

COLLOQUE EPGV_2014

DETECTION, GESTION ET ANALYSE

DU

POLYMORPHISME DES GENOMES VEGETAUX

EPGV

ETUDE DU POLYMORPHISME
DES GENOMES VÉGÉTAUX

support-epgv@cng.fr



Lundi 23 Juin

13 :00 Accueil des participants au CEA-IG/CNG, salle de conférence Bat G2

13:30 **Ouverture du Colloque**

Dominique Brunel, organisateurs du colloque
Jean-François Deleuze, Directeur du CNG

Session I –Génotypage et séquençage haut-débit : technologies et applications

Marie-Christine LE PASLIER

14:00 Intérêts d'approches génomiques complémentaires pour l'analyse de la diversité génétique fonctionnelle de populations naturelles de Peuplier Noir

Catherine Bastien – INRA AGPF, Orléans

14:30 Recombinaison méiotique chez Arabidopsis thaliana: beaucoup de bruits pourpeu d'évènements

Christine Mézard – INRA IJPB, Versailles

15:00 Identification de loci candidats associés à la qualité du fruit chez la tomate, Solanum lycopersicum, par une approche de génétique d'association multilocus

Christopher Sauvage – INRA GAFL, Avignon

15:30 Genome-wide characterization of gene-families in resequencing projects - challenges and perspectives

Maharajah Ponnaiah– INRA EPGV, Evry

16:00 **Discussion**

16:30 **Pause**

17:00 Identification de gènes contrôlant des caractères majeurs chez la Tomate Micro-Tom par séquençage de mutants EMS

Lucie Fernandez – INRA BFP, Bordeaux

17:30 Génotypage et Séquençage haut-débit : quoi pour quoi?

Marie-Christine Le Paslier – INRA EPGV, Evry

18:00 **Discussion**

18:30 *Discussion autour de l'apéritif*

Mardi 24 Juin

8:40 Accueil des participants

Session II – Réflexions autour du Génotypage : hybridation vs séquençage

Patricia Faivre-Rampant

9:00 High-throughput genotyping in hexaploid wheat using the BreedWheat Axiom 420K SNP chip on Gentyane platform

Charles Poncet – INRA GDEC, Clermont Ferrand

9:25 Génotypage à haut débit à l'aide de puces AXIOM chez le Tournesol

Stéphane Muños – INRA LIPM, Toulouse

9:50	Génotypage Infinium : bilan EPGV	Aurélie Bérard – INRA EPGV, Evry
10:15	Table Ronde/Discussion	
10:45	Pause	
11:15	Génotypage (GBS) d'une large population multiparentale de sorgo de type BCNAM.	Angélique Berger – CIRAD, Montpellier
11:40	Genotyping By Sequencing by Cornell: a wonderful tool to explore genetic diversity within maize inbred lines collection provided that your imputation is well done	Stéphane Nicolas – INRA-GV, Moulon
12:05	Génotypage : autre approches	Marie-Christine Le Paslier – INRA EPGV, Evry
12:30	Table Ronde/Discussion	
13:00	Déjeuner : les p'tits bocaux	
	Session I (suite) – Génotypage et séquençage haut-débit : technologies et applications	Marie-Christine LE PASLIER
14:00	Recent pea genomic resources for diversity and mapping studies in pea	Judith Burstin – INRA GEAPSI, Dijon
14:30	France Génomique, une infrastructure au service de la communauté	Pierre Le Ber – CEA-IG/GENOSCOPE, Evry
15:00	<i>Visite Genoscope et CNG</i>	Robert Olasso – CEA-IG/CNG, Evry Arnaud Lemainque – CEA-IG/GENOSCOPE, Evry
16:15	Pause	
	Session III – Analyse d'écosystèmes complexes par approches NGS	Dominique Brunel
16:30	TaraOcéans : du bateau au labo...de l'échantillonnage à la purification des acides nucléiques	Julie Poulain – CEA-IG/GENOSCOPE, Evry
16:55	TaraOcéans: des acides nucléiques aux séquences	Adriana Alberti – CEA-IG/GENOSCOPE, Evry
17:20	Metagénomique & métatranscriptomique eucaryote : stratégies, problématiques et exemples du projet TaraOcéans	Eric Pelletier – CEA-IG/GENOSCOPE, Evry
17:45	Oak infection by a major fungal pathogen (Erysiphe alphitoides) is associated with modified microbial communities	Boris Jakuschkin – UMR BIOGECO, Bordeaux
18:10	Discussion	
19:30	<i>Diner</i>	

Mercredi 25 Juin

8:40 Accueil des participants

9:00 Le séquençage massif pour caractériser la diversité microbienne des sols : standardisation et applications au sein de la plateforme GenoSol

9:30 Interactions *Medicago truncatula* – communautés microbiennes dans la rhizosphère : de l'amélioration de la valeur adaptative de l'hôte au pilotage des interactions dans un contexte agroécologique

Sébastien Terrat – INRA GenoSol, Dijon

Christophe Mougel – INRA IGEPP, Rennes

Session IV – Réflexions autour de l'assemblage de génome : hétérozygotie, polyploïdie, génome orphelin

10:00 Un détour vers le Génome Humain : Un point sur l'analyse de données d'Exome et Génome entier

Vincent Meyer – CEA-IG/CNG, Evry

10:30 **Pause**

11:00 Méthodes de séquençage et d'assemblage de génome eucaryote et complexité des génomes

Amin Madoui – CEA-IG/GENOSCOPE, Evry

11:30 Caractérisation de variations structurales intra-spécifiques par assemblage de novo de short-reads

Johann Joets – INRA-GV, Moulon

12:00 Apport du RNA-Seq dans l'étude des génomes orphelins

Véronique Brunaud – INRA-URGV, Evry

Etienne Delannoy – INRA-URGV, Evry

12:30 **Table ronde Discussion**

13:00 **Fin du Colloque**

13:00 **Déjeuner : sandwich party**

Merci pour votre participation

A très bientôt !

L'équipe EPGV

