

## Montpellier GenomiX (MGX)

UMS 3426 BioCampus Montpellier

P11B

<http://www.mgx.cnrs.fr>

### • Responsable scientifique

Laurent Journot - [mgx@mgx.cnrs.fr](mailto:mgx@mgx.cnrs.fr) 04 34 35 92 41

### • Descriptions et Activités

Mise en réseau des 4 plateaux (PT) de génomique de Montpellier. La PF constitue l'interlocuteur unique pour l'utilisation des PT et permet l'optimisation de la répartition du personnel et des moyens financiers :

- Plateau IGF/IGH : Séquençage très haut débit Illumina, puces à ADN Agilent, biostatistiques et bioinformatique
- Plateau IRB : puces à ADN Affymetrix
- Plateau UM2 : PCR quantitative haut débit
- Plateau CIRAD-IRD-INRA : génotypage

### • Plateau Séquençage haut débit, puces à ADN, Bioinformatique - IGF-IGH

Resp. scientifique : Laurent Journot,  
[laurent.journot@mgx.cnrs.fr](mailto:laurent.journot@mgx.cnrs.fr)  
Resp. technique : Hugues Parrinello,  
[hugues.parrinello@mgx.cnrs.fr](mailto:hugues.parrinello@mgx.cnrs.fr)

- Adresse : Institut de Génomique Fonctionnelle - 141, rue de la cardonille, 34094 MONTPELLIER Cedex 05
- Personnel : 8

### • Plateau Puces à ADN Affymetrix - IRB

Resp. scientifique : Bernard Klein, [bernard.klein@inserm.fr](mailto:bernard.klein@inserm.fr)  
Resp. technique : Véronique Pantesco,  
[veronique.pantesco@inserm.fr](mailto:veronique.pantesco@inserm.fr)

- Adresse : Institut de Recherche en Biothérapie - Hôpital Saint-Eloi - 80 avenue Augustin Fliche - 34295 Montpellier.
- Personnel : 3

### • Plateau PCR quantitative à haut débit - UM2

Resp. scientifique : Erick Desmarais,  
[desmarais@univ-montp2.fr](mailto:desmarais@univ-montp2.fr)  
Resp. technique : Philippe Clair,  
[philippe.clair@univ-montp2.fr](mailto:philippe.clair@univ-montp2.fr)

- Adresse : Université Montpellier 2 - Place Eugène Bataillon - Département Biologie Santé - Batiment 24 - 2ème étage - 34095 Montpellier Cedex 05
- Personnel : 1

### • Plateau Génotypage - CIRAD-IRD-INRA

Resp. scientifique :

- Ange-Marie Risterucci, [ange-marie.risterucci@cirad.fr](mailto:ange-marie.risterucci@cirad.fr)

Resp. techniques :

- Pierre Mournet, [pierre.mournet@cirad.fr](mailto:pierre.mournet@cirad.fr),

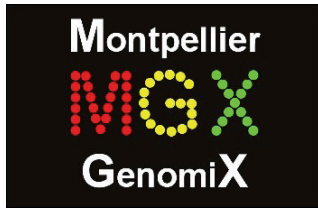
- Sylvain Santoni, [santoni@supagro.inra.fr](mailto:santoni@supagro.inra.fr)

• Adresse : CIRAD UMR 1096 TA 40/03 - Avenue d'Agropolis - 34398 Montpellier Cedex 5

- Personnel : 5

### • Equipements

- PT Séquençage haut débit, puces à ADN, Bioinformatique :
  - Hybridation et lecture des lames microarray : stations d'hybridation Lucidea SlidePro Hybridizer, NimbleGen 4 Bay Hybridization System, scanners Axon Instruments 4200AL et Innoscan 900.
  - Séquençage d'étiquettes ADN à très haut débit : un Hi-Seq 2000 accompagné d'une cBot et d'un Genome Analyzer II (Illumina).
  - Gestion et analyse des données issues de ces 2 techniques.
- PT Puces à ADN Affymetrix : Station Nanodrop, Bioanalyzer Agilent, Station Gene Chip Affymetrix, système GeneAtlas, Serveur pour l'analyse des données.
- PT PCR quantitative à haut débit : qPCR Haut Débit Cycleur Roche LC480, robot pipeteur Perkin Elmer Janus.
- PT Génotypage : 1 analyseur de fragments 24 capillaires Applied 3500 XL, 6 analyseurs de fragments d'ADN Li-Cor®, 1 Lightcycler 480 Roche, 1 automate de pipetage Biomek NX, Beckman, 1 lecteur laser TECAN LS300, 1 spotteur Microgrid, 1 séquenceur NGS Illumina MiSeq, 1 colony Picker GENETIX QPIX II XT, 1 robot Beckmann Biomek 3000/9600).



## Montpellier GenomiX (MGX)

UMS 3426 BioCampus Montpellier

P11B

<http://www.mgx.cnrs.fr>

### • Expertise - Prestations

- PT Séquençage haut débit, puces à ADN, Bioinformatique : Services proposés : Puces à ADN (Agilent), Séquençage haut débit (ADN génomique, ChIP-Seq, RNA-Seq, Small-RNA-Seq...), Biostatistiques et Bioinformatique. A partir des échantillons fournis par le client, le PT technique réalise les étapes de contrôle qualité de l'échantillon, construction des banques, génération des clusters, séquençage sur différentes longueurs selon l'application choisie, QC des séquences obtenues et analyse statistique des données.
- PT Puces à ADN Affymetrix : analyse du transcriptome pangénomique pour un très vaste catalogue d'espèces, à une résolution allant jusqu'à l'exon, toutes les applications de tiling array et l'analyse à haut débit des polymorphismes humains SNPs. PT localisé au sein d'un grand CHU : large expertise dans l'application des puces à ADN pour la recherche médicale.
- PT qPCR : PT dédié à la qPCR moyen et haut débit. Analyse des acides nucléiques par agilent bioanalyseur pour mesurer l'intégrité des échantillons d'ARN. Automatisation des expérimentations et préparation des échantillons. Conception de sondes et d'amorces pour la qPCR et le génotypage HRM. Simulations Informatiques des courbes de fusion par des logiciels standards ou des logiciels développés en interne. Les utilisateurs disposent d'une station de travail pour traiter les résultats sur place.

### • Spécificités, originalité

- Puces à ADN Affymetrix : transcriptome de tout petits échantillons d'ARN tels que des sous-populations de cellules tumorales triées en cytométrie de flux.
- Réseaux : IBiSA, Infrastructure nationale France Génomique
- Qualité :
  - PT IGF-IGH : certifié ISO 9001
  - PT IRB : évolution vers la norme ISO 9001 et GBEA (Guide de Bonne Exécution des Analyses de biologie médicale) pour répondre aux exigences d'un environnement hospitalier, avec une évolution prévue vers la nouvelle norme ISO 15189 pour 2016.

### • Modalités d'accès

- Accès : tous les organismes de recherche et sociétés privées.
- Modalités : collaborations ou prestations
- Accès aux technologies : libre avec accompagnement et formation validée ou via les personnels compétents des plateaux (technologies requérant une expertise particulière)
- Tarif des prestations : cf. sites des plateaux

### • Certifications, labels, logos des partenaires

