

## **Séquenceur longs fragments : MinION mais costaud !**

**Les données de génomique dans le domaine du végétal deviennent de plus en plus accessibles du fait de l'essor constant des technologies de séquençage et notamment de l'apparition et de l'amélioration du séquençage long fragment, ainsi qu'un coût de séquençage de plus en plus abordable.**

**Les 04 et 05 novembre 2019, un séminaire de la section « outils moléculaires en appui à la création variétale » de l'ASF (Association des Sélectionneurs Français), animée par Vegenov, a été organisé au Genoscope à Evry. Deux demi-journées de discussions ont permis de faire un point sur les nouvelles technologies de séquençage et leur utilisation concrète dans le cadre de programmes de sélection végétale.**

Aujourd'hui, les technologies de séquençage évoluent très vite. Le séquenceur long fragment MinION de la société anglaise [Oxford Nanopore](#) en est un excellent exemple. Ce séquenceur qui tient dans une main permet aujourd'hui de réaliser du séquençage *de novo* de longs fragments avec un taux d'erreurs en recul constant et un assemblage plus aisé de génomes, couplé à l'utilisation de cartes optiques et/ou de données de séquençage short reads Illumina.

La [section « outils moléculaires en appui à la création variétale » de l'ASF](#), animée par Vegenov, a choisi ce thème du séquençage long fragment et de son utilisation en amélioration des plantes pour son troisième séminaire.

Ce séminaire a eu lieu les 04 et 05 novembre 2019 au [Genoscope](#) d'Evry et a rassemblé une cinquantaine de personnes, de la recherche académique et de laboratoires de marquage moléculaire au sein d'entreprises de sélection dans le domaine du végétal.

Lors de la première demi-journée, Patrick Wincker (directeur du Genoscope) a présenté le Genoscope et ses activités en matière de séquençage puis quatre intervenants nous ont illustré l'utilisation de nouvelles technologies de séquençage en amélioration des plantes :

- Jean-Marc Aury (Genoscope) a présenté la technologie du séquençage long fragment et

- son utilisation pour le séquençage et l'assemblage *de novo* de génomes de référence ;
- Ensuite, Véronique Decroocq (INRA de Bordeaux, UMR « Biologie du Fruit et Pathologie ») a illustré les apports de la génomique évolutive et comparative dans les programmes de sélection de l'abricot ;
  - Puis, Mohamed Zouine (INRA/INP-ENSA de Toulouse, Laboratoire Génomique et Biotechnologie du Fruit) a présenté des exemples d'utilisation de séquençage long fragment pour le séquençage du génome de la tomate et du melon ;
  - Enfin, Xiangyu Rao (société Integrated DNA Technologies) a présenté une approche de séquençage par amplicons avec le système rhAmpSeq développé par la société IDT.

Au cours de la seconde demi-journée, nous avons pu visiter les plateformes de séquençage Nanopore et Illumina du Genoscope. Ces visites ont notamment permis de faire le point sur les avantages et inconvénients de chaque technologie de séquençage.

### *Visite de la plateforme Illumina du Genoscope*

Ce séminaire a été l'occasion d'échanges et de discussions très intéressantes entre chercheurs académiques et privés, notamment de partage d'expériences quant à l'utilisation de ces nouvelles approches de séquençage pour l'accès à des données génomiques nouvelles chez les espèces végétales et leur utilisation en amélioration des plantes.

Ce séminaire fait suite aux séminaires de cette section ASF précédemment organisés en 2014 sur la [plateforme GENTYANE de l'INRA de Clermont-Ferrand](#) et en 2016 sur la [plateforme GeT-PlaGe de l'INRA de Toulouse](#).

*Crédits Photo : © Société anglaise Oxford Nanopore © Vegenov*