



Aurélié Berard, Aurélié Canaguier, Aurélié Chauveau, Sandrine Contentot, Isabelle Le Clainche, Elodie Marquand,
Patricia Faivre-Rampant et Marie-Christine Le Paslier

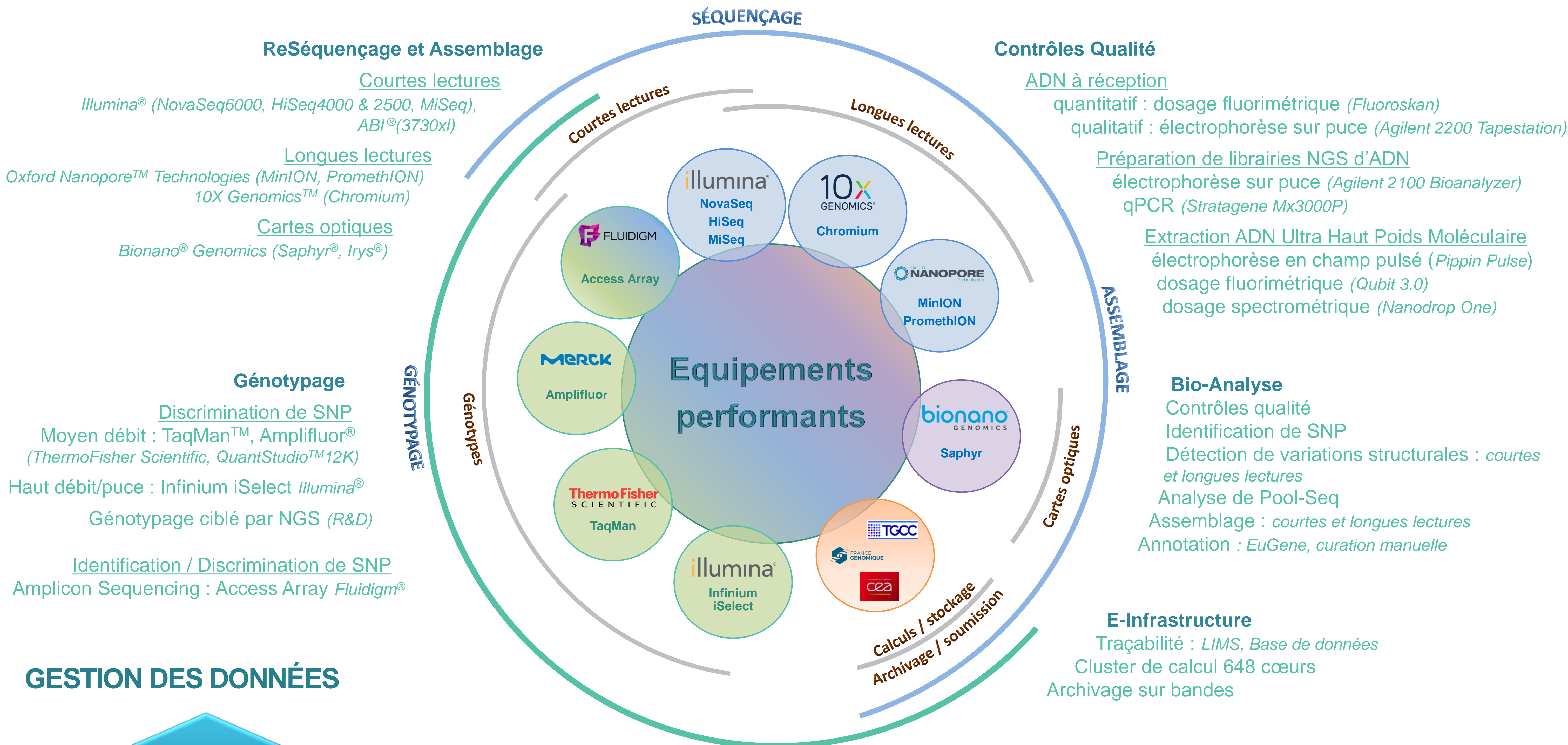
OBJECTIFS ET MISSIONS

Avec nos 2 équipes Développement Technologique & Production et Informatique & Bio-Informatique, nous répondons aux besoins des projets en génomique végétale et environnementale pour l'étude de polymorphismes ponctuels (SNP) et des variations structurales.

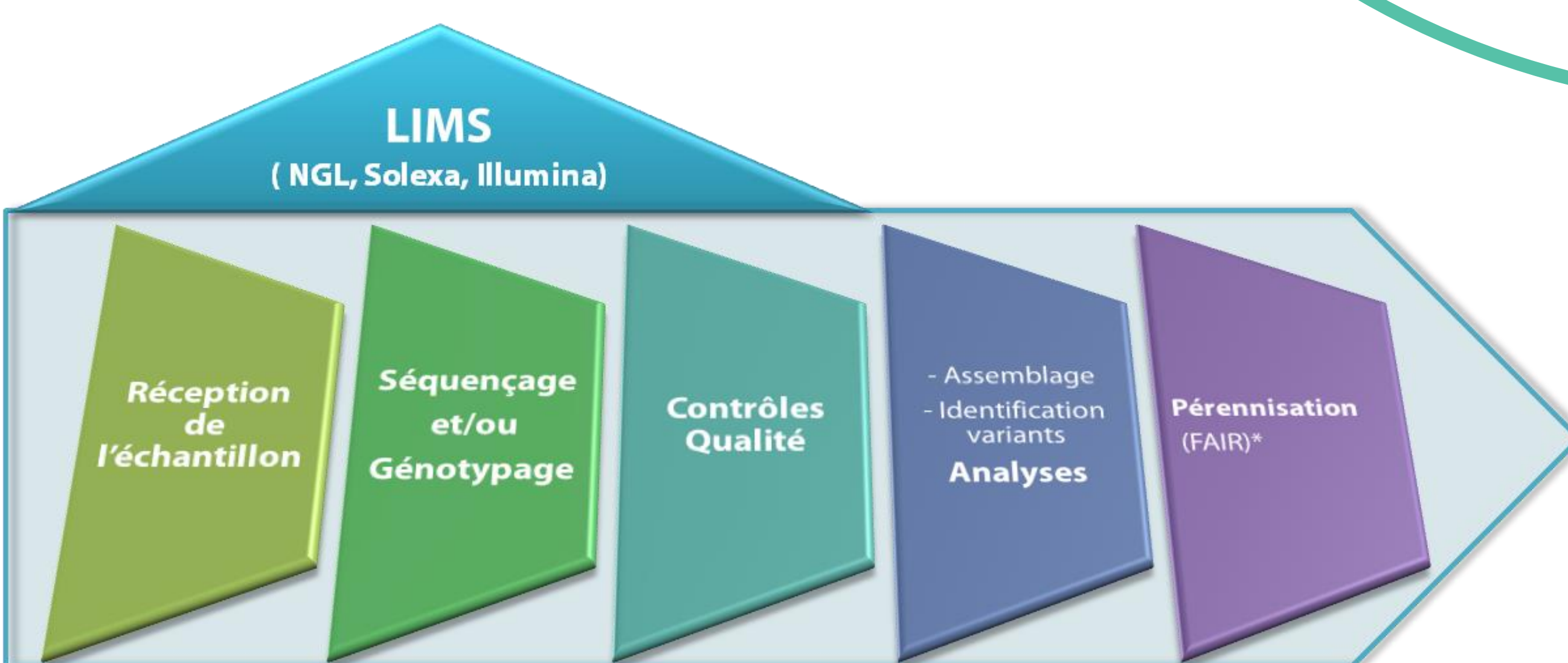
- Production de données de qualité : **Séquençage et Génotypage**
- **Solutions innovantes** pour l'étude du polymorphisme des génomes
- **Conseil et expertise**
- **Bio-Analyse** (recherche de polymorphisme, appel de génotypes, annotation)
- Gestion des données et métadonnées reçues et produites (**FAIR**).
- Formation, animation et diffusion des savoirs (**Colloque EPGV**, **Génome à l'école**).

SAVOIR FAIRE, MÉTHODOLOGIES & ÉQUIPEMENTS

Localisée au Genoscope, l'EPGV bénéficie de l'accès aux équipements du Genoscope et aux services du CNRGH.



GESTION DES DONNÉES



* Stockage, sauvegarde, soumission, archivage



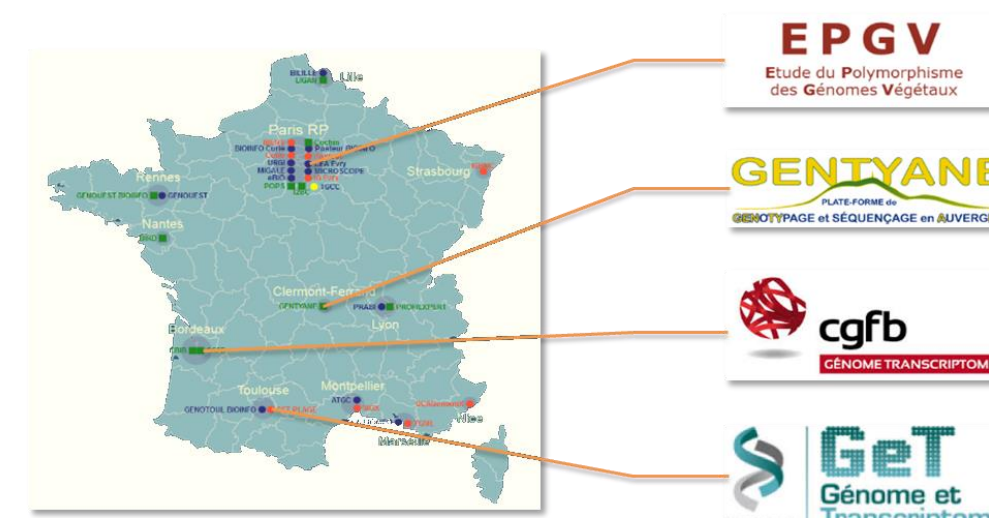
RÉSULTATS

- Séquençage et ReSéquençage d'espèces de grandes cultures, ornementales, fruitières, maraîchères, forestières et aromatiques.
- Puces de génotypage HD, coordination d'une puce européenne multi-espèces d'arbres forestiers.
- Pipeline annotation de gènes NBS-LRR : *NLGenomeSweeper* sous *SourceSup*. DOI : 10.15454/DS6VIK
- Pipeline d'analyse BSA-Seq : Canaguier et al. Poster at 7th International Poplar Symposium (Buenos Aires). URL : <http://prodinra.inra.fr/record/452557>
- Identification de Variations Structurales : *Peuplier*, *CNV4Sel* (Métaprogramme *SelGen*) et *Arabidopsis*, *SV_Arabido* (Collaboration EPGV-Genoscope)
- Colloque EPGV : <https://www.versailles-grignon.inra.fr/epgv/Colloque>

INRA GÉNOMIQUE

...vers une Infrastructure de Recherche Distribuée

https://twitter.com/Geno_INRA



ACCESSIBILITÉ

Partenariat avec la recherche publique dans le cadre de projets nationaux et européens : support-epgv@inra.fr

RÉFÉRENCES

- Kreplak et al. (2019). A reference genome for pea provides insight into legume genome evolution. *Nat Genet*. DOI:10.1038/s41588-019-0480-1. Projet GenoPea, ANR
- Pegard et al. (2019). Sequence imputation from low density single nucleotide polymorphism panel in a black poplar breeding population. *BMC Genomics*. DOI : 10.1186/s12864-019-5660-y. Projet BreedToLast, Mp SelGen
- Lallemand et al. (2019). Thirteen new plastid genomes from mixotrophic and autotrophic species provide insights into heterotrophy evolution in Neottieae orchids. *Genome Biology and Evolution*. DOI : 10.1093/gbe/evz170. Projet Mixo-Orc, Prestation
- Blary et al. (2018). FANCM Limits Meiotic Crossovers in Brassica Crops. *Frontiers in Plant Science*. DOI : 10.3389/fpls.2018.00368. Projet CROC, ANR
- Fopa Fomeju et al. (2018). Quick and efficient approach to develop genomic resources in orphan species: application in *Lavandula angustifolia*. bioRxiv. DOI : 10.1101/381400. Projet GenoLavande, CASDAR
- Hibrand Saint Oyant L et al. (2018). A high-quality genome sequence of *Rosa chinensis* to elucidate ornamental traits. *Nature Plants*. DOI : 10.1038/s41477-018-0166-1. Projet GenoRose, ANR
- Rimbert et al. (2018). High throughput SNP discovery and genotyping in hexaploid wheat. *Plos One*. DOI : 10.1371/journal.pone.0186329. Projet BreedWheat, PIA
- Laucou et al. (2018). Extended diversity analysis of cultivated grapevine *Vitis vinifera* with 10K genome-wide SNPs. *Plos One*. DOI : 10.1371/journal.pone.0192540. Projet GrapeReSeq, ANR
- Darracq et al. (2018). Sequence analysis of European maize inbred line F2 provides new insights into molecular and chromosomal characteristics of presence/absence variants. *BMC Genomics*. DOI : 10.1186/s12864-018-4490-7. Projet Amazing, PIA
- Rincent et al. (2018). Phenomic Selection Is a Low-Cost and High-Throughput Method Based on Indirect Predictions: Proof of Concept on Wheat and Poplar. *G3*. DOI : 10.1534/g3.118.200760. Projet BreedToLast, Mp SelGen

