



HAL
open science

Découverte de variants (SNPs) et génotypage à partir de données RNA-seq chez le peuplier noir

Odile Rogier, Souhila Amanzougarene, Marie-Claude Lesage Descauses, Sandrine Balzergue, Veronique Brunaud, José Caius, Ludivine Soubigou-Tacconnat, Véronique Jorge, Vincent Segura

► To cite this version:

Odile Rogier, Souhila Amanzougarene, Marie-Claude Lesage Descauses, Sandrine Balzergue, Veronique Brunaud, et al.. Découverte de variants (SNPs) et génotypage à partir de données RNA-seq chez le peuplier noir. Colloque EPGV 2016 "Détection, Gestion et Analyse du Polymorphisme des Génomes Végétaux", Oct 2016, Angers, France. hal-01603542

HAL Id: hal-01603542

<https://hal.science/hal-01603542>

Submitted on 5 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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - ShareAlike 4.0 International License

COLLOQUE EPGV_2016

DETECTION, GESTION ET ANALYSE DU POLYMORPHISME DES GENOMES VEGETAUX

05 – 06 – 07 octobre, Angers

EPGV
ÉTUDE DU POLYMORPHISME
DES GENOMES VÉGÉTAUX

IRHS
Institut de Recherche en
Horticulture et Semences

INRA
SCIENCE & IMPACT

AGRO CAMPUS
UNIVERSITÉ D'ANGERS

support-epgv@cng.fr

GENOTYPING
PILOT STUDY
PARTNERSHIP
WELCOME
GENOMIC TOOLS
EPGV
NGS
HIGH THROUGHPUT
CUTTING EDGE TECHNOLOGIES
POLYMORPHISM
SUPPORT
POLYPLOIDY

INRA
SCIENCE & IMPACT

Mercredi 5 octobre

12:45 Accueil des participants au Bon Pasteur, salle Notre-Dame

13:30

Ouverture du Colloque

Marie-Christine Le Paslier – INRA EPGV, Evry

Session I – Variants nucléotidiques

13:40 Polymorphisme de gènes candidats chez les rosiers sélectionnés au XIXe siècle en France

Jérémy Clotault – Université/INRA IRHS, Angers

14:00 Combining bulk segregant analysis with high-throughput sequencing to clone quantitative trait mutations: first results on early flowering F7p mutation

Stéphane Nicolas – INRA-GQE-Le Moulon, Gif sur Yvette

14:20 Découverte de variants (SNPs) et génotypage à partir de données RNA-seq chez le peuplier noir

Odile Rogier – INRA AGPF, Orléans

14:40 Apport du GBS chez les espèces fourragères

Philippe Barre – INRA URP3F, Lusignan

15:00 L'héritage napoléonien dans les populations de peuplier noir

Véronique Jorge – INRA AGPF, Orléans

15:20

Discussion

15:40

Pause

16:00 Densification du génotypage pour la sélection génomique chez le peuplier noir

Marie Pegard – INRA AGPF, Orléans

16:20 50K vs GBS vs 600K pour la détection de QTL par GWAS

Sandra Negro – AgroParisTech/INRA--GQE-Le Moulon, Gif sur Yvette

16:40 High-throughput genotyping in hexaploid wheat using the BreedWheat Axiom 420K SNP array

Jonathan Kitt – INRA GDEC, Clermont Ferrand

17:00 Génotypage SNP haut débit : retour d'expérience sur puces AXIOM 50k et 600k chez le tournesol

Nicolas Pouilly – INRA LIPM, Toulouse

17:15 Puce de génotypage Infinium multi-espèces vs mono-espèce : bilan

Aurélie Bérard – INRA EPGV, Evry

17:30 Seq vs puce: quels challenges aujourd'hui ?

Dominique Brunel/Patricia Faivre Rampant – INRA EPGV, Evry

17:40

Discussion

18:00

Clôture J1 - Temps libre

18:45

Autour de l'apéritif

19:30

Diner à l'Hostellerie

Jeudi 6 octobre

8:20 Accueil des participants

Session II – Variants structuraux

8:30 CNV chez l'épicea : détections et conséquences évolutives

John MacKay – University of Oxford, UK

8:55 Deciphering the contribution of Present/Absent variants to genetic diversity and traits using a 100k maize high-throughput array

Clément Mabire – INRA--GOE-Le Moulon, Gif sur Yvette

9:15 Characterization of large structural variations using large insert size Illumina mate-pair resequencing data

Guillaume Martin – CIRAD, Montpellier

9:35 Genome-wide analysis of the maize FV2 inbred line Presence/Absence Variants and their implication in European maize genetic originality

Johann Joets – INRA--GOE-Le Moulon, Gif sur Yvette

9:55 Étude d'une famille de gènes R dans le genre Vitis par analyse de CNV

Guillaume Barnabe – INRA SVQV, Colmar

10:15 **Discussion**

10:35 Pause

Session III – Epigénétique

10:55 Analyse du méthylome : retour d'expérience !

Stéphane Maury – LBLGC, Université, Orléans

11:15 Variation du méthylome entre lignées de maïs

Clémentine Vitte – CNRS-GOE-Le Moulon, Gif sur Yvette

, Session IV – Hors sentiers battus

11:35 Développement de ressources moléculaires chez l'espèce orpheline *Lavandula angustifolia* (lavande fine) pour la mise en place de nouvelles stratégies de sélection

Berline Fopa-Fomeju – INRA EPGV, Evry/Vegepolys, Angers

11:55 Le DNA barcoding : un outil à développer pour étudier les processus de pollinisation

Jean-Noël Galliot – INRA EPGV, Evry/UMRH Theix

12:15 **Discussion**

12:30 *Déjeuner au self de l'Hostellerie*

14:00 En route pour le centre INRA de Beaucozé

Session V – Découvertes angevines-IRHS

14:40 Présentation générale de l'IRHS (salle Authion, nouveau bâtiment)

Jean-Pierre Renou

15:00 Visite bâtiment recherche : Plateau ANAN/IMAC (60 min),

Muriel Bahut

16 :00 Visite UE : collection Pommiers (30 min)– Rosiers (20 min)

**Arnaud Guyader, Laurence Feugey
Fabrice Foucher, Tatiana Thouroude, Alix Pernet**

17 :00 Visite INEM (45 min) Visite vente de pommes

R.Gardet, Jean-Pierre Renou

17:45 Clôture j2 - Temps libre

18:30 *Proposition de promenade/découverte sur Angers - RDV face au Château*

19:30 *Dîner Festif à la Galerie David d'Angers*

Vendredi 7 octobre

8:50 Accueil des participants

Session VI – Ciblage génomique

9:00 RenSeq : méthodologie et application chez le Blé

Clémence Marchal – INRA IaM, Nancy/JIC, UK

9:20 Vers une meilleure compréhension des génomes végétaux : d'une organisation globale à une région ciblée

Céline Chantry-Darmon – INRA CNRGV, Toulouse

Session VII – Séquence de génomes

9:40 Séquençage de génome en 2017-2018
Oxford Nanopore Technology : Données et applications

Jean-Marc Aury – CEA-IG, Evry

10:10 Extraction ADN de haut poids moléculaire & SeQuel (PacBio)

Charles Poncet/Valérie Gautier – INRA Gentyane, Clermont Ferrand

10:30 **Discussion**

10:50 **Pause**

11:20 The apple reference genome and epigenome

Etienne Bucher – INRA IRHS, Angers

11:40 Séquençage *de novo* du génome du tournesol

Stéphane Muñoz – INRA LIPM, Toulouse

12:00 Bread Wheat Whole Genome Sequence Assembly

Frederic Choulet – INRA GDEC, Clermont-Ferrand

12:20 Stratégie de séquençage et de génotypage SNP haut débit du génome hautement polyploïde de la canne à sucre

Olivier Garsmeur – CIRAD, Montpellier

12:40 **Discussion**

13:00 **Fin du Colloque**

13:00 *Paniers Pique-nique*

Merci pour votre participation

A très bientôt !

L'unité EPGV