

11 Omics

B_{dx}	• Centre de Génomique Fonctionnelle de Bordeaux (CGFB)	169
11.1 Génotypage, séquençage		
B_{dx}	• Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux (PGTB) - CGFB	170
L_{im}	• Génolim	171
M_{tp}	• Montpellier GenomiX (MGX)	172
T_{ls}	• Plateforme Génome Transcriptomique (GeT) / GenoToul Génome et Transcriptome	174
11.2 Transcriptomique		
B_{dx}	• CGFB, Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux	170
L_{im}	• GenoLim : Plateforme multifonctionnelle d'analyses ADN/ARN FR 3503 GEIST- service commun de l'Université de Limoges	175
M_{tp}	• MGX Montpellier GenomiX	172
T_{ls}	• GenoToul Genome Transcriptomique - GET, Plateforme Génome et Transcriptomique	174
11.3 Protéomique		
B_{dx}	• Plateforme Protéome Centre de Génomique Fonctionnelle de Bordeaux	176
L_{im}	• Service commun de recherche et d'analyse de biomolécules du Limousin (SCRABL)	177
M_{tp}	• PPM Pôle Protéome de Montpellier Languedoc-Roussillon	178
M_{tp}	• Plateforme de Protéines Recombinantes - ProRec	180
T_{ls}	• Infrastructure Protéomique Toulouse	181
11.4 Métabolomique, fluxomique		
B_{dx}	• CGFB, Plateforme Métabolome	182
T_{ls}	• GenoToul MetaToul : Plateforme métabolomique fluxomique	183



cgfb

GÉNOME TRANSCRIPTOME

P11A1

Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux (PGTB)

CGFB - Centre de Génomique
Fonctionnelle Bordeaux

<http://www.pgtb.u-bordeaux2.fr/>

• Responsables scientifiques

Pascal Sirand-Pugnet
sirand@bordeaux.inra.fr - 05 57 12 23 59

Patricia Fergelot-Maurin
patricia.fergelot@chu-bordeaux.fr - 05 56 79 87 23

• Responsables techniques

Séquençage : Christophe Hubert
05 57 57 47 89, christophe.hubert@u-bordeaux2.fr

Tilling : Cécile Brès
05 57 12 25 45, cecile.bres@bordeaux.inra.fr

Bioinformatique : Virginie Garcia
05 57 12 23 88, virginie.garcia@bordeaux.inra.fr

Génotypage : Franck Salin
05 57 12 28 06, salin@pierroton.inra.fr

• Descriptions et Activités

Mise à disposition de méthodes de séquençage, de génotypage et de tilling et le déploiement de nouvelles technologies pour mieux répondre aux besoins des biologistes impliqués en agronomie, en médecine ou en microbiologie. PF au service des recherches sur la structure, la composition et l'évolution des génomes et sur l'expression des gènes.

- **GENOTYPAGE** (site de Cestas-Pierroton) : Recherche de variations simple base (SNP), de microsatellites ou d'insertions/délétions par la technique la mieux adaptée au nombre d'échantillons et au type et au nombre de variations cibles : BeadXpress Goldengate - Veracode d'Illumina, spectrométrie de masse Sequenom, hybridation de sondes type Taqman ou Kspar sur LC480 Roche, HRM sur LC 480, Snap shot sur ABI 3730.

- **SEQUENCAGE** (site de Bordeaux-Carreire) : Projets de séquençage à petit, moyen et haut débit. La technique Sanger a été complétée fin 2010 par le séquençage de nouvelle génération qui permet l'acquisition simultanée de millions de séquences. La PF accompagne les utilisateurs dans le choix de la meilleure technologie en fonction des objectifs, dans la préparation des échantillons et le traitement informatique des données.

- **TILLING** (site de Villenave d'Ornon): Détection de mutations inconnues chez des gènes cibles sur la population de mutants MicroTom mutagénisés par l'EMS comprenant 3 500 familles de mutants M2 phénotypés.

• Equipements/Personnels

- Automate d'extraction ADN Autogenflex 3000
- Dosage d'acide nucléique par absorbance (Nanodrop) ou fluorescence (Bioanalyzer)
- Robots pipeteurs Hamilton, Biomek 3000, Freedom EVO Tecan et Biomek NX Beckman
- Thermocycleurs, PCR temps réel ABI 7500 et LC 480 ROCHE
- Séquenceurs capillaires ABI 3730 et ABI 3130 XL, 3 séquenceurs LI-COR 4300
- Génotypage haut débit BeadXpress Illumina
- Séquençage de 2^{de} Génération Genome Analyzer Ix Illumina
- 2 séquenceurs à moyen débit : le PGM de Life Technologies et le MiSeq d'Illumina (acquis en 2012).
- Un séquenceur à haut débit Proton (site de Pierroton), commercialisé très récemment (Life Technologies, acquis en 2013). Il allie facilité d'utilisation, grande rapidité d'exécution et évolutivité. Ce séquenceur haut débit, basé sur la technologie des semi-conducteurs (similaire à celle du Ion - Torrent -PGM), permet de répondre aux demandes concernant l'exome, le transcriptome et bientôt le génome humain. En effet, la puce PI délivre : 10 Gb et 70 millions de « reads » de 200 bases (soit deux exomes humains en simultané). La puce PII, permettant de réaliser plus de 50 Gb, sera disponible d'ici fin 2013.

Personnel : 14

des équipements.
Quantification des acides nucléiques
Dosage génique
Assistance technique aux utilisateurs
Formation des utilisateurs

de satisfactions. Audit INRA. Certification ISO 9001 depuis 2012. Appartenance au Groupe qualité PF bordelaises. BPL.

- Exemple de projets NGS dans le domaine du cancer :
 - Test sur l'ADN tumoral de panels « custom » de gènes (Séquenceur PGM, amplicons) :
 - > Dans les syndromes myéloprolifératifs, Eric Lippert (Laboratoire Hématopoïèse Leucémique et Cibles Thérapeutiques Université Bordeaux Segalen)
 - > Dans les sarcomes, Isabelle Hostein (Département de Pathologie Unité de Génétique Tumorale Institut Bergonié, Bordeaux)
 - Mise en place de la nouvelle stratégie diagnostique en oncogénétique. Capture sélective par SureSelect sur ADN génomique de 22 gènes. Le séquençage a été mis au point sur le GAllx pour une transposition sur un MiSeq, Nicolas Sevenet, Michel Longy (Laboratoire de Biologie, Institut Bergonié, Bordeaux).

• Expertise - Prestations

Prestations connexes : Extraction d'ADN génomique automatisée (à partir de sang total et d'ADN génomique végétal). Mise à disposition

• Spécificités, originalité

- Perspectives : transcriptome sur cellules isolées. Analyse bioinformatique des données issues du séquençage 2^{ème} génération.
- Développements technologiques : Robotisation pour la réorganisation d'échantillons (tube - plaque, plaque - plaque, normalisation de plaque) pour la préparation et la purification des réactions de séquence, la préparation des librairies de séquençage de nouvelle génération. Optimisation des méthodes de génotypage et de séquençage (diminution des coûts, augmentation des débits, multiplexage).
- Qualité : traçabilité des échantillons et des analyses, enregistrement des échantillons, protocoles expérimentaux et procédures écrites. Gestion des extractions d'ADN par code barre. Contrôle qualité EMQN en 2007, 2008 et 2009 (DNA sequencing). Charte de la plateforme régissant les modalités d'interaction avec les utilisateurs. Enquêtes

• Modalités d'accès

- Accès : public/privé. Collaboration ou service. Vocation régionale, nationale et internationale. Tarifs en ligne.
- Adresse : Plateforme Génome-Transcriptome de Bordeaux CGFB - Université Victor Segalen Bordeaux2
146 Rue Léo Saignat - 33076 Bordeaux Cedex

• Certifications, labels, logos des partenaires



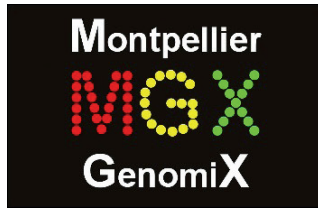
Plateforme Génolim

P11F

- **Responsable scientifique**

Sophie Alain
sophie.alain@unilim.fr
05 55 05 67 28 (24)

Informations à venir



Montpellier GenomiX (MGX)

UMS 3426 BioCampus Montpellier

P11B

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

• Responsable scientifique

Laurent Journot - 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
Resp. technique : Hugues Parrinello,
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
Resp. technique : Véronique Pantesco,
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
Resp. technique : Philippe Clair,
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

Resp. techniques :

- Pierre Mournet, pierre.mournet@cirad.fr,

- Sylvain Santoni, 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.

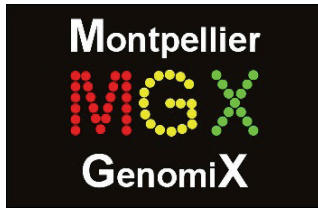
- Séquençage d'étiquettes ADN à très haut débit : un Hi-Seq 2000 accompagné d'une cBot et d'un Genome Analyzer II (Illumina).

- 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





Plateforme Génome et Transcriptome (GeT) / GenoToul Génome-Transcriptome

P11D

<http://www.genotoul.fr/>

• Responsable scientifique

Denis Milan - get@genotoul.fr

• Descriptions et Activités

La plateforme «Génome -Transcriptome» de la région toulousaine regroupe 2 plateformes (Génomique et Biopuces) et 3 plateaux techniques (Purpan, Ranguel et Saint-Martin-du-Touch).

> Site : Plateforme Génomique (GeT - PlaGe) / GenoToul Genomic IBiSA

- Responsables : Cécile Donnadieu (cecile.donnadieu@toulouse.inra.fr tel : 05.61.28.55.88)

- Description : Séquençage nouvelle génération (Hiseq 2500, Hiseq 2000, Miseq, Roche 454). Analyse de méthylation et allèle spécifique. Séquençage Sanger de fragments PCR ou génomiques. Génotypage de marqueurs génétiques. Analyse de l'expression des gènes en temps réel (Biomark de Fluidigm).

> Site : Plateforme Biopuces (GeT - Biopuces) / GenoToul Biopuces IBiSA

- Responsable : Véronique Le Berre (leberre@insa-toulouse.fr tel : 05.61.55.94.71)

- Description : Production, analyse et développement de biopuces à ADN et à protéines.

Expériences de transcriptomique (ARNm et micro ARN), de génotypage (CGH-arrays)

Analyse de la régulation de l'expression des gènes (épigénétique) - Analyses statistiques
Séquençage nouvelle génération (Ion-Proton)

> Site : Plateau Transcriptomique Quantitative (GeT - TQ)

- Responsable : Jean-José Maoret (Jean-Jose.Maoret@inserm.fr tel : 05 61 32 56 08)

- Description : Plateau dédié à la qPCR moyen et haut-débit. Analyse sur cellule unique (transcrits) sur C1 Fluidigm en lien avec Biomark sur GeT-PlaGe.

> Site : Plateau de Génomique de Purpan (GeT - Purpan)

- Responsable : Nicolas Borot (nicolas.borot@udear.cnrs.fr tel : 05 61 15 84 22)

- Description : plateau de séquençage à façon (ABI 3130XL) de tout fragment d'ADN (plasmides, amplicons et génomiques) et génotypage. Séquençage moyen débit (Ion PGM).

> Site : Plateau Impact Transcriptomique des Xénobiotiques (GeT - TRiX)

- Responsable : Yannick Lippi (Yannick.Lippi@toulouse.inra.fr tel : 05 61 28 57 26)

- Description : Plateau dédié aux microarrays Agilent (expression ARNm et micro ARN). Automatisation de la préparation des bibliothèques. Analyse biostatistique des données d'expression.

• Expertise - Prestations

GeT est une plateforme technologique de pointe, localisée à Toulouse, qui met à disposition de la communauté scientifique les outils et l'expertise dans le domaine de la génomique et de la transcriptomique. Rattachée à GenoToul, ses missions sont de :

- Proposer un service adapté à vos projets de séquençage nouvelle génération (NGS) haut débit ou séquençage Sanger, de génotypage, de transcriptomique

- Conseiller, former et animer un réseau scientifique

- Procurer aux utilisateurs les outils nécessaires les plus performants

- Répondre au mieux aux attentes des laboratoires publics et privés.

Voir <http://get.genotoul.fr> pour les dernières mises à jour

• Spécificités, originalité

La plateforme GeT apporte de façon coordonnée l'une des offres technologiques les plus complètes de France dans le domaine de la génomique et de la transcriptomique. Au travers GeT-PlaGe, elle joue un rôle majeur dans le projet d'envergure nationale Infrastructures d'avenir France Génomique. GeT-PlaGe et GeT-Biopuces sont toutes deux certifiées ISO9001 :2008.

• Modalités d'accès

- accès public/privé. Information et devis sur demande.

Voir <http://get.genotoul.fr>

• Certifications, labels, logos des partenaires

IBiSA, ISO9001 :2008

