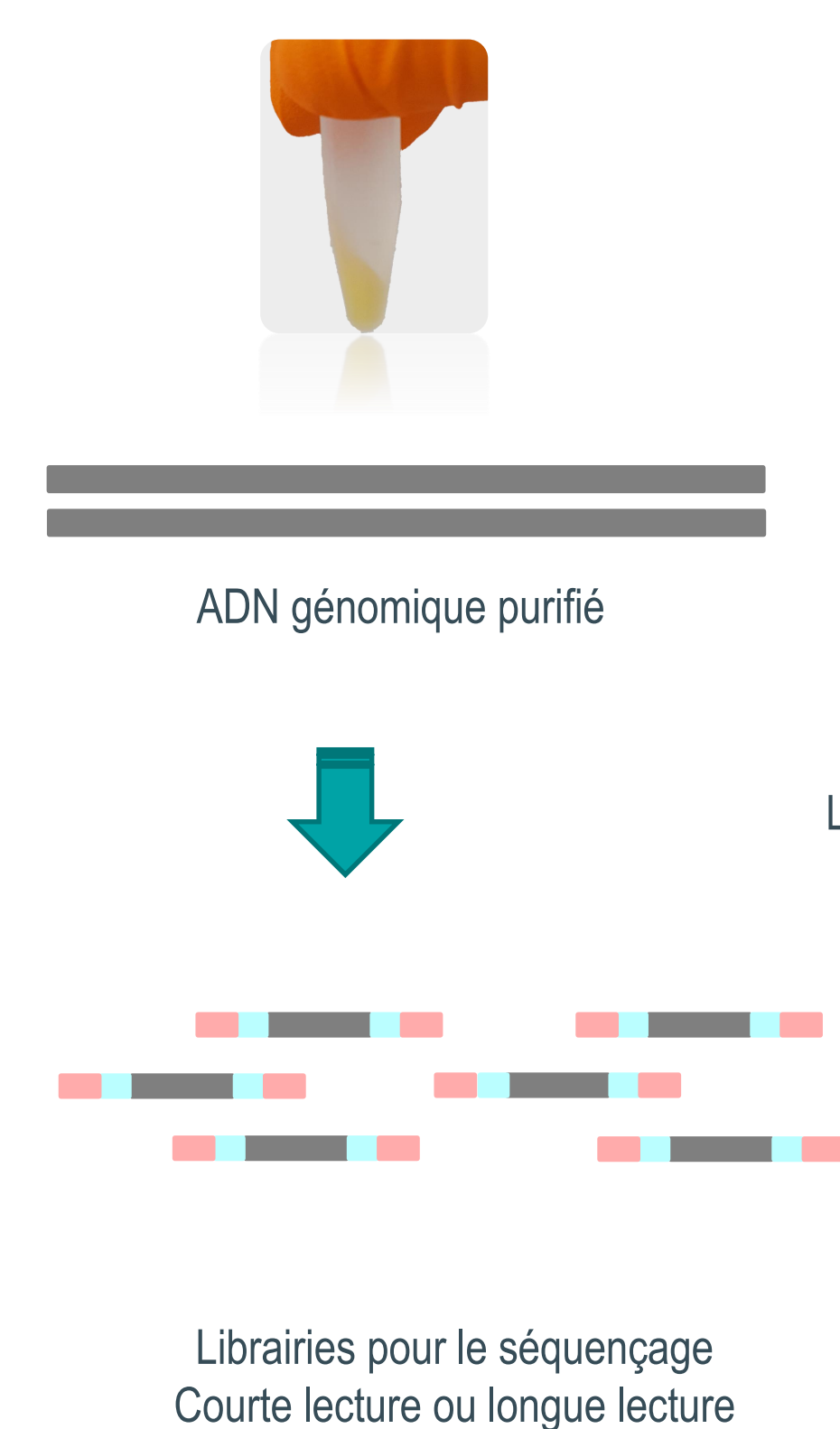
Visualisation des brins d'ADN étirés

Le séquençage courtes et longues lectures

Préparation spéciale de l'ADN en librairie, soit sans sélection (génome entier) soit avec sélection pour le génotypage. Traçabilité des échantillons en utilisant une base de données LIMS (Laboratory Information Management System).

Préparation des librairies

séquence nucléotidique des courtes molécules d'ADN (100-300pb)



séquence nucléotidique des longues molécules d'ADN (>10kb)

Une plateforme de génomique

A la Genopole d'Evry, le Genoscope, centre national de séquençage, met ses équipements à disposition de l'EPGV.



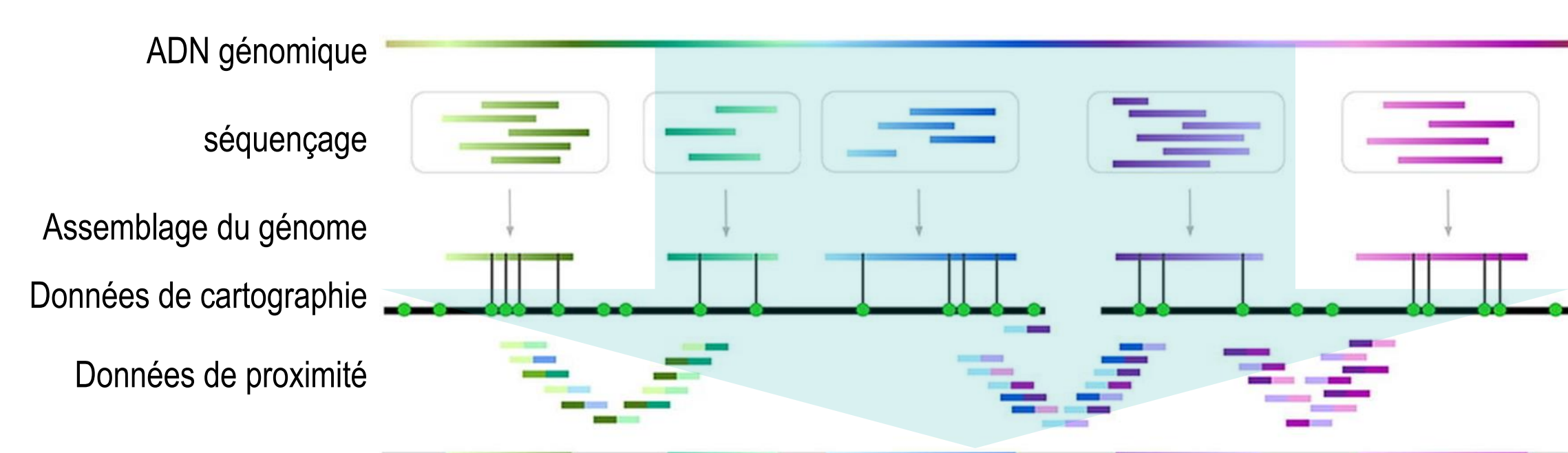
Le génotypage par séquençage

Identification de marqueurs génétiques: identification de points du génome qui présentent des variations entre individus.

Lecture de la séquence autour d'une sélection de marqueurs connus (SNPs cibles) sur de nombreux individus issus de populations, de croisements etc.... Le séquençage permet également d'identifier de nouveaux SNPs (SNPs de novo) plus ou moins proches du marqueur connu.

Assemblage et analyse comparative

Permet de reconstituer un génome avec les séquences génomiques produites lors du séquençage, combinées avec d'autres types d'informations.



Source: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2001037019303277>

Reconstitution des 15 chromosomes du lin
You et al, 2018. The Plant Journal

