

 EPGV Unité1279_GAP 	Colloque EPGV 2010	page 1/3
	DETECTION, GESTION ET ANALYSE DU POLYMORPHISME DES GENOMES VEGETAUX	09 – 10 – 11 juin 2010

Programme_MAJ du 09/06/2010

Mercredi 09 Juin

13h30 Accueil

14h00 Ouverture du colloque **Dominique Brunel**, GAP-INRA, Evry

Session I - Technologies de séquençage-génotypage dans les projets : utilisation et résultats

14h10 SNIPlay, pipeline d'analyse du polymorphisme SNP (15'+5')
Alexis Dereeper, IRD, Montpellier

14h30 Vigne_des SNPs au génotypage Veracode (15'+5')
Stéphane Nicolas, GAP-INRA, Le Moulon

14h50 Vigne_Berry-Size (15'+5')
Cléa Houel, GAP-INRA, Evry

15h10 Blé_génotypage de polyploïdes : Veracode, iPlex (25'+5')
Catherine Ravel, Charles Poncet GAP-INRA, Clermont-Ferrand

15h40 – 15h50 Discussion

15h50-16h20 Pause

16h20 La génétique de la qualité de la tomate au GAFL et l'EPGV, pour le meilleur et pour le pyroséquençage (15'+5')
Stéphane Munos, GAP-INRA, Avignon

16h40 Pathogènes sur Pommier_Estimation de fréquence allélique par pyroséquençage (15'+5')
Amandine le Van, GAP-INRA, Angers

17h00 Plate-forme DART (15'+5')
Pierre Mournet, Cirad, Montpellier

Session II - Génotypage HD

17h20 Maïs_Construction de la puce 50 kSNPs (15'+5')
Alain Charcosset, GAP-INRA, Le Moulon

17h40 – 18h00 Discussion

18h00 Apéritif

 EPGV Unité1279_GAP 	Colloque EPGV 2010	page 2/3
	DETECTION, GESTION ET ANALYSE DU POLYMORPHISME DES GENOMES VEGETAUX	09 – 10 – 11 juin 2010

jeudi 10 Juin

9h00 Vigne_Analyse de la diversité (15'+5')
Patrice This, GAP-INRA, Montpellier

Session III - Technologies de Séquençage HD et applications

IIIa- Réduction de complexité génomique – enrichissement de régions d'intérêt

09h20 Brève revue des méthodes/articles (15'+5')
Marie-Christine Le Paslier, GAP-INRA, Evry

09h40 Plate-forme mutations du Genoscope : utilisation de la technologie Sequence Capture_Nimblegen sur génome humain (15'+5')
Gábor Gyapay, CEA-IG/Genoscope Evry

10h00 CRB-GADIE_ retour d'expériences (15'+5')
Karine Hugot, GA-INRA, Jouy en Josas

10h20 – 10h30 Discussion

10h30-11h00 Pause

IIIb- Les outils de séquençage et leurs applications sur les plateformes du CEA-IG

11h00 Genoscope : Les technologies et leurs applications en 2010-2011 (20'+10')
Patrick Wincker, CEA-IG/Genoscope, Evry

11h30 CNG : Apport du Genome Analyser sur les programmes de génotypage (20'+10')
Jorg Hager, CEA-IG/CNG, Evry

12h00 – 12h10 Discussion

12h10-13h20 Repas

IIIc- L'analyse des données de séquençage/re-séquençage

13h20 Le pipeline d'analyse du Genome Analyser et pipeline d'identification des SNPs (15'+5')
Yannis Duffourd, CEA-IG/CNG, Evry

13h40 Analyse des données de séquençage de novo (15'+5')
Jean-Marc Aury, CEA-IG/Genoscope, Evry

14h00 Pipeline de détection des SNPs/InDel (15'+5')
Marc Bras, GAP-INRA, Versailles

14h20 PlantReSeq_Analyse des données : synthèses des expériences (15'+5')
Stéphane Schlub, GAP-INRA, Evry

14h40 – 14h50 Discussion

14h50- 15h20 Pause

IIIId- Transcriptome haut-débit

- 15h20 Les outils de séquençage HD pour l'analyse du transcriptome : « revue critique » (15'+5')
Laurent Journot, CNRS, Montpellier
- 15h40 Analyse des données de transcriptome 454/GA. Compendium: un toolkit pour le clustering, l'annotation et la mesure de l'expression (15'+5')
Jerome Gouzy, SPE-INRA, Toulouse

16h00 – 16h10 Discussion

Séquence « Evasion »

- 16h10 Tara (20 '+10')
Claudia Chica, Genoscope, Evry

Séquence « Et demain ? »

- 16h40 Stratégie d'utilisation des puces de génotypages chez le bovin (15'+5')
Didier Boichard, GA-INRA, Jouy en Josas
- 17h00 Séquençage haut débit après screening de BACs (15 '+5')
Hélène Bergès, GAP-INRA, Toulouse
- 17h20 Et un raton laveur ! (15 '+5')
Dominique Brunel, GAP-INRA, Evry

17h40 – 18h10 Discussion

18h10 – 19h00 Séquence "Gagnante"

19h30- Départ pour le dîner

Vendredi 11 Juin

Session IV - Organisation et interactions plateformes et équipes projet

plateformes technologiques

plateformes bioinformatiques



équipes porteuses de projets

- 9h00 **Les plateformes technologiques**
Séquençage-génotypage : GentYane (Clermont-Ferrand), EPGV (Evry), Genotoul (Toulouse), PF Montpellier (15') **Charles Poncet**, GAP-INRA, Clermont Ferrand
Transcriptome : URGV (Evry) (10') **Sandrine Balzergue**, GAP-INRA, Evry
- 9h25 **Les plateformes bioinformatiques** pour les données de séquençage-génotypage
URGI (Versailles) (10') **Delphine Steinbach**, GAP-INRA, Versailles
LIPM (Toulouse) (10') **Jérôme Gouzy**, SPE-INRA, Toulouse
- 09h45 **Les équipes porteuses de projet** : Séquençage et SNPs, leurs besoins
Jean-Paul Bouchet, GAP-INRA, Avignon

10h05 - 10h30 Pause

10h30 – 12h30 Discussion triangulaire

Quels besoins et quel rôle pour chacun, quelle organisation relationnelle ?

13h00 Fin du colloque...à l'année prochaine !