

## COLLOQUE DE L'INFRASTRUCTURE INRAE GENOMICS 13, 14 et 15 novembre 2023



Hôtel Mercure Bordeaux Château Chartrons  
81 cours Saint-Louis  
33300 BORDEAUX  
France

[colloque-inraegenomics@inrae.fr](mailto:colloque-inraegenomics@inrae.fr)

## PROGRAMME

### LUNDI 13 NOVEMBRE

---

12H – 13H30 DEJEUNER (BUFFET)

14H – 15H30 PRESENTATION DE L'INFRASTRUCTURE INRAE GENOMICS ET DE L'EXPERTISE DES PLATEFORMES

15H30 – 16H PAUSE

16H – 18H20 SESSION 1 - EXPLORATION DE LA DIVERSITE

Aurélien Capitan *Massive detection of cryptic recessive genetic defects in cattle mining millions of life histories*

Sylvain Schmitt *Plant mutations: slaying beautiful hypotheses by surprising evidence*

Emilie Delpuech *Séquençage de 400 génomes de bars (*Dicentrarchus labrax*) pour identifier des variants génétiques de résistance à des maladies*

Javier Belinchon-Moreno *Nanopore adaptive sampling et caractérisation de la diversité génétique du NLRome/resistome chez le melon*

Stéphane Nicolas *Genomic selection and Genome-wide association studies on DNA pools identifies promising maize landraces and genomic regions to develop next generation varieties*

Table ronde / Discussion

19H30 DINER

8H30 – 9H50

**SESSION 2 - ASSEMBLAGE DE GENOMES, PANGENOMES ET ANALYSE DES SV (1)**

Stéphanie Sidibe-Bocs *Le séquençage haute-fidélité du génome complexe du vanillier apporte une preuve moléculaire de l'endoréplication partielle chez les plantes*

Alain Vignal TBA

Ludovic Duvaux *Testing pangenomic tools for structural variant detection in forest tree species*

Table ronde / Discussion

9H50 – 10H20 PAUSE

10H20 - 12H

**SESSION 3 - ASSEMBLAGE DE GENOMES, PANGENOMES ET ANALYSE DES SV (2)**

Grégoire Aubert *Séquençage du génome de la féverole : du statut d'espèce orpheline à l'ère de la pangénomique*

Véronique Decroocq *De la génétique à la génomique chez les arbres fruitiers à noyaux ou comment repousser le champ des possibles chez des espèces orphelines, pérennes*

Thomas Faraut *La variation de structure : dynamique, représentation et impact sur la fonction*

Jerome Gouzy *ATLAS : Exploration et exploitation du catalogue d'allèles des espèces cultivées*

Table ronde / Discussion

12H – 13H30 DEJEUNER

13H30 – 15H15

**SESSION 4 - REGULATION DE L'EXPRESSION DES GENOMES**

Pascal Martin TBA

Aurore Coissac *Role of DNA methyltransferases of *Ralstonia pseudosolanacearum* (GMI1000 strain) in DNA methylation, virulence and growth*

Stéphane Maury *Evolutionary and functional impact of epigenetic variations in forest trees facing climate change (EPITREE)*

Hervé Acloque *INRAE contribution to the functional annotations of pig and chicken genomes as part of the European GENE-SWitCH project*

Table ronde / Discussion

16H – 18H VISITE CITE DU VIN

19H30 DINER

8H40 – 10H20

**SESSION 5 - METAGENOMIQUE**

Sylvie Combes *Controlling the installation of the intestinal microbiota of farm animals: Sequencing technologies as a tool for exploring bacterial communities*

Isabelle Domaizon *Les inventaires de diversité planctonique actuelle et passée au service des diagnostics écologiques appliqués aux lacs*

Paola Fournier *Vers une viticulture sans pesticide: analyse du microbiome de la vigne et des sols viticoles pour développer le biocontrôle microbien de l'oïdium et du mildiou*

TBA

Table ronde / Discussion

10H20 – 10H50 PAUSE

10H50 - 12H

**SESSION 6 - QUELS FUTURS POUR LA GENOMIQUE POUR LES AGROBIOSCIENCES ?**

Retour sur l'enquête INRAE Genomics 2022

Table ronde / Discussion