

Le serveur informatique d'analyses bioinformatiques et biostatistiques

Grand Est - Colmar

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



Contact

Tél. : +33 3 89 22 49 81
camille.rustenholtz@inrae.fr

<https://www.inrae.fr/centres/grand-est-colmar>

Responsable scientifique

Camille Rustenholtz (MDC)

Personnel dédié

Amandine Velt (IE) - Admin
Cédric Lupetti (AI)

Caractéristiques

Serveur 5 nœuds
162 CPU
1,5To de RAM
90To d'espace de travail

Financement

INRAE Dpt BAP et SPE
Université de Strasbourg
Fondation Poupelain

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 et internationale en génomique de la vigne.

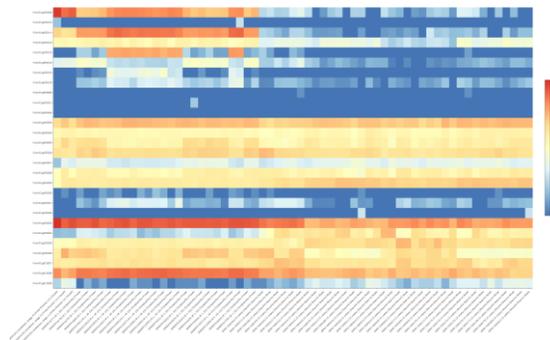
Objectifs

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.



Partenariats

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

- IFV
- UHA
- UMR AGAP
- UMR EGFV
- US EPGV



- Plateforme Plant Bioinformatique (URGI)
- Université de Freiburg (Allemagne)



- CIBIO (Portugal)
- TOMS Bio Lab (Espagne)
- FEM (Italie)



- CeBiTec (Allemagne)
- CITA (Espagne)
- CSHL (États-Unis)



Grand Est - Colmar

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



Contact

Tél. : +33 3 89 22 49 81
camille.rustenholz@inrae.fr

<https://www.inrae.fr/centres/grand-est-colmar>

Responsable scientifique

Camille Rustenholz (MdC)

Personnel dédié

Amandine Velt (IE) - Admin
Cédric Lupetti (AI)

Caractéristiques

Serveur 5 nœuds
162 CPU
1,5To de RAM
90To d'espace de travail

Financement

INRAE Dpt BAP et SPE
Université de Strasbourg
Fondation Poupelain

Résultats récents

Grâce à ses équipements très performants et à l'expertise de ses personnels, la plateforme analytique a participé de manière décisive à de plusieurs publications et réalisations majeures de l'unité :

- **Shi X, Cao S, Wang X, Huang S, Wang Y, Liu Z, Liu W, Leng X, Peng Y, Wang N, et al** (2023) The complete reference genome for grapevine (*Vitis vinifera* L.) genetics and breeding. *Hortic Res.* doi: 10.1093/hr/uhad061
- **Velt A, Frommer B, Blanc S, Holtgräwe D, Duchêne É, Dumas V, Grimplet J, Hugueney P, Kim C, Lahaye M, et al** (2023) An improved reference of the grapevine genome reasserts the origin of the PN40024 highly homozygous genotype. *G3 Genes|Genomes|Genetics*. doi: 10.1093/G3JOURNAL/JKAD067
- **Chesnais Q, Velt A, Chesnais Q, Golyaev V, Rustenholz C, Verdier M, Brault V, Pooggin MM** (2022b) Transcriptome responses of the aphid vector *Myzus persicae* are shaped by identities of the host plant and the virus. *Peer Community J.* doi: <https://doi.org/10.24072/pcjournal.208>
- **Marmonier A, Velt A, Villeroy C, Rustenholz C, Chesnais Q, Brault V** (2022) Differential gene expression in aphids following virus acquisition from plants or from an artificial medium. *BMC Genomics* **23**: 1–15
- **Negrel L, Baltenweck R, Demangeat G, Le Bohec-Dorner F, Rustenholz C, Velt A, Gertz C, Bieler E, Dürrenberger M, Gombault P, et al** (2022) Comparative Metabolomic Analysis of Four Fabaceae and Relationship to In Vitro Nematicidal Activity against *Xiphinema* index. *Molecules*. doi: 10.3390/molecules27103052
- **Navarro-payá D, Santiago A, Orduña L, Zhang C, Amato A, Inca ED, Fattorini C, Pezzotti M, Tornielli GB, Zenoni S, et al** (2022) The Grape Gene Reference Catalogue as a Standard Resource for Gene Selection and Genetic Improvement. *Front Plant Sci* **12**: 1–7
- **Maillo P, Velt A, Rustenholz C, Butterlin G, Merdinoglu D, Duchêne E** (2021) Alternative splicing regulation appears to play a crucial role in grape berry development and is also potentially involved in adaptation responses to the environment. *BMC Plant Biol* **21**: 1–20
- **Martin IR, Vigne E, Velt A, Hily JM, Garcia S, Baltenweck R, Komar V, Rustenholz C, Hugueney P, Lemaire O, et al** (2021) Severe stunting symptoms upon nepovirus infection are reminiscent of a chronic hypersensitive-like response in a perennial woody fruit crop. *Viruses*. doi: 10.3390/v13112138
- **Koschmieder J, Wüst F, Schaub P, Álvarez D, Trautmann D, Krischke M, Rustenholz C, Mano J, Mueller MJ, Bartels D, et al** (2021) Plant apocarotenoid metabolism utilizes defense mechanisms against reactive carbonyl species and xenobiotics. *Plant Physiol* **185**: 331–351
- **Badouin H, Velt A, Gindraud F, Flutre T, Dumas V, Vautrin S, Marande W, Corbi J, Sallet E, Ganofsky J, et al** (2020) The wild grape genome sequence provides insights into the transition from dioecy to hermaphroditism during grape domestication. *Genome Biol* 1–24
- **Toda N, Rustenholz C, Baud A, Le Paslier M-C, Amselem J, Merdinoglu D, Faivre-Rampant P** (2020) NLGenomeSweeper: A Tool for Genome-Wide NBS-LRR Resistance Gene Identification. *Genes (Basel)* **11**: 5–7