

## Programme de la journée

### **Accueil (9h30-9h50)**

9h50-10h: Présentation rapide de la journée (M Buée, F Le Tacon, D Sugny)

10h-10h30 Daniel Sugny

- Démarche d'élaboration de la liste d'espèces déterminantes ZNIEFF de Franche-Comté

10h40-11h10 Jean-Paul Maurice

- La génomique: outil incontournable pour les mycologues morphologistes

11h20 - 11h50 François Le Tacon

- Qu'est-ce qu'une espèce ? Complémentarité de la taxonomie morphologique et de la classification moléculaire

12h- 12h30 Francis Martin / A Kohler

- Génomique fongique. Séquençage d'un génome vs séquençage d'un barcode (et bases de données dédiées). Avancement du projet 1000 génome (+ autres projets JGI Agaricales) et ressources biologiques manquantes.

### **Pause déjeuner (12h45 - 14h15)**

14h30 - 15h00 Marc Buée

- Choix des barcodes et des primers associés. Validation par des approches de communautés artificielles. Alignements de séquences (utilisation de Blast - approche théorique).

15h10 - 15h40 Claude Murat

- importance des marqueurs moléculaires dans l'étude de la diversité des truffes (recherches fondamentales et appliquées)

15h 50 - 16h20 Claude Husson

- Application du barcoding moléculaire dans le diagnostic phytosanitaire et la veille sanitaire des agents pathogènes (de la paille à l'applications et la législation)

16h30 - 17h / 17h15 Encadrement collectif pour travaux dirigés (salle Châtaignier avec ordinateurs)

- Exploitation de séquences ITS fongique (Blast sur NCBI ou UNITE à partir d'un fichier fasta). Interprétation d'un résultats "Blast" (e-value, % identité, etc...)

**Départ entre 17h00 & 17h30.**