



Contact

Tél. : +33 (0)3 89 22 49 81
Fax : +33 (0)3 89 22 49 33
camille.rustenholz@inra.fr
www.colmar.inra.fr

Responsable scientifique

Camille Rustenholz (MdC)

Personnel dédié

Amandine Velt (IE) – **Admin.**
Sophie Blanc (AI)
Cédric Lupetti (AI)

Caractéristiques

Serveur de 4 nœuds
96 CPU
1,3To de RAM
60To d'espace de travail

Financement

Inra Dpt BAP et SPE
Université de Strasbourg
Fondation Poupelain

Le serveur informatique d'analyses bioinformatiques et biostatistiques

Mission

L'UMR SVQV 1131 conduit depuis plusieurs années un programme de sélection visant à créer des variétés de vigne (*Vitis vinifera*) produisant des vins de qualité et dotées de résistances naturelles et durables à plusieurs maladies de la vigne, grâce à l'exploitation de sources de résistance issues d'espèces de vigne sauvages. Ce programme de sélection s'appuie sur des travaux visant à identifier les facteurs génétiques déterminant la résistance de la vigne aux agents pathogènes et la qualité des raisins.

Depuis 2013, l'UMR s'est équipée d'un serveur informatique de moyenne dimension, dédié au traitement de données de séquences issues des nouvelles technologies et à la bioanalyse de grands jeux de données de type transcriptomique, métabolomique ou génétique quantitative. Cet outil constitue une réponse adaptée aux besoins des personnels de l'UMR en ressources informatiques dans un souci de performance, de flexibilité et de proximité, en complément des grands centres de calculs nationaux (Genotoul, URGI).

Grâce aux projets que ce serveur informatique a permis de mener, l'UMR se positionne désormais comme une référence nationale en génomique de la vigne.

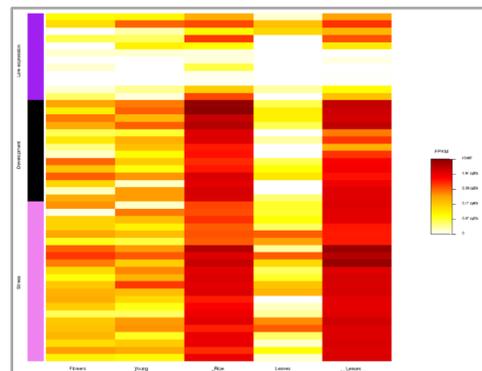
Objectifs

Le groupe en charge du serveur informatique a trois objectifs principaux :

- Mener des analyses bioinformatiques et biostatistiques de pointe et à haut-débit sous forme de collaborations avec les équipes de l'UMR, mais aussi d'autres laboratoires en France et en Europe. Le groupe propose essentiellement de l'assemblage *de novo* de génomes de vigne et de ses agents pathogènes, des analyses transcriptomiques et de la détection de polymorphismes de type Single Nucleotide Polymorphism (SNP) et Copy Number Variation (CNV).

- Maintenir un environnement de travail adapté et performant pour les utilisateurs du serveur informatique. Le groupe interagit en permanence avec les utilisateurs pour s'assurer de l'accessibilité à des logiciels de pointe en constant développement.

- Assurer le conseil et la formation auprès des personnels de l'UMR, utilisateurs du serveur informatique ou non. Le groupe, par son expertise dans les domaines de la bioinformatique et de la bioanalyse, propose son aide lors du montage de nouveaux projets, assure la montée en compétences des personnels de l'UMR et anime des séminaires pour diffuser les évolutions des technologies dans un domaine au développement exponentiel.





Grand Est - Colmar

Centre Inra Grand Est-Colmar
28 rue de Herrlisheim
F - 68000 Colmar



Contact

Tél. : +33 (0)3 89 22 49 81
Fax : +33 (0)3 89 22 49 33
camille.rustenholz@inra.fr
www.colmar.inra.fr

Responsable scientifique

Camille Rustenholz (MdC)

Personnel dédié

Amandine Velt (IE) – Admin.
Sophie Blanc (AI)
Cédric Lupetti (AI)

Caractéristiques

Serveur de 4 nœuds
96 CPU
1,3To de RAM
60To d'espace de travail

Financement

Inra Dpt BAP et SPE
Université de Strasbourg
Fondation Poupelain

Partenariats

Le serveur informatique et le groupe qui le maintient, est au centre de nombreuses collaborations et partenariats nationaux et internationaux. Les principaux collaborateurs sont :

- IBMP de Strasbourg (D. Werck)
- LBBE (G. Marais)
- UMR BioGeCo (C. Plomion)
- CIVA (G. Arnold)
- Université de Haute-Alsace (J. Chong)
- IGM (CA, USA) (K. Jepsen)
- Université de Freiburg (Allemagne) (P. Beyer)
- URGI (A.-F. Adam-Blondon)
- GalaxEast (S. Legras)
- Plateforme Bioinformatique du LIPM (J. Gouzy)



Résultats récents

Grâce à cet équipement très performant et à l'expertise de son personnel, le serveur informatique a contribué à plusieurs publications :

- Delame M et al. (2018) Introgression reshapes recombination distribution in grapevine interspecific hybrids. *Theor Appl Genet*. doi: 10.1007/s00122-018-3260-x
- Ilc T et al. (2018) Annotation, classification, genomic organization and expression of the *Vitis vinifera* CYPome. *PLoS One*. doi: 10.1371/journal.pone.0199902
- Negrel L et al. (2018) Identification of lipid markers of *Plasmopara viticola* infection in grapevine using a non-targeted metabolomic approach. *Front Plant Sci*. doi: 10.3389/fpls.2018.00360
- Plomion C et al. (2018) Oak genome reveals facets of long lifespan. *Nat Plants*. doi: 10.1038/s41477-018-0172-3
- Canaguier A et al (2017) A new version of the grapevine reference genome assembly (12X.v2) and of its annotation (VCost.v3). *Genomics Data*. doi: 10.1016/j.gdata.2017.09.002
- Mestre P et al. (2016) Identification of a *Vitis vinifera* endo- β -1,3-glucanase with antimicrobial activity against *Plasmopara viticola*. *Mol Plant Pathol* doi:10.1111/mpp.12431.
- Duan D et al. (2015) Genetic diversity of stilbene metabolism in *Vitis sylvestris*. *J Exp Bot* 66: 3243-3257.
- Chong J et al. (2014) The SWEET family of sugar transporters in grapevine: VvSWEET4 is involved in the interaction with *Botrytis cinerea*. *J Exp Bot* 65: 6589-6601.

