

COLLOQUE EPGV_2016

DETECTION, GESTION ET ANALYSE DU POLYMORPHISME DES GENOMES VEGETAUX

05 – 06 – 07 octobre, Angers

EPGV
ETUDE DU POLYMORPHISME
DES GENOMES VÉGÉTAUX

IRHS
Institut de Recherche en
Horticulture et Semences

INRA
SCIENCE & IMPACT

AGRO-CARPUS

Ua
UNIVERSITÉ
d'ANGERS

support-epgv@cng.fr

GENOTYPING
PILOT STUDY
PARTNERSHIP
WELCOME
GENOMIC TOOLS
EPGV
NGS
SNP
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

Dîner 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

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

Fabrice Foucher, Tatiana Thouroude, Alix Pernet

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