



GeT
Génome et
Transcriptome

Evolutions de la Plateforme GeT

<http://get.genotoul.fr>

Denis Milan

GeT : Génome & Transcriptome

- Une méta-plateforme établie en 2010, par le regroupement des deux plateformes :

- Plateforme GeT-PlaGe (Séquençage , Génotypage, Q-PCR HD)
- Plateforme GeT-Biopuces (Transcriptome)



et des 3 plateaux à Purpan, Rangueil & Saint Martin (INRA)

- Labellisées IBiSA (Infrastructures pour la Biologie, la Santé et l'Agronomie)
- Sous démarche qualité certifiée ISO 9001:2008



- **Certification ISO 9001:2008**



Expertise et mise à disposition d'une plateforme technologique en génomique :

- Séquençage / Génotypage
- PCR temps réel



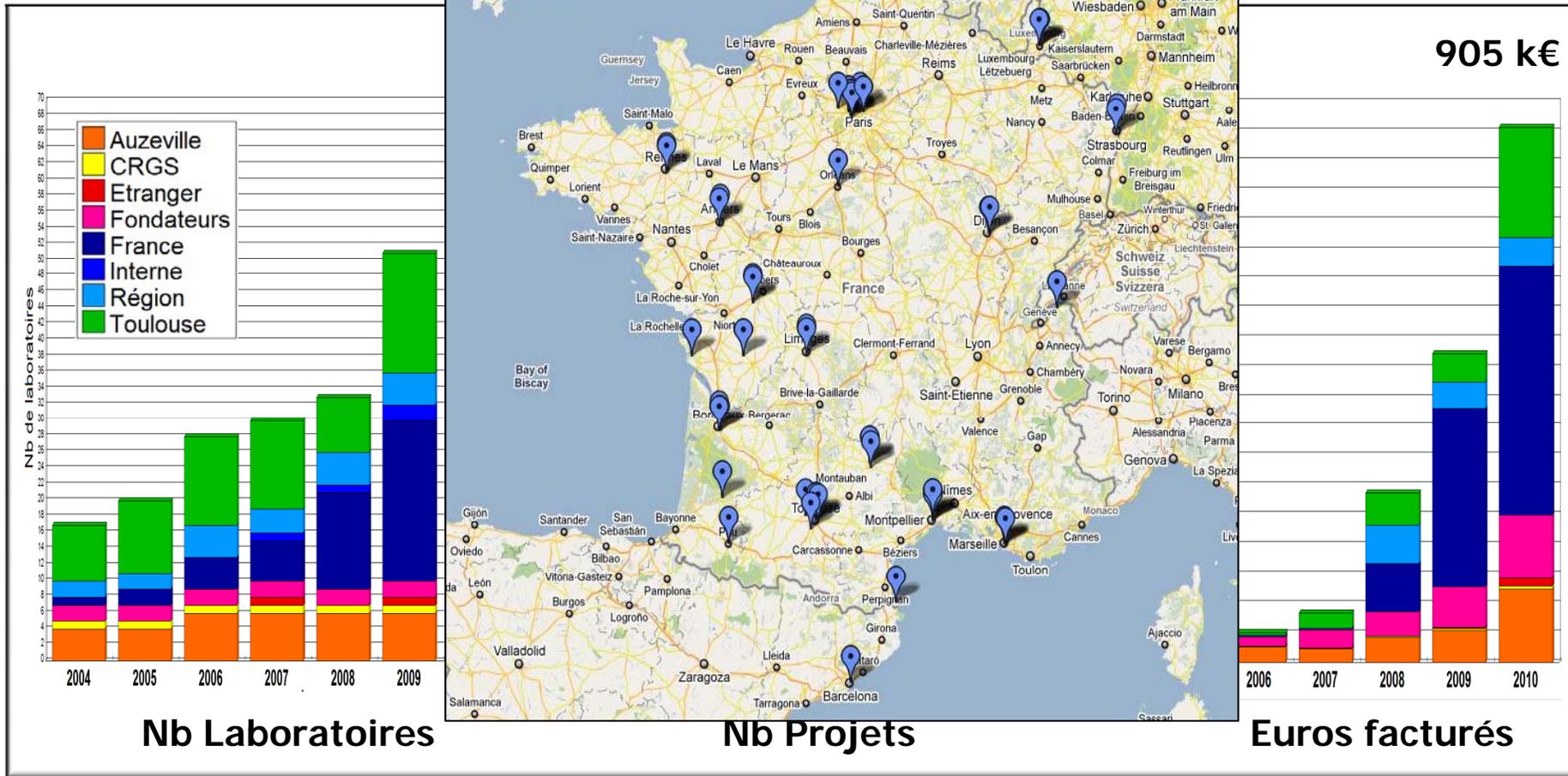
- **Plateforme stratégique INRA avec une dotation fonctionnement**
- **Un partenariat fort et historique avec la PF Bioinformatique**
- **Gestion financière et RH des non titulaires par le SAIC de l'INP**
- **Dernières évolutions de personnel :**



Anne

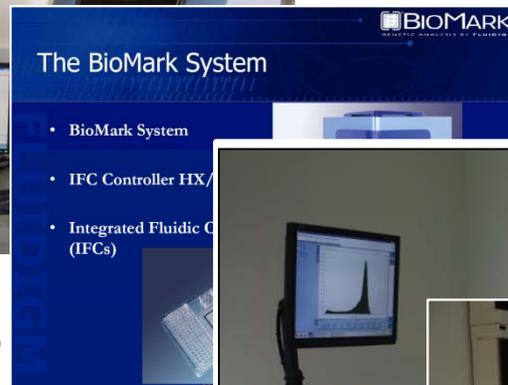
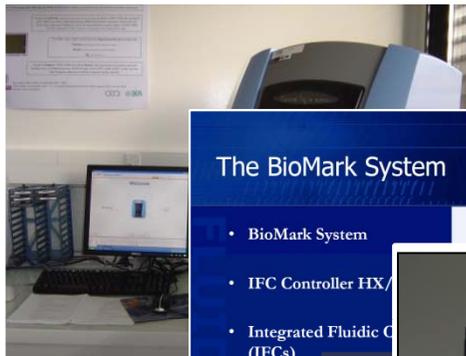
Frédéric SSII UPS

Une forte croissance ...



Les avancées des 3 dernières années

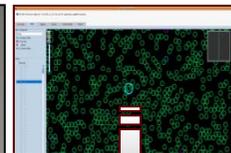
2008



384 SNP sur jeux de 480 échantillons pour 0.03-0.10 €

Q-PCR HD en 7 nl (96x96)

2009



Séquençage 500 Mb / run

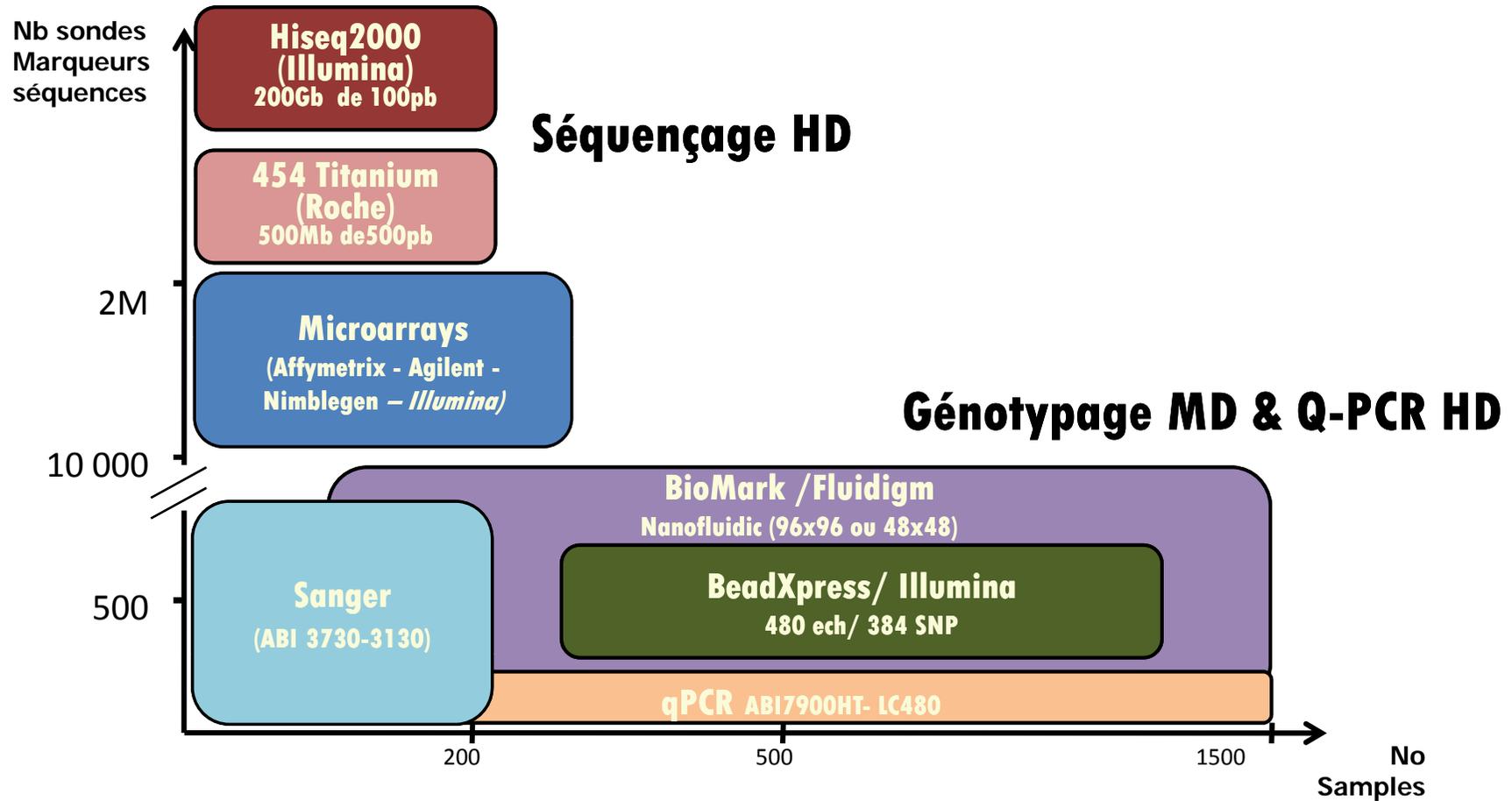
2008



Séquençage
200 Gb/ run

2010

Technologies disponibles



LES EVOLUTIONS EN COURS



GS FLX 454

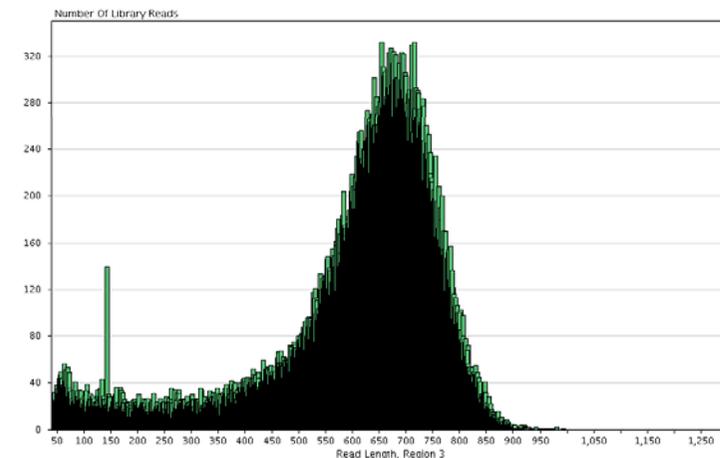
Pyroséquençage

Longueur :

~400 pb

Débit : 1 million de séquences

Temps de run : 10h



(Library)	1	5	6	7	8	Total
Raw Wells	154,451	174,177	146,041	155,104	156,531	1,150,658
Key Pass Wells	140,858	163,184	134,504	144,565	145,825	1,060,141
Passed Filter Wells	107,321	76,637	43,148	60,607	79,527	518,628
Total Bases	64,744,932	43,485,748	22,356,569	20,739,074	46,471,739	203,539,965
Length Average	603.28	567.42	518.14	474.19	584.35	546.71
Length Std Deviation	153.87	188.07	218.87	191.27	177.48	
Fast Reads Length	976	1,513	1,417	1,589	1,407	1,589
Fast Reads Length	40	40	40	40	40	40
Median Reads Length	636.0	625.0	597.0	526.0	636.0	600.0

602.42
 172.52
 1,307
 40
 648.0

GS FLX +



GS FLX 454 +

Pyroséquençage

Longueur :

700 pb

Débit : 1 million de séquences

Temps de run : 10h



GS Junior

Pyroséquençage

Longueur : ~400 pb

Débit : 100000 séquences

Temps de run : 10h



HiSeq 2000 v3

Séquençage par synthèse
2 flowcells
Longueur : 2 x 100 pb
Débit : 300 GB/flowcell
Temps de run : 10 jours
Multiplex 24

Livraison en cours



MiSeq

Séquençage par synthèse
1 échantillon
Longueur : 2 x 150 pb
Débit : >1 GB
Temps de run : 27 h

Les évolutions de la fin 2011

- **Faire évoluer les machines existantes :**
 - Roche GS FLX+ : 700 Mb **700 b**
 - Hiseq2000 v3 : 2 x **300 Gb /run (100 b)**

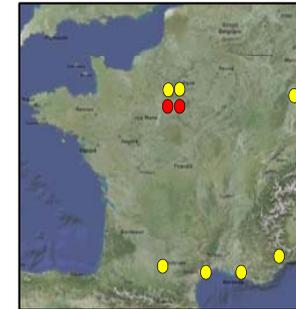
- **Compléter les machines existantes par des machines à plus bas débit (test, **réactivité**, accès des équipes)**
 - Miseq : 1 Gb / run (1 ech) **150 b**

LES EVOLUTIONS DE 2012

France Génomique

- **Quatre projets déposés dans l'appel « Infrastructure Nationale » :**

- Genoscope 2020 (J. Weissenbach)
- ICNG (M. Lathrop)
- **InDiGen** (P. Barbry & D. Milan)
- ReNaBi-IBF (J.F. Gibrat)



- **Une infrastructure nationale dotée de 60 M€ dans le cadre du grand emprunt**
- **Comité directeur : J. Weissenbach (IG), J. Hager (CNG), P. Wincker (CNS), P. Barbry & D. Milan (InDiGen), J.F. Gibrat & C. Médigue (ReNaBi)**

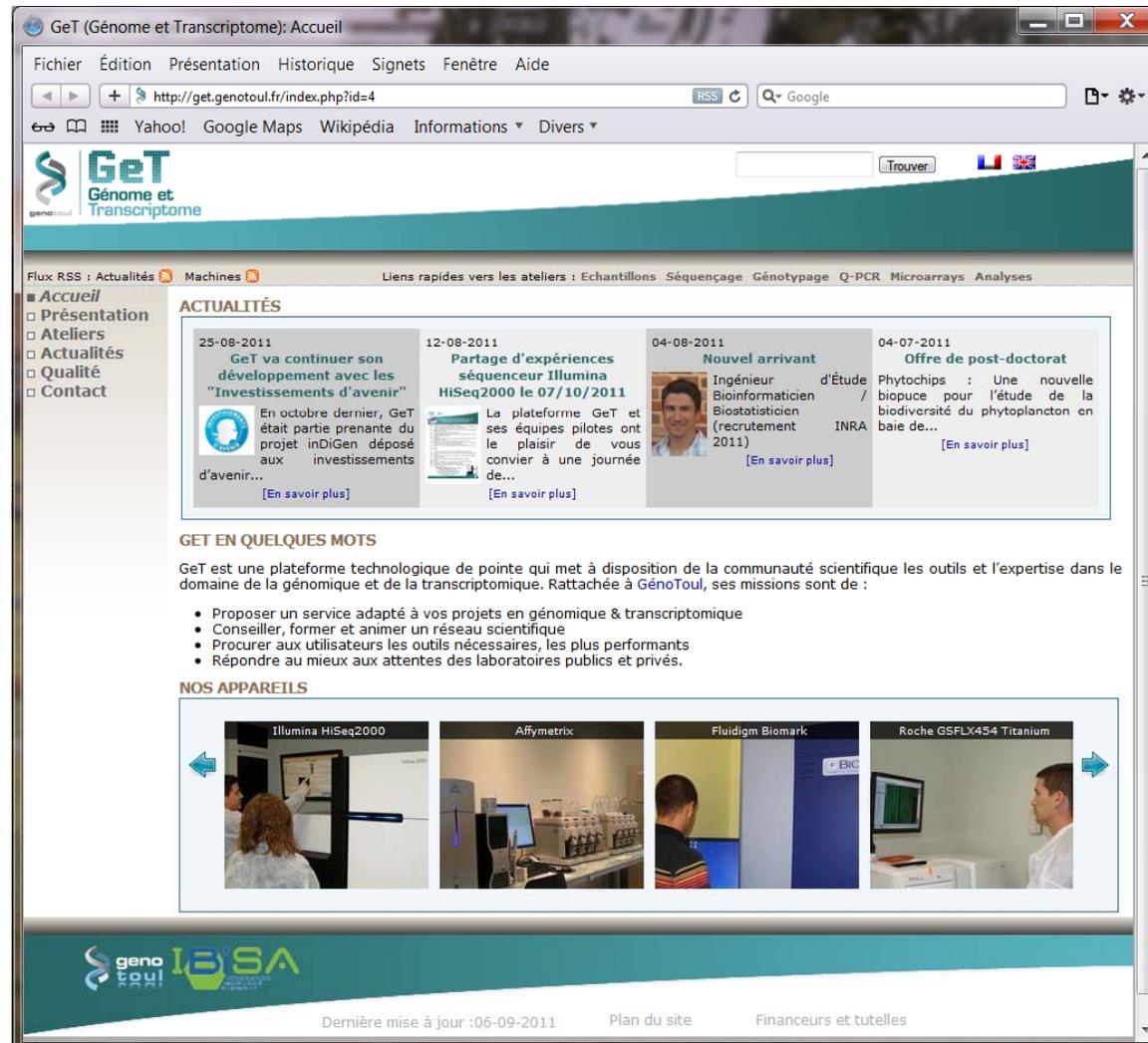
France Génomique

- **Les objectifs de France Génomique :**
 - **Un réseau national intégrant CNS/CNG & 7 PF IBiSA**
 - **Un portail unique pour les utilisateurs**
 - **Des développements (bio & bioinfo) et une veille mis en commun**
 - **Du matériel complété en fonction des besoins**
- **Pour GeT-PlaGe & PF Bioinfo sur les années 1&2 :**
 - **Un nouvel Hiseq 2000**
 - **Une contribution à l'automatisation de la préparation des librairies**
 - **1 CDD Biologiste + 2 CDD Bioinfo sur 2 ans + 1 CDD coordination bioinfo nationale**
 - **300 k€ d'infrastructure informatique**



CONTACTS

Un nouveau site commun à tous les sites GeT



GeT (Génome et Transcriptome): Accueil

Fichier Édition Présentation Historique Signets Fenêtre Aide

http://get.genotoul.fr/index.php?id=4

Flux RSS : Actualités Machines Liens rapides vers les ateliers : Echantillons Séquençage Génotypage Q-PCR Microarrays Analyses

ACTUALITÉS

<p>25-08-2011</p> <p>GeT va continuer son développement avec les "Investissements d'avenir"</p> <p>En octobre dernier, GeT était partie prenante du projet inDiGen déposé aux investissements d'avenir...</p> <p>[En savoir plus]</p>	<p>12-08-2011</p> <p>Partage d'expériences séquenceur Illumina HiSeq2000 le 07/10/2011</p> <p>La plateforme GeT et ses équipes pilotes ont le plaisir de vous convier à une journée de...</p> <p>[En savoir plus]</p>	<p>04-08-2011</p> <p>Nouvel arrivant</p> <p>Ingénieur d'Étude / Bioinformaticien / Biostatisticien (recrutement INRA 2011)</p> <p>[En savoir plus]</p>	<p>04-07-2011</p> <p>Offre de post-doctorat</p> <p>Phytochips : Une nouvelle biopuce pour l'étude de la biodiversité du phytoplancton en baie de...</p> <p>[En savoir plus]</p>
--	--	---	--

GET EN QUELQUES MOTS

GeT est une plateforme technologique de pointe 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 **GénoToul**, ses missions sont de :

- Proposer un service adapté à vos projets en génomique & 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.

NOS APPAREILS

Illumina HiSeq2000



Affymetrix



Fluidigm Biomark



Roche GSFLX454 Titanium



genotoul IBSA

Dernière mise à jour : 06-09-2011 Plan du site Financeurs et tutelles

Les contacts

- **Pour s'informer :**

- Un site Web commun : <http://get.genotoul.fr>
- Une adresse mail commune : get@genotoul.fr

- **Direction :**

- **Directeur :** Denis Milan
- **Directrice adjointe :** Véronique Le Berre

- **Les responsables de sites :**

- **GeT-PlaGe :** Cécile Donnadieu
- **GeT-Biopuces :** Véronique Le Berre
- **GeT-TQ (Ranguéil) :** Jean José Maoret
- **GeT-Purpan :** Nicolas Borot
- **GeT-TRiX (INRA Saint Martin) :** Pascal Martin

