

Génotypage à haut débit à l'aide de puces AXIOM chez le Tournesol.



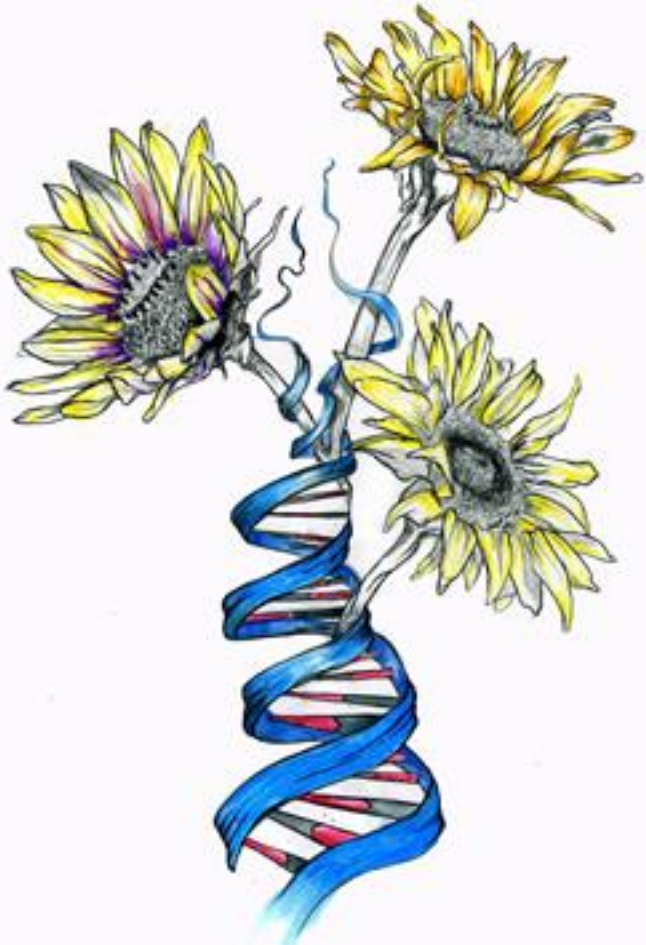
L'équipe Tournesol du LIPM du LIPM à l'INRA de Toulouse

Dirigée par Patrick Vincourt
(jusqu'à la fin de la semaine)

2 thématiques principales: -résistance à la sécheresse
-résistance aux pathogènes (mildiou, Orobanche,
Phoma)

Production de ressources génétiques et génomiques avec l'aide de l'équipe bioinformatique du LIPM et de collaborations (CNRGV, EPGV, Syngenta, Biogemma...).

Le tournesol et son génome



Helianthus annuus, famille des composées

Une plante annuelle originaire d'Amérique du nord

Un génome diploïde avec 2 x 17 chromosomes

Un génome estimé à 3.5Gb

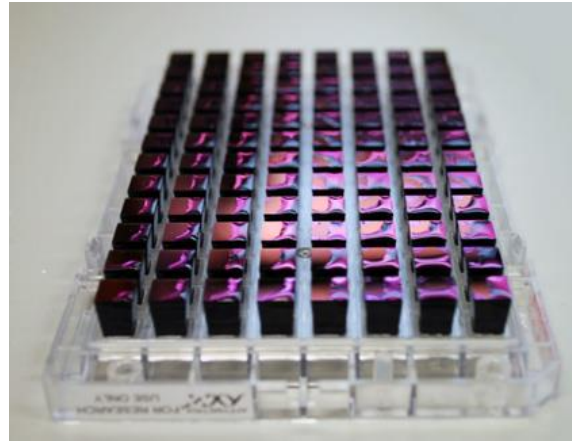
Le projet international de séquençage du génome du tournesol de la lignée HA412 (coord. par L. Rieseberg, University of British Columbia):

Annotation du génome grâce à EuGène et des données RNAseq. 13 lanes de Hiseq (2 x 76 nt, 80Gb) à différents stades de développement. HaT13l : un catalogue de 90266 peptides (53.8 Mb, 50% pleine longueur).

Puce Infinium (Illumina)
9832 SNPs x 1500 échantillons environ (juin 2011)

A la fin du contrat, possibilité de faire une puce AXIOM Affymetrix

Développement d'une puce AXIOM



83 191 SNPs x 1133 échantillons (janvier 2013)

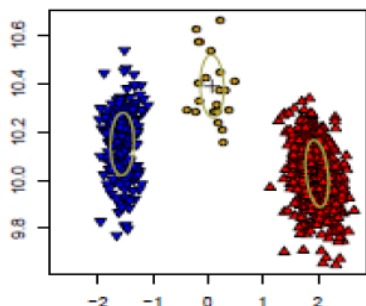
94 255 403 data

Seulement 0.3% de données manquantes

Carte génétique très facile à construire (CarthaGène) et très fiable (colinéarité parfaite avec les cartes des autres partenaires).

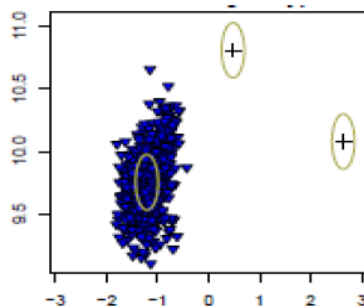
Définitions des catégories Axiom obtenues :

PolyHighResolution



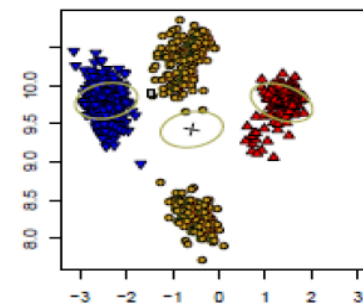
Good cluster resolution, and at least 2 example of the minor allele.

MonoHighResolution



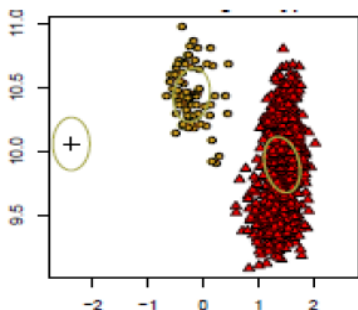
Less than 3 examples of the minor allele usually due to low MAF samples, but possible cluster fusion / compression

VINO



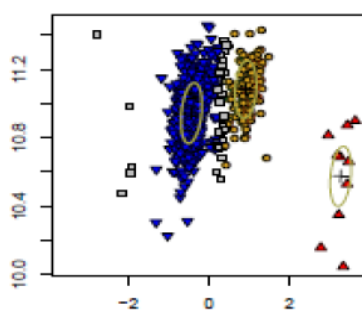
VINO's (discussed above) can be assayed by VINOtyping

No Minor Hom



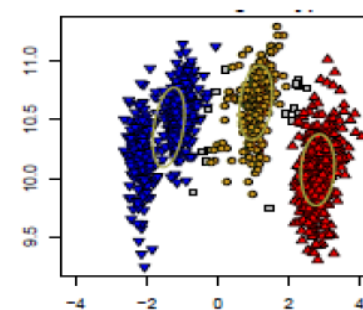
Two clusters with no examples of the minor homozygous genotypes.

CallRate Below Thresh.



SNP callrate is below threshold, but other cluster properties are above threshold.

Other



One or more cluster properties are below threshold. Expect lower quality genotypes

Exemple de l'utilité d'un génotypage haute densité: Clonage positionnel du QTL QRM1 de résistance au mildiou

Le mildiou du tournesol est dû à l'oomycète *Plasmopara halstedii*



nanisme



Capitules stériles

Hybrides commerciaux résistants grâce aux loci *Pl*.

Mais apparition de nouvelles races, phénomène de contournement des résistances.

Les QTL de résistance comme alternative et comme source de durabilité.

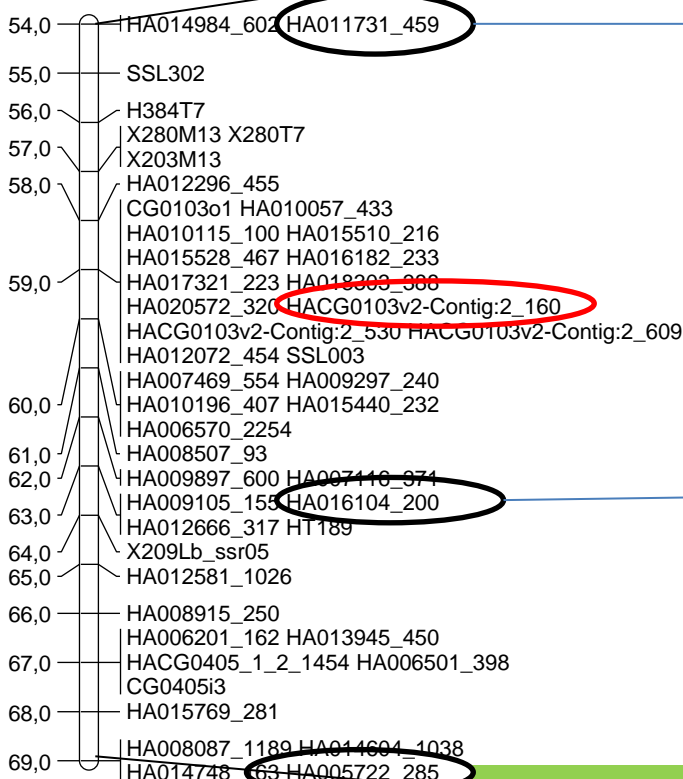
Densification en marqueurs moléculaires de la région de QRM1 et cartographie fine

Carte Infinium

Carte AXIOM

LG10

LG10

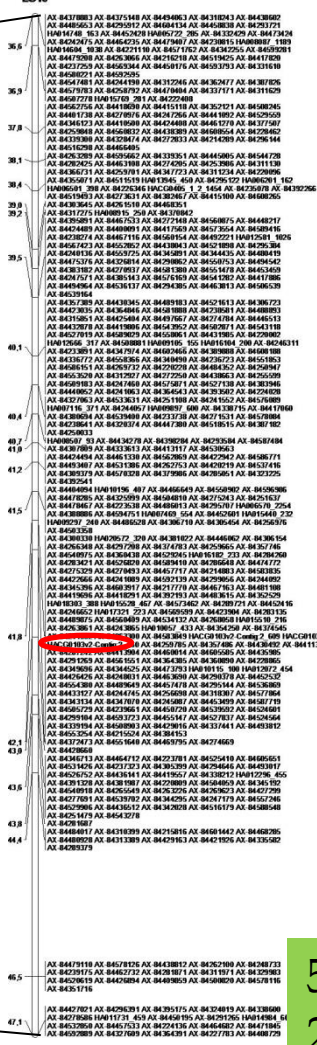


QRM1

644 recombinants



47 marqueurs
16 bins



504 marqueurs
22 bins



Objectif : améliorer la production d'huile issue de la culture d'hybrides de tournesol en condition de disponibilité réduite en eau.

17 partenaires

Durée: 7 ans et 4 mois

7 millions de subvention d'état

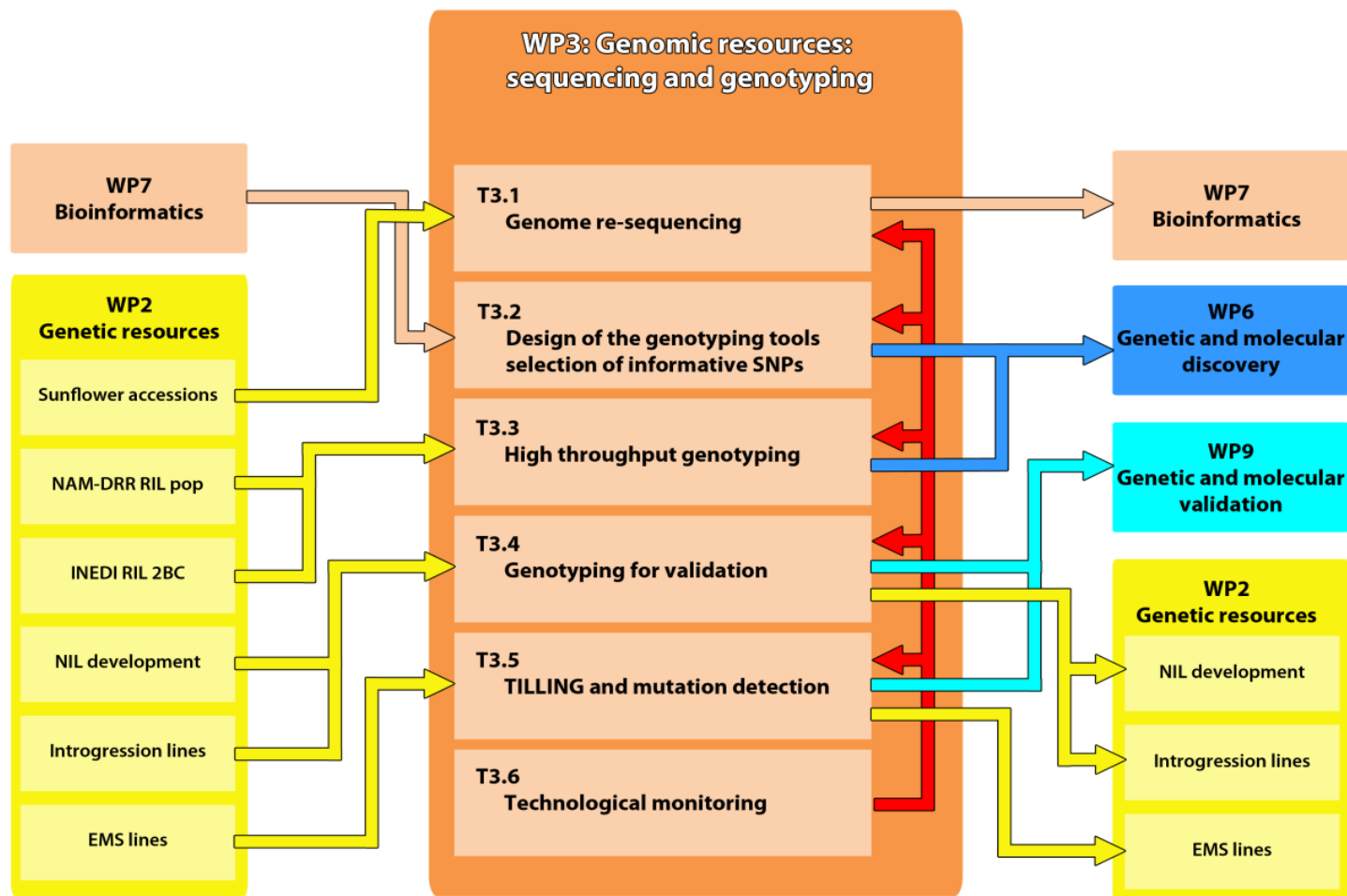
10 work packages

Coordinateur : P. Vincourt (N. Langlade à partir du 1^{er} juillet 2014)

Organisation du WP3

“Genomic resources: sequencing and genotyping”

Le WP3 est lié à 4 autres WP



T3.1 Re-séquençage des 72 lignées



INRA
SCIENCE & IMPACT

LIPM (Toulouse)
EPGV (Evry)

Objectif du re-séquençage:

-identifier les sites polymorphes sur les 72 parents pour prédire le génotype de chaque hybride du dispositif GWA. Ces données seront utilisées dans les analyses de GWAS et de sélection génomique (WP6).

T3.1 Re-séquençage des 72 lignées

Dispositif GWA-hybride (491 hybrides théoriques)

		Male																																			Male/ female			
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36			
Female	1	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	15		
	2	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	15	
	3	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	15
	4	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	15
	5	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	15
	6	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	15
	7	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	15
	8	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	15
	9	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	14
	10	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	14
	11	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	12	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	13	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	14
	14	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	15	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	16	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	17	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	18	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	12
	19	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	14
	20	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	14
	21	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	22	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	23	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	14
	24	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	25	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	26	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	27	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	28	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	12
	29	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	14
	30	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	14
	31	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	32	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	33	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	14
	34	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	35	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
	36	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	13
Female/ Male		15	15	15	15	15	15	15	15	15	14	14	13	12	14	14	13	13	12	14	14	13	12	14	14	13	12	14	14	13	12	14	14	13	12	14	14	13	491	

471 hybrides testés en conformité (voir WP2)

3 lignées élités/partenaire (2 femelles et 1 male)

+ 57 lignées publiques

T3.1 Re-séquençage des 72 lignées

Objectif du re-séquençage:

-sélectionner des SNPs pour la production d'une puce AXIOM de 600 000 SNPs (T3.2) qui servira au génotypage des dispositifs NAM-DRR et INEDI (T3.3).

-à plus long terme, faire des analyses de génomique structurale comparative.

T3.1 Re-séquençage des 72 lignées

Séquençage : on cible 10X de profondeur.
1 lane Hiseq (2x100nt) par échantillon.

Taille estimée du génome du tournesol: 3.5Gb

Où en est l'assemblage du génome?

XRQ (assemblage LIPM)

NUM 1007165
MIN 250
MAX 288882
N50 BP 18479
N50 NUM 25861
N90 BP 431
N90 NUM 419780
MEAN 1888.80
MEDIAN 392
BP 1902331496

=====

NUM-noN 1007165
MIN-noN 250
MAX-noN 237406
N50 BP-noN 9402
N50 NUM-noN 34006
N90 BP-noN 392
N90 NUM-noN 503916
MEAN-noN 1545.62
MEDIAN-noN 392
BP-noN 1556693944

1.56Gb

NUM 199944
MIN 1000
MAX 288882
N50 BP 24451
N50 NUM 18323
N90 BP 2513
N90 NUM 100700
MEAN 7921.31
MEDIAN 2535
BP 1583818286

=====

NUM-noN 199944
MIN-noN 1000
MAX-noN 237406
N50 BP-noN 15350
N50 NUM-noN 20800
N90 BP-noN 2101
N90 NUM-noN 115164
MEAN-noN 6192.64
MEDIAN-noN 2496
BP-noN 1238180734

1.23Gb

Utilisé pour
comme
référence
pour la
recherche
des SNPs

HA412 (assemblage Newbler-consortium)

NUM 3638
MIN 991
MAX 11567323
N50 BP 1088702
N50 NUM 579
N90 BP 303599
N90 NUM 1989
MEAN 585471.73
MEDIAN 355939
BP 2129946170

=====

NUM-noN 3638
MIN-noN 991
MAX-noN 1121975
N50 BP-noN 131151
N50 NUM-noN 725
N90 BP-noN 44309
N90 NUM-noN 2318
MEAN-noN 87591.67
MEDIAN-noN 63166
BP-noN 318658504

318Mb

T3.1 Re-séquençage des 72 lignées

Séquençage (72 lanes de HiSeq 2000 2x 100nt) chez 2 prestataires et à EPGV:

-Integragen (Evry):	36 échantillons
-Plateforme de Génomique de Toulouse :	18 échantillons
-EPGV :	18 échantillons

Données reçues entre le 25 janvier 2013 et le 26 juin 2013 (il a fallu séquençer un peu plus certaines accessions)

T3.1 Re-séquençage des 72 lignées

Bilan

Nombre de fichiers séquençage fastq : 178

Total de séquence (Q30) : 2 545 929 Mb (équivalent à 727 fois la taille du génome du tournesol)

Profondeur moyenne : 10,1X

%GC: 38

T3.2: sélection des SNPs et design d'une puce AXIOM

600 000 SNPs



syngenta



Objectif:

-sélectionner les SNPs pour la création d'une puce de génotypage AXIOM à haut débit (600 000 SNPs)

T3.2: sélection des SNPs et design d'une puce AXIOM

600 000 SNPs

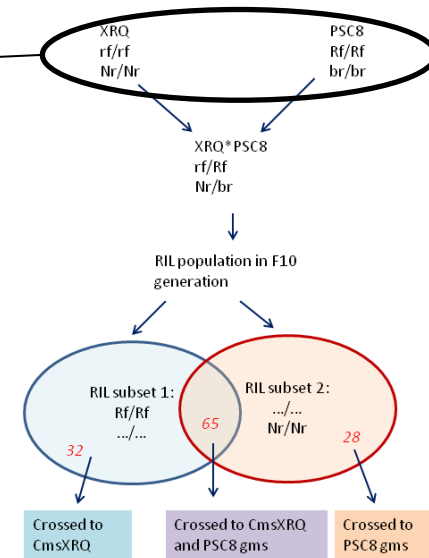
Utilisation de la puce 600 000 SNPs pour

Les 9 parents font partie des 72 lignées re-séquencées

Dispositif NAM-DRR

Cross	Parental lines								
	R	B	R	B	R	B	R	B	R
	RHA438	IR	PSC8	XRQ	QP8/QP8	ADV	3HR4RM	2603RM	PW3RM
	SF281	SF092	SF326	SF193	SF279	SF009	SF317	SF109	SF342
1	M	F	0	0	0	0	0	0	0
2	D	0	D	0	0	0	0	0	0
3	0	F	M	0	0	0	0	0	0
4	0	D	0	D	0	0	0	0	0
5 (INEDI)	0	0	M	F	0	0	0	0	0
6	0	0	D	0	D	0	0	0	0
7	0	0	0	F	M	0	0	0	0
8	0	0	0	D	0	D	0	0	0
9	0	0	0	0	M	F	0	0	0
10	0	0	0	0	D	0	D	0	0
11	0	0	0	0	0	F	M	0	0
12	0	0	0	0	0	D	0	D	0
13	0	0	0	0	0	0	M	F	0
14	0	0	0	0	0	0	D	0	D
15	0	0	0	0	0	0	0	F	M
16	M	0	0	0	0	0	0	F	0
17	0	F	0	0	0	0	0	0	M
18	D	0	0	0	0	0	0	0	D

Dispositif INEDI



18 populations
32 RILs/population (x 3 testeurs)
576 échantillons + 3 testeurs

190 RILs

Problématique de cartographie

18 populations de 32 RILs : très peu de précision de cartographie génétique par population.

C'est le dispositif complet qui donne de la puissance : 576 RILs.

Nécessité de fusionner les données de génotypage des 18 populations.

Problème: un SNP ne sera pas polymorphe entre les 2 parents de chaque croisement.

T3.2: sélection des SNPs et design d'une puce AXIOM

600 000 SNPs

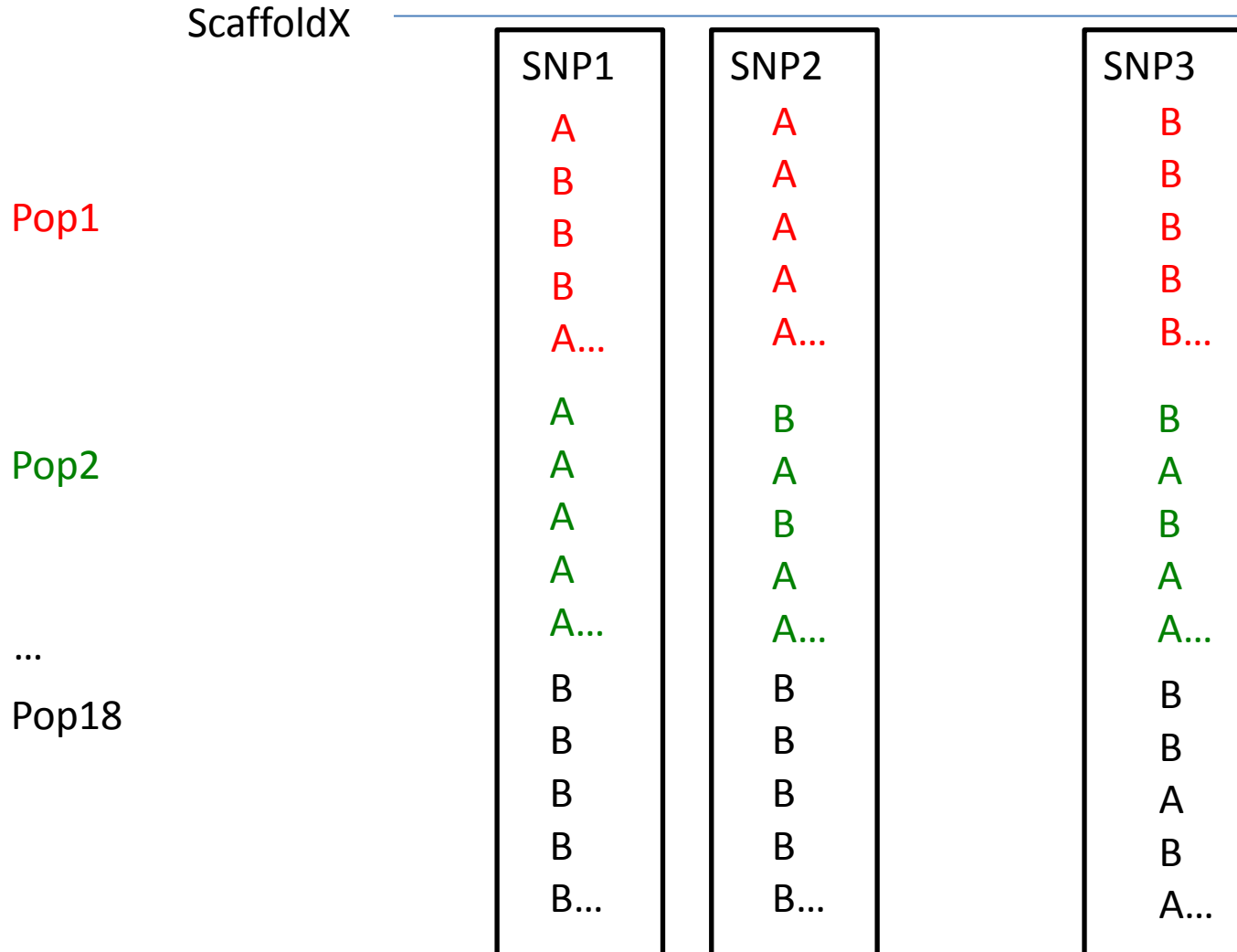
Solution : on ne va pas cartographier un SNP mais une région génomique

ScaffoldX	SNP1	SNP2	SNP3
Pop1	A	A	B
	B	A	B
	B	A	B
	B	A	B
	A...	A...	B...
Pop2	A	B	B
	A	A	A
	A	B	B
	A	A	A
	A...	A...	A...
...			
Pop18	B	B	B
	B	B	B
	B	B	A
	B	B	B
	B...	B...	A...

T3.2: sélection des SNPs et design d'une puce AXIOM

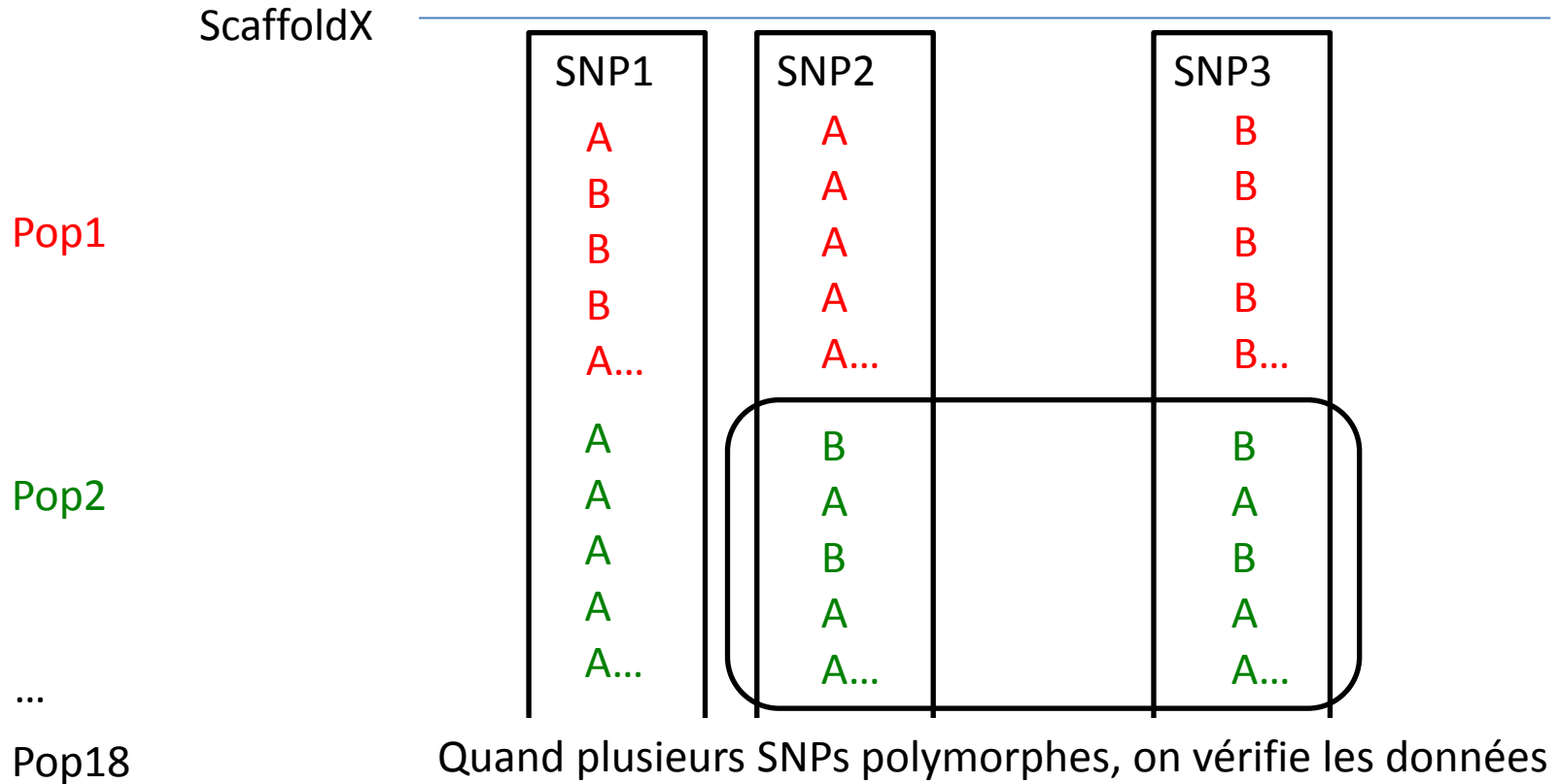
600 000 SNPs

On ne fusionne pas les données pour chaque SNP



T3.2: sélection des SNPs et design d'une puce AXIOM

600 000 SNPs



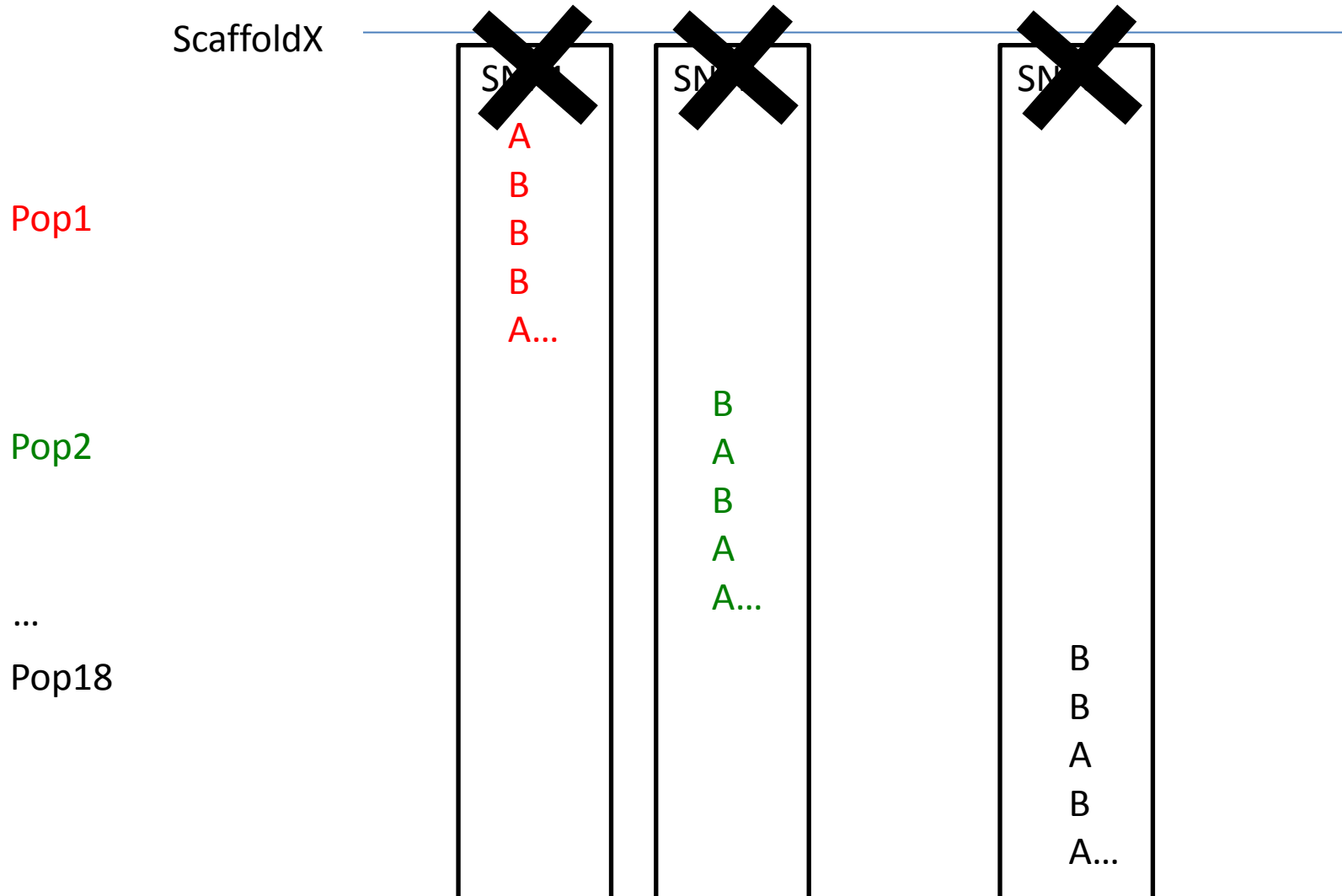
Quand plusieurs SNPs polymorphes, on vérifie les données de génotypage.

Ou si il y a eu recombinaison entre SNPs.

T3.2: sélection des SNPs et design d'une puce AXIOM

600 000 SNPs

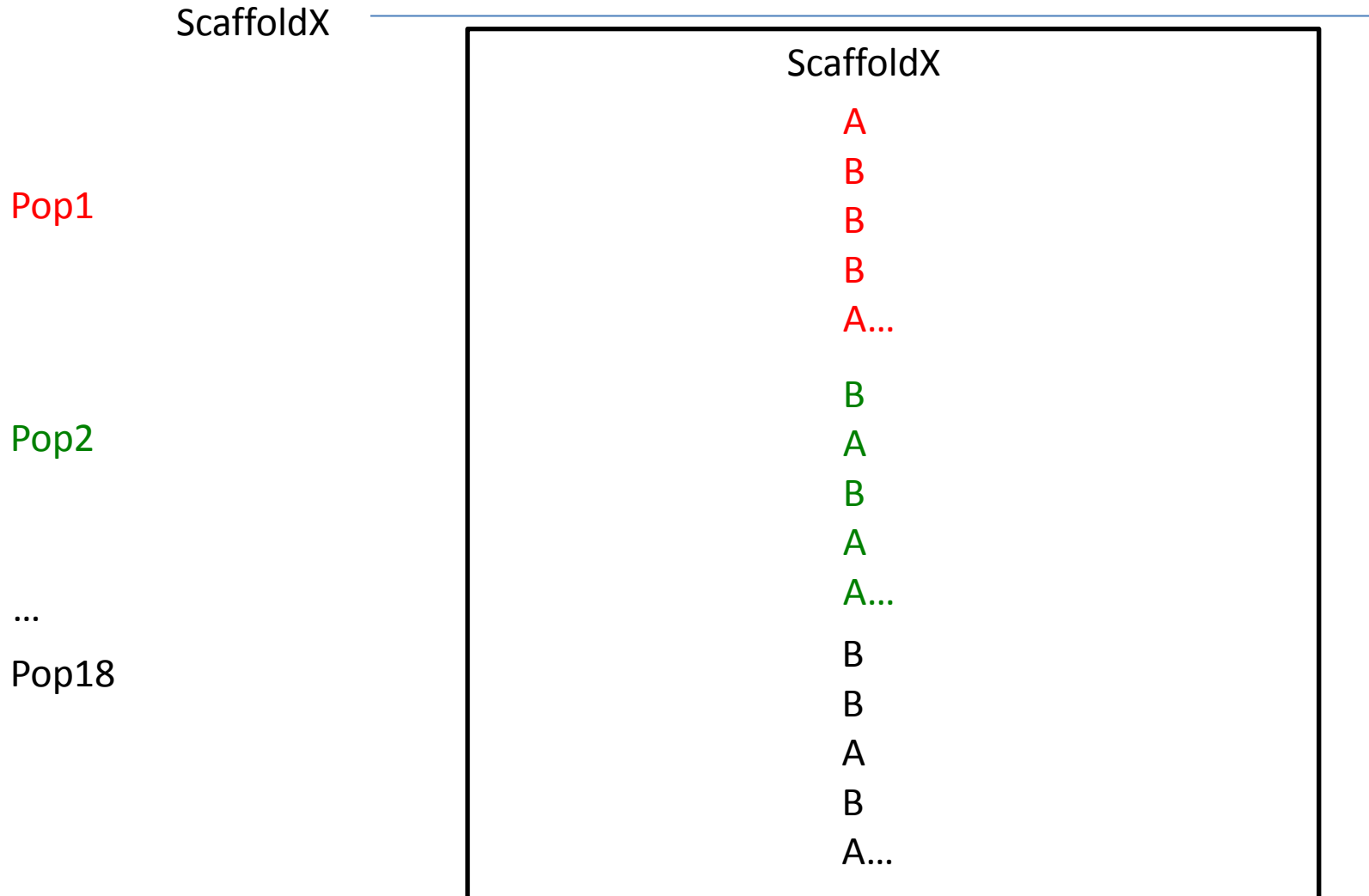
On fusionne les données de plusieurs SNPs/scaffold



T3.2: sélection des SNPs et design d'une puce AXIOM

600 000 SNPs

On fusionne les données de plusieurs SNPs/scaffold



Objectif de la puce AXIOM-SUNRISE

30 000 loci répartis sur le génome.

20 SNPs/locus de telle sorte qu'ils discriminent le plus de croisements parmi les 18 du dispositif NAM-DRR.

Identification des SNPs

Choix des programmes et paramètres suite a discussion/visioconférence avec Johann Joets (IA Amaizing) :
(bwa mem; mpileup, varscan)

→ Génération d'un fichier VCF brut contenant l'information sur le polymorphisme pour chacune des 72 accessions.

Filtrage préalable:

- un contexte de 10 nucléotides sans SNP pour une des 72 accessions.
- on garde le SNP s'il existe:
 - au moins 10 génotypes qui donnent l'allèle variant
 - au moins 10 génotypes qui donnent l'allèle de référence
- pour l'allèle variant et pour l'allèle de référence, il y a au moins un génotype où le séquençage a été fait sur les deux brins
- on ne garde que les SNPs bialléliques
- on supprime le SNP si le reséquençage XRQ donne un génotype variant

Nombres post filtrage préalable:

SNPs: 6 348 868 / Scaffolds: 161 955 / Nucléotides: 1.5G

Assemblage de référence XRQ (scaffolds >= 1000nt)

NUM	199944
N50 BP	24451
MEAN	7921.31
MEDIAN	2535
BP	1 583 818 286
BP-noN	1 238 180 734

Définitions

Fenêtre discriminant N croisements: ensemble de tous les SNPs situés sur un même scaffold permettant de différencier les deux parents pour N croisements.

Compression d'une fenêtre discriminante: on supprime des SNPs tout en s'assurant que la fenêtre garde son pouvoir discriminant.

Identifications des fenêtres discriminantes

Nombre minimum de croisements discriminés	Nombre de fenêtres	Nombre de SNPs	Nombre de scaffolds	Taille des fenêtres
18	10 433	640 335 61.4 SNPs/WIN	7 742 1.3 Win/Scaffold	326 926 916 Win Max: 105 741 Mean/win: 13 714
17	25 475	970 952 38.1 SNPs/WIN	15 119 1.7 Win/Scaffold	520 436 093 Win Max: 101 892 Mean/win: 9 053
16	53 111	1 167 310 22 SNPs/WIN	23 321 2.3 Win/Scaffold	665 344 729 Win Max: 94 681 Mean/win: 5359

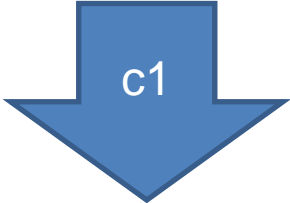
Par rapport a l'objectif 600kSNP & 30000 fenêtres

- Seulement 10 433 fenêtres discriminent les 18 croisements
- Si on baisse le pouvoir discriminant on a trop de SNPs

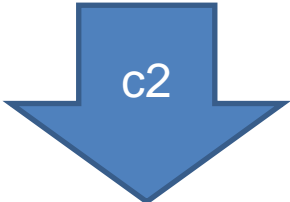
➔ Il faut trouver un compromis en jouant le pouvoir discriminant et le niveau de compression a l'intérieur des fenêtres

Diminuer le nombre de SNPs par suppression de la redondance

3 étapes de compression successives:



Suppression des SNPs monomorphes: toutes les accessions ont la même base, ou une base indéterminée (**Rappel: on a fait l'identification des SNPs à partir des données de ré-séquençage des 72 accessions**)



Suppression des SNPs redondants stricts (même génotype pour les 9 parents). On garde le SNP à la plus petite position.



On considère chaque SNP par ordre de position croissante, et on le supprime si la fenêtre garde son pouvoir discriminant sans lui.

Compression c1

Suppression des SNPs monomorphes

Scaffold	Position	Parent1	Parent2	Parent3	Parent4	Parent5
Scaffold01	510	A	A	T	T	A
Scaffold01	570	?	A	T	?	?
Scaffold01	620	A	T	T	T	A
Scaffold01	817	T	T	T	T	T
Scaffold01	1203	C	C	G	G	G
Scaffold01	1654	C	C	C	?	?
Scaffold01	1821	C	C	G	G	G
Scaffold01	2123	A	C	C	A	A



Scaffold	Position	Parent1	Parent2	Parent3	Parent4	Parent5
Scaffold01	510	A	A	T	T	A
Scaffold01	570	?	A	T	?	?
Scaffold01	620	A	T	T	T	A
Scaffold01	817	T	T	T	T	T
Scaffold01	1203	C	C	G	G	G
Scaffold01	1654	C	C	C	?	?
Scaffold01	1821	C	C	G	G	G
Scaffold01	2123	A	C	C	A	A

Compression c2

c1 + Suppression des SNPs redondants



Scaffold	Position	Parent1	Parent2	Parent3	Parent4	Parent5
Scaffold01	510	A	A	T	T	A
Scaffold01	570	?	A	T	?	?
Scaffold01	620	A	T	T	T	A
Scaffold01	1203	C	C	G	G	G
Scaffold01	1821	C	C	G	G	G
Scaffold01	2123	A	C	C	A	A



Scaffold	Position	Parent1	Parent2	Parent3	Parent4	Parent5
Scaffold01	510	A	A	T	T	A
Scaffold01	570	?	A	T	?	?
Scaffold01	620	A	T	T	T	A
Scaffold01	1203	C	C	G	G	G
Scaffold01	1821	C	C	G	G	G
Scaffold01	2123	A	C	C	A	A

Compression c3

c2 + Suppression des SNPs inutiles (la fenêtre discrimine toujours au moins N croisements)



Scaffold	Position	Parent1	Parent2	Parent3	Parent4	Parent5
Scaffold01	510	A	A	T	T	A
Scaffold01	570	?	A	T	?	?
Scaffold01	620	A	T	T	T	A
Scaffold01	1203	C	C	G	G	G
Scaffold01	2123	A	C	C	A	A



Scaffold	Position	Parent1	Parent2	Parent3	Parent4	Parent5
Scaffold01	510	A	A	T	T	A
Scaffold01	570	?	A	T	?	?
Scaffold01	620	A	T	T	T	A
Scaffold01	1203	C	C	G	G	G
Scaffold01	2123	A	C	C	A	A

Compression niveau 2 et 3

Nombre minimum de croisements discriminés	Nombre de fenêtres	Compression niveau 3 Nombre de SNPs	Compression niveau 2 Nombre de SNPs	Nombre de scaffolds	Taille des fenêtres
18	10 433	47 565 4.6 SNPs/WIN	377 537 36.2 SNPs/WIN	7 742 1.3 Win/Scaffold	326 926 916 Win Max: 105 741 Mean/Win: 13 714
17	25 475	104 721 4.1 SNPs/WIN	597 748 23.5 SNPs/WIN	15 119 1.7 Win/Scaffold	520 436 093 Win Max: 101 892 Mean/Win: 9 053
16	53 111	188 107 3.5 SNPs/WIN	754 951 14.2 SNPs/WIN	23 321 2.3 Win/Scaffold	665 344 729 Win Max: 94 681 Mean/Win: 5359
18 U 17 U 16		228 573	1 049 529	23 321	665 344 729

Liste de 597 748 SNPs fournie à Affymetrix.

589 177 SNPs montables sur la puce.

Au final, 586 985 SNPs sur la puce AXIOM.

La puce AXIOM SUNRISE en pratique

12 mois pour le design (séquençage + identification et sélection des SNPs)

Un mois pour la soumission (contraintes Affymetrix peu claires)

Un mois pour la production

Puce disponible fin juin

Hybridation sur la plateforme Gentyane

Coût : 210€/échantillon

Ticket d'entrée: 200k€

Perspective

Design d'une puce 60 000 SNPs au format 384 à partir des SNPs fonctionnels de la puce 600k

Si moins de 40€/échantillon pour 10 000 achetés

MERCI à

Toute l'équipe Tournesol

Marie-Claude Boniface
Nicolas Pouilly
Nicolas Blanchet
Maurane Marlet
Pauline Duriez
Romain Dinis
Baptiste Mayjonade
Luis Buendia
Elena Cadic
Laurence Godiard
Gwenaëlle Marchand
Didier Varès
Quentin Gascuel
Lolita Lorenzon
Adeline Chaubet
Gwenola Marage
Nicolas Langlade
Patrick Vincourt

Equipe LIPM Bioinformatique

Ghislain Fievet
Ludovic Legrand
Sébastien Carrère
Jérôme gouzy

CNRGV

Hélène Bergès
Nathalie Rodde
Sonia Vautrin
Arnaud Bellec
William Marande

EPGV

Aurélie Bérard
Dominique Brunel
Marie-Christine Le Paslier

Syngenta

Joël Piquemal

Biogemma

Marie Coque