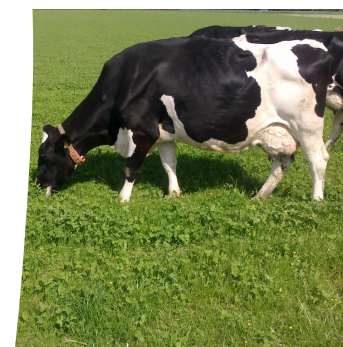


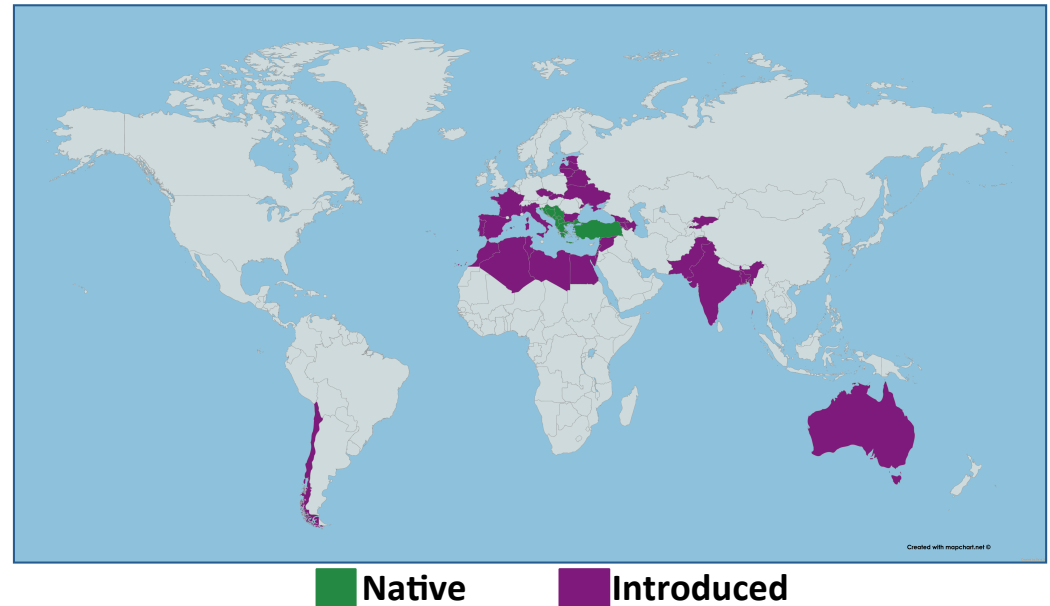
Séquençage du génome du lupin blanc, un modèle pour étudier les adaptations du système racinaire

 Benjamin PÉRET, CNRS



Lupin blanc (*Lupinus albus*)

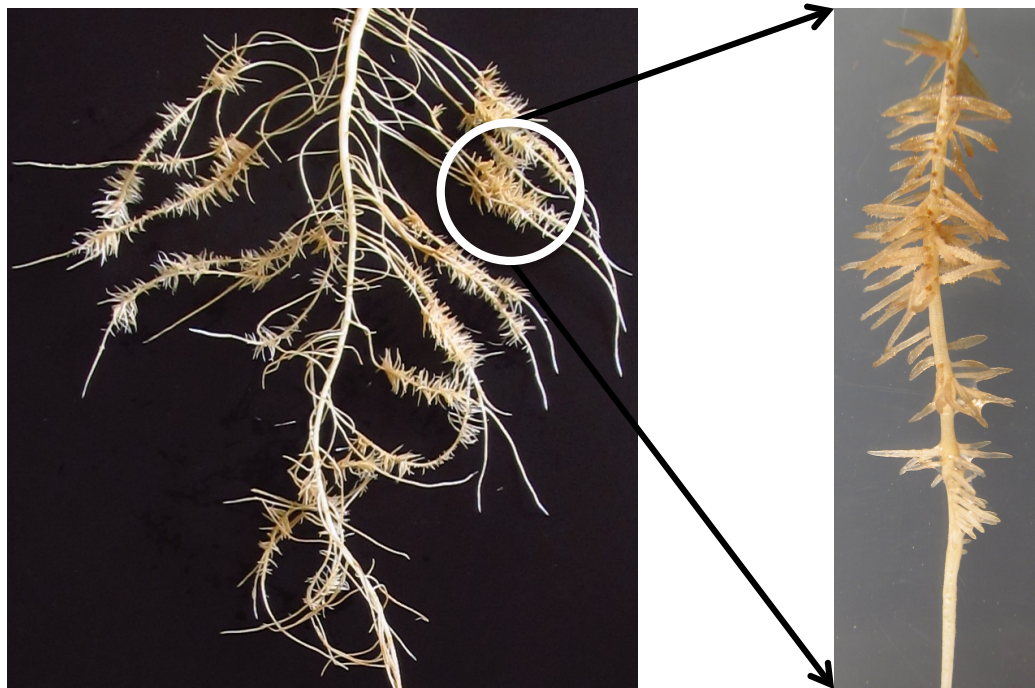
Domestication en Grèce
Antique (4000 ans)



- Forte teneur en protéines et fibres
- Sans gluten
- Faible teneur en huile et amidon

Production de racines protéoïdes

Carence en phosphate



Physiologie

- Sécrétions (protons, acides organiques...)
- Transport phosphate

Organe

- Induction forte de racines latérales
- Exploration/surface échange

Séquençage et assemblage du génome

Stratégie



Illumina
HiSeq 3000

Séquençage
short-reads

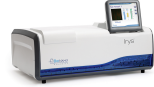
207X



PacBio Sequel

Séquençage
long-reads

174X



Bionano Irys

Carte optique

138X

$2n = 50$

567Mb (cytométrie de flux)

Taille des chromosomes
12.5Mb to 23.5Mb > 434Mb

Taille des superscaffolds
17kb to 1.5Mb > 8.8Mb

Annotation



Données transcriptomiques sur 10 organes

38 258 gènes

3129 ARN nc

Analyse BUSCO → Score 92.8%

Assemblage

49 contigs

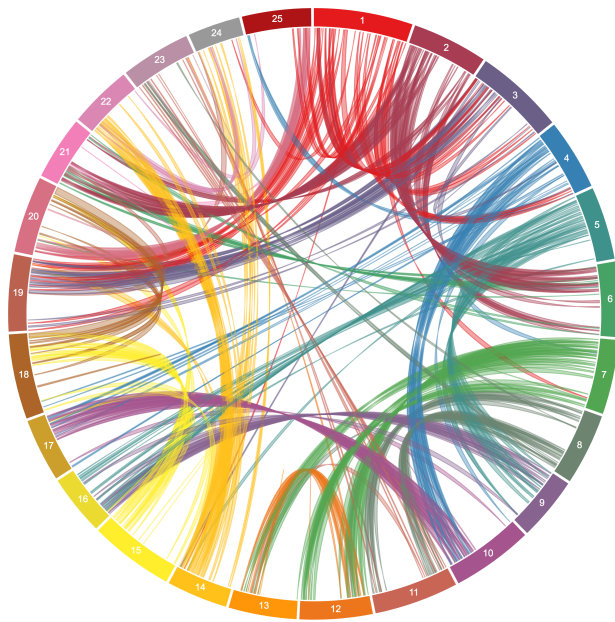
- ✓ 25 chromosomes
- ✓ 1 mitochondrial
- ✓ 1 chloroplastique
- ✓ 22 superscaffolds

N50 = 17Mb

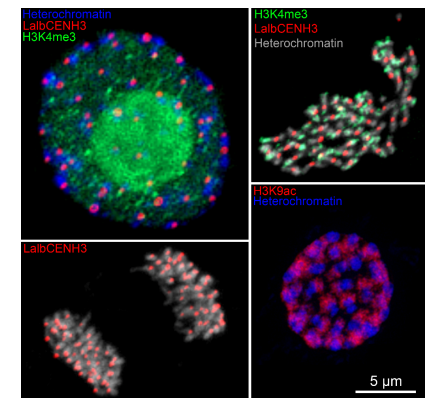
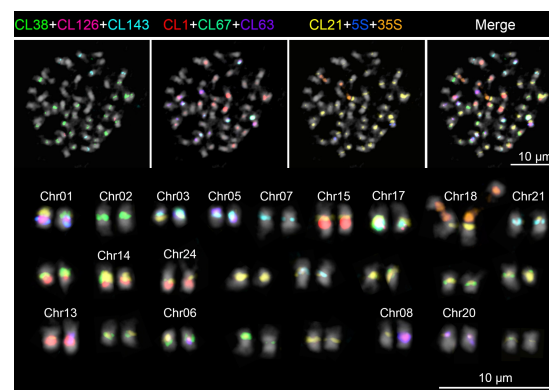
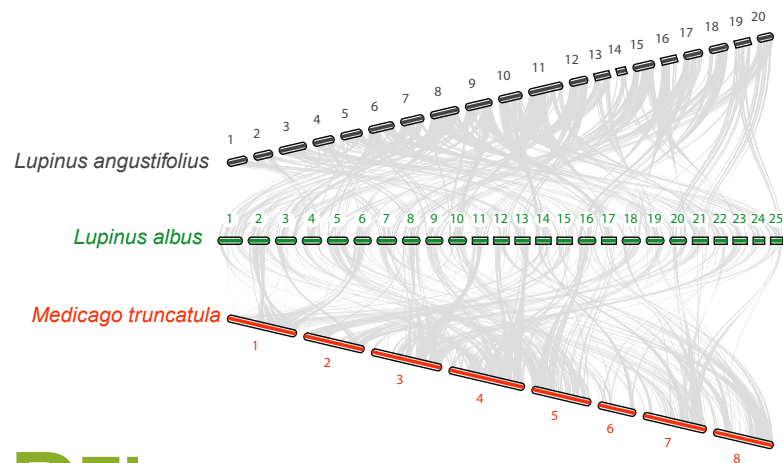
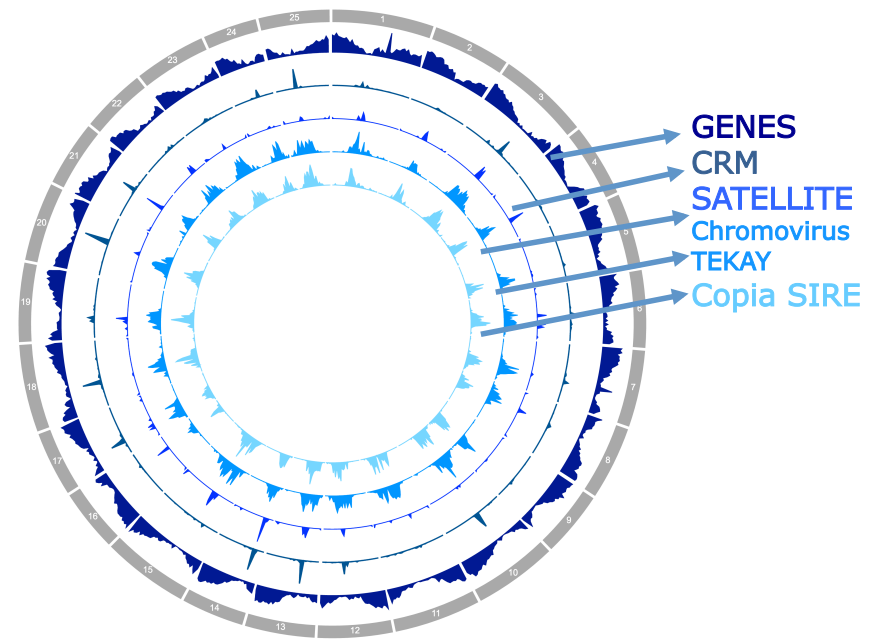
Taille assemblage
445Mb



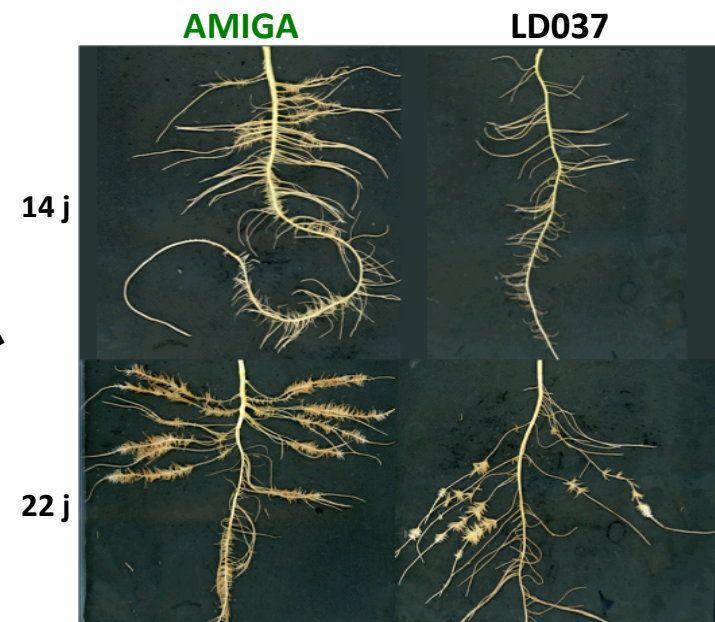
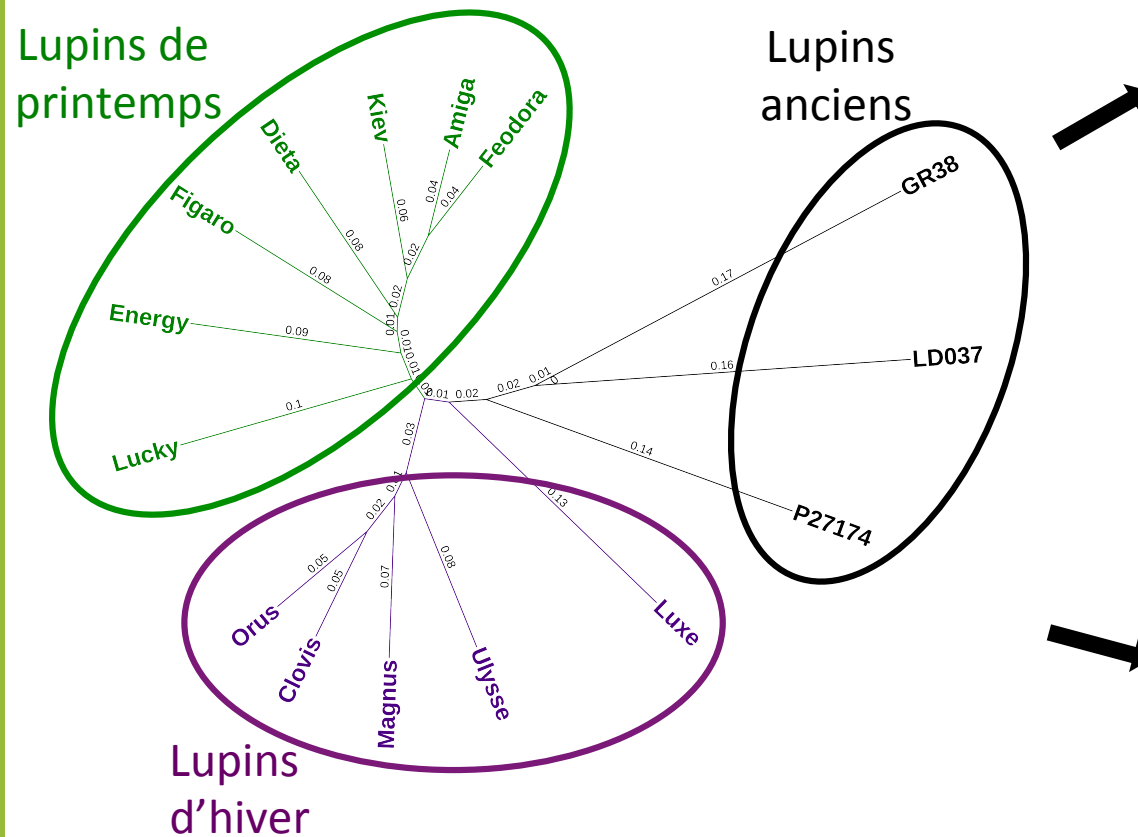
Duplications et séquences répétées



Filtrage pour blocs > 50kb



Variabilité génétique et phénotypique



Crible d'une population mutagénisée



Identification de mutants

- Production constitutive de racines protéoïdes
- Identification de gènes en cours !

REMERCIEMENTS

SÉQUENÇAGE GÉNOME

CNRGV, Toulouse
Hélène Bergès
William Marande
Sandrine Arribat

Plateforme Bioinformatique
LIPM, Toulouse
Jérôme Gouzy
Erika Sallet

TRANSCRIPTOMIQUE sRNA

IPS2, Saclay
Martin Crespi

RÉSEAUX DE GÈNES

IRD, Montpellier
Laurent Laplaze
Soazig Guyomar'ch
Mikaël Lucas



EVOLUTION GÉNOME

INRA (Clermond-Ferrand)
Jérôme Salse

PROTÉOMIQUE

INRA (Dijon)
Karine Gallardo-Guerrero

ALCALOÏDES

Kew Botanical Gardens, UK
Matthew Nelson
Jemma Taylor

University of Copenhagen
Fernando Geu-Flores
Davide Mancinotti



European Research Council
Established by the European Commission

This project has received funding from the European Research Council (ERC) under the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme (grant agreement No 637420 – Acronym LUPIN ROOTS).

