

Faits Marquants Wetlab

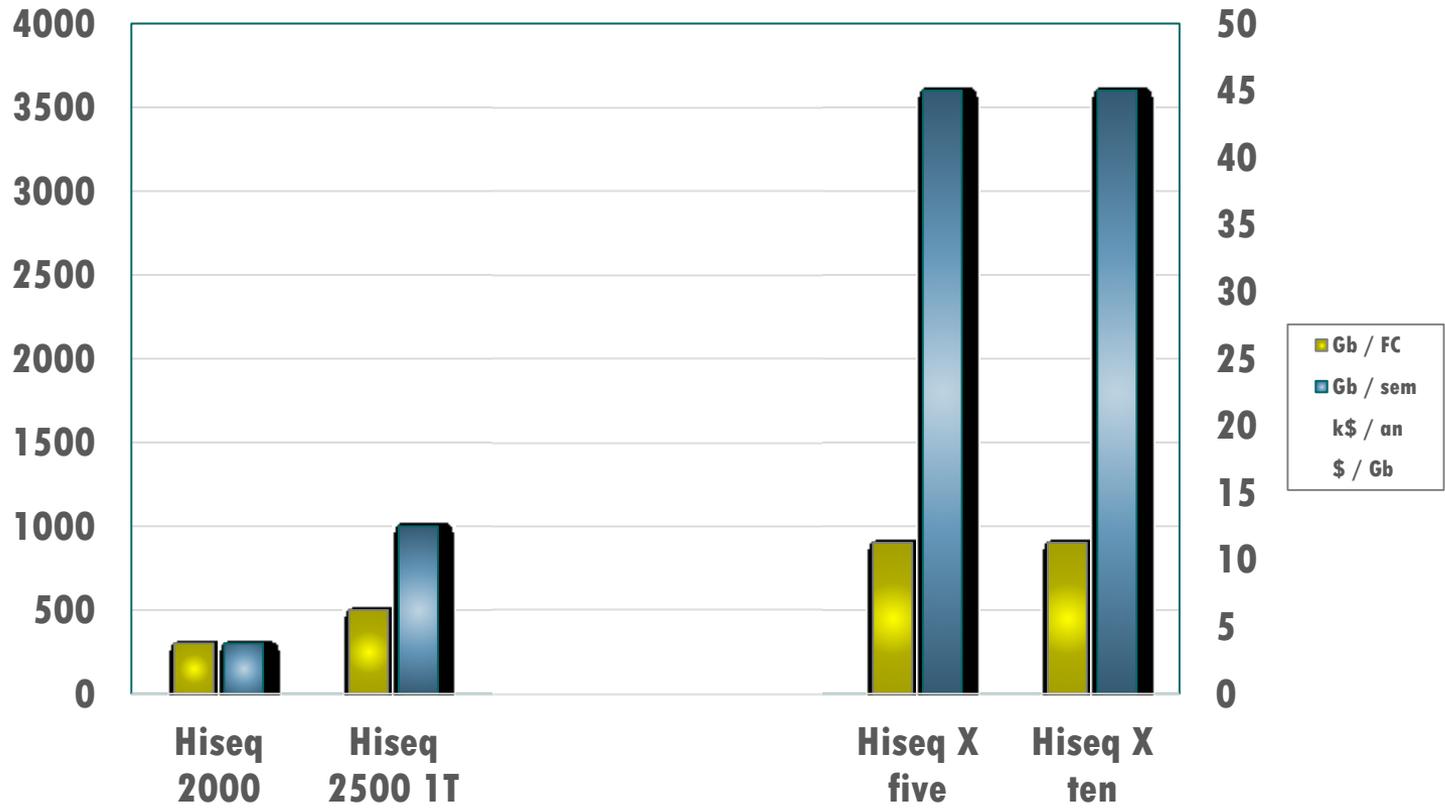
Assemblée Générale
France Génomique
24-25 novembre 2015



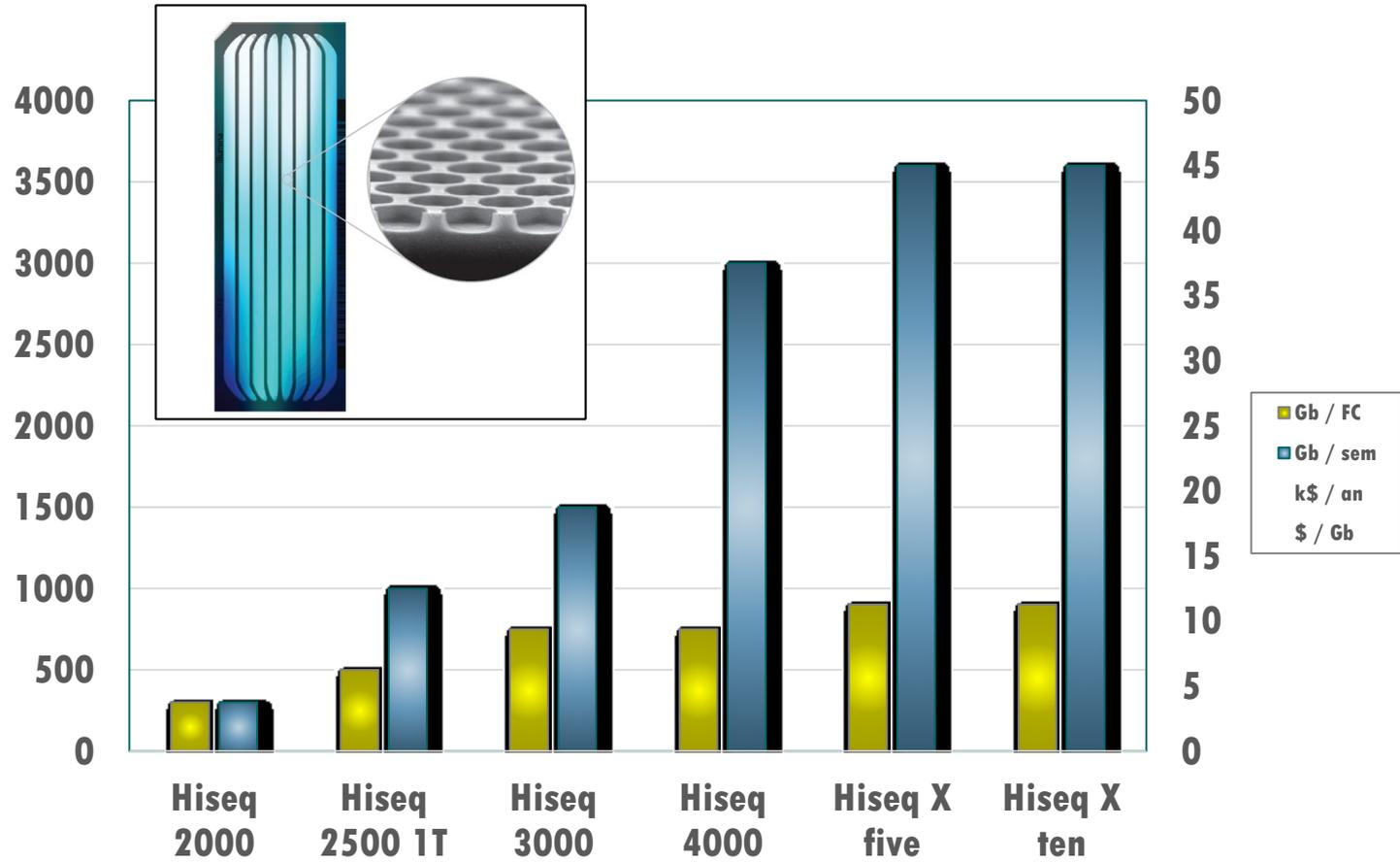
Faits marquants Technologies

Productivité des Hiseq & coûts

2015 : Une année riche en nouveautés



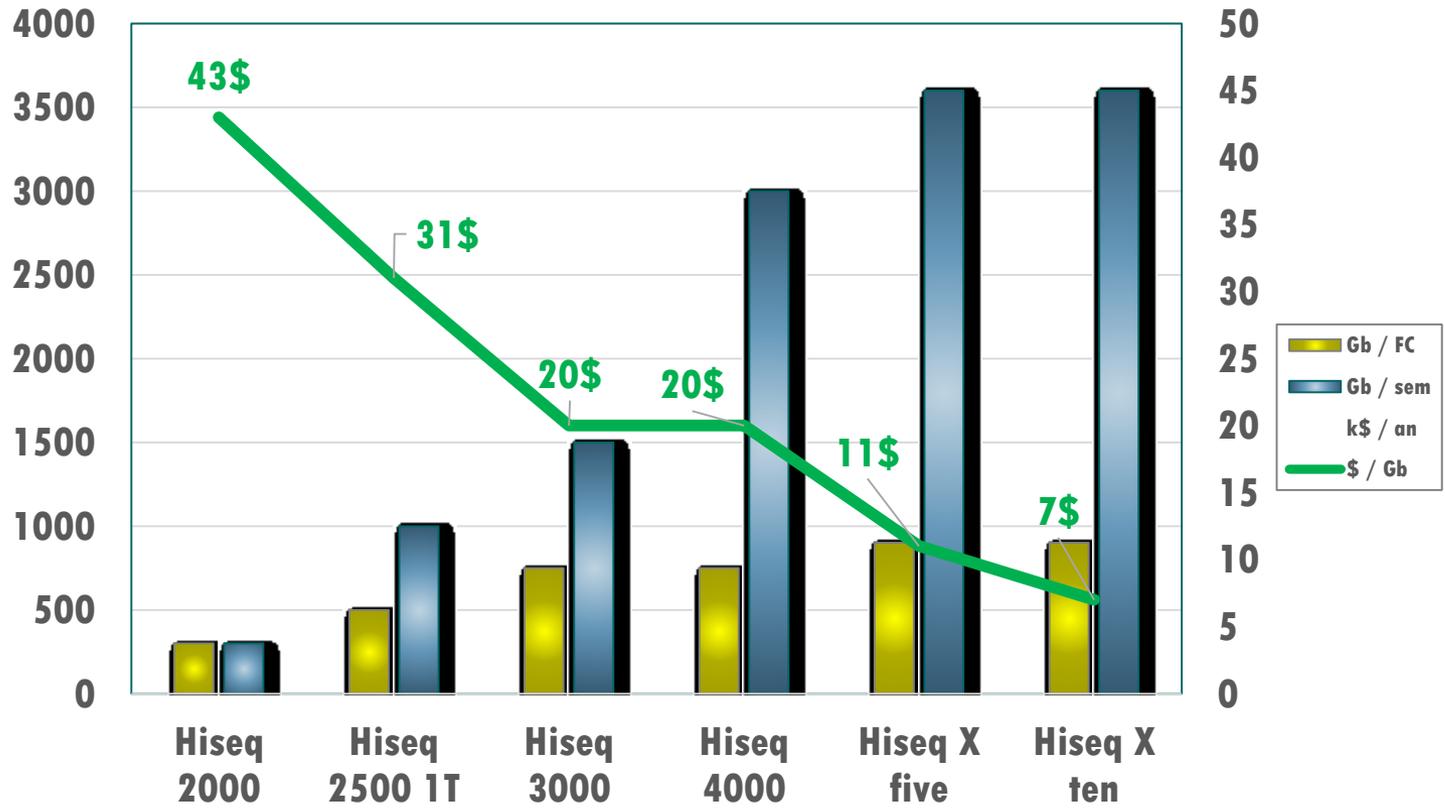
Productivité des Hiseq & coûts



Janvier 2015 : Sortie des **HiSeq 3000 & HiSeq 4000**
 (basé sur les Flow Cells de l'HiSeq X)

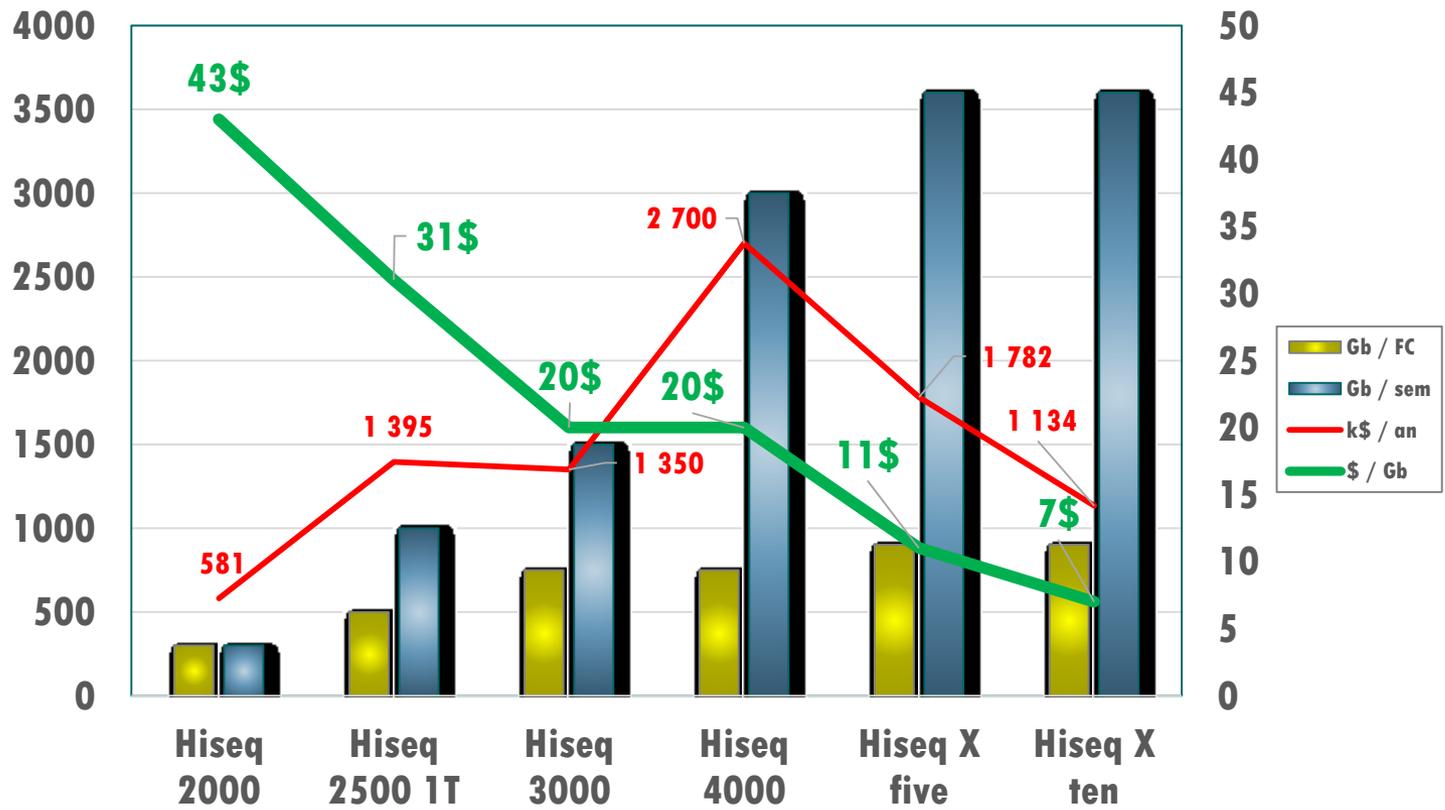
Productivité des Hiseq & coûts

Coûts réactifs Illumina \$ / Gb



Productivité des Hiseq & coûts

Coûts réactifs k\$ /an pour une machine à ≈ 100 % 45 sem /an



**Octobre 2015 : Ouverture des HiSeq X au non humain (en 30x)
(s'achète par 5 ou plus)**

Evolution du matériel

- **La gamme Illumina**

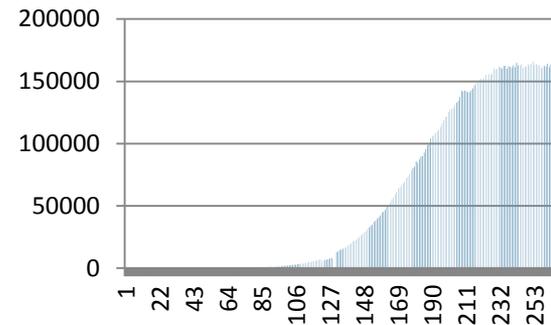
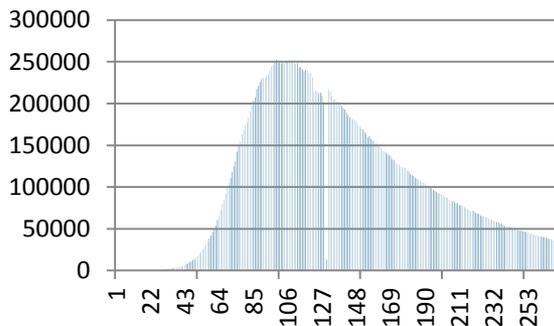
	Miseq	Nextseq	Hiseq 3000	Hiseq X
Gb / Fl Cell	15 Gb	120 Gb	750 Gb	900 Gb
M reads / FC	25	400	2000	3000
Gb / sem	30Gb	360 Gb	1500 Gb	3600 Gb
	2 x 300	2 x 150	2 x150	2 x 150
Cout / Gb		35\$	20 \$	11\$ / 7 \$



Mise en place de l'HiSeq 3000

- **Dans un premier temps forte déconvenue sur le RNAseq (séquençage préférentiel des petits fragments) en 2 x 150 pb.**

→ Modification des protocoles



- **Analyse des données : les données non indexées sont éliminées alors qu'on y avait accès avant (nouvelle version Bcl2Fastq) ce qui était utile pour qualifier les échantillons.**

Problème du Miseq

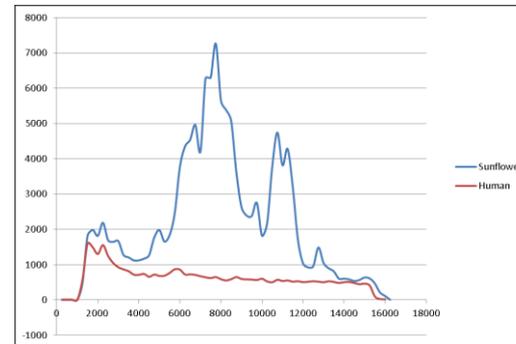
- **Problème depuis Mars 2015 sur le 2 x 300 bp nécessaire pour la métagénomique (a remplacé le GS Flx).**
- **Problème de lots de réactifs chez Illumina, qui a eu beaucoup de mal à le reconnaître plus ou moins.**
- **Devrait être solutionné depuis quelques semaines, mais pas de nouvelles pour l'instant.**



- La chimie P6/C4 n'améliore pas la qualité intrinsèque, mais permet le séquençage de **plus grands fragments**
- Achat d'un PacBio RSII à Toulouse sur crédits Région MP/FEDER, en raison d'un intérêt tout particulier pour les **génomés végétaux**.



Tournesol : 30 % de séquences répétées (LTR)
Homme : 8.8 % de séquences répétées



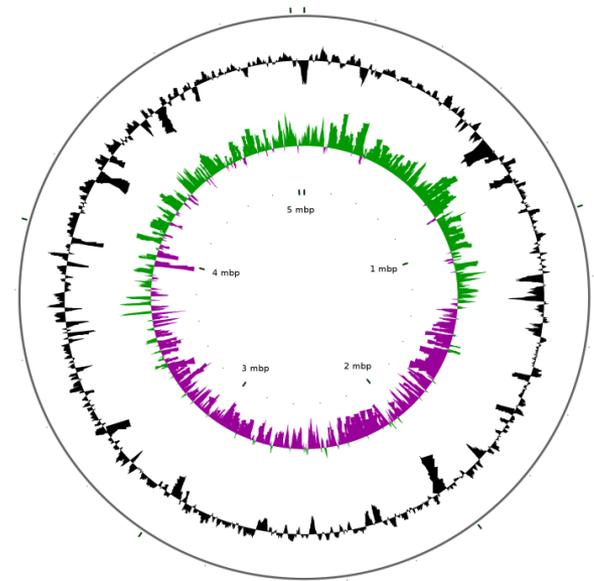
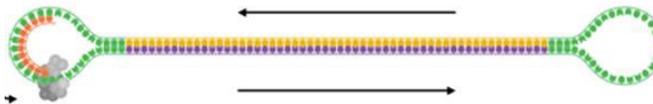
LA DIFFICULTE : avoir suffisamment de séquences passant les grandes répétitions

Validation sur Xanthomonas

« filtered_subreads » P6/C4	#	MIN	MAX	N50 BP	N50 NUM	MEAN	BP
Xantho 0.1 nM	81 112	50	42 598	9 599	24 690	7 886	639Mb

Résultats avec le pipeline de Pacific Biosciences
avec analyse standard : **2 contigs** tels qu'attendus

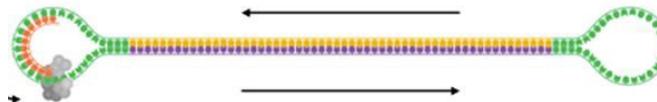
- un chromosome de **5Mb** sans 'N'
- un plasmide d'environ **80kb**



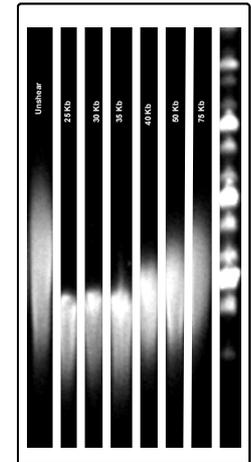
Optimisation des conditions sur Tournesol

Points clés :

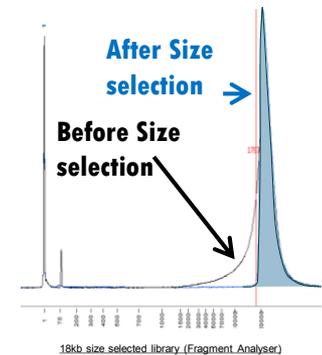
- Des ADN de grande taille :
 - Coupure avec **Mégaruptor**
 - Séparation grands fragments avec **Blue Pippin**
- Une incubation **longue** de l'ADN sur les SMRT
- Des runs plus longs :
 - Permettant soit la lecture de **fragments longs**, soit la relecture et l'amélioration de la **qualité**
 - 4h → 6h



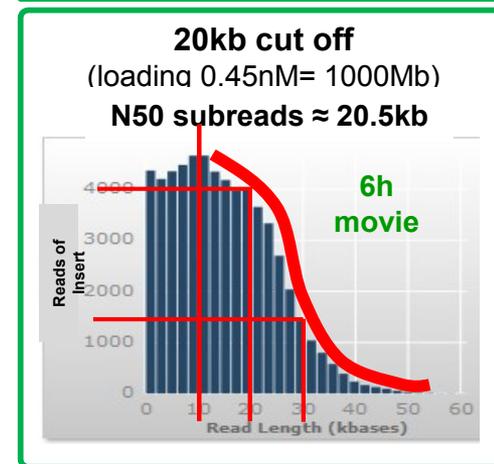
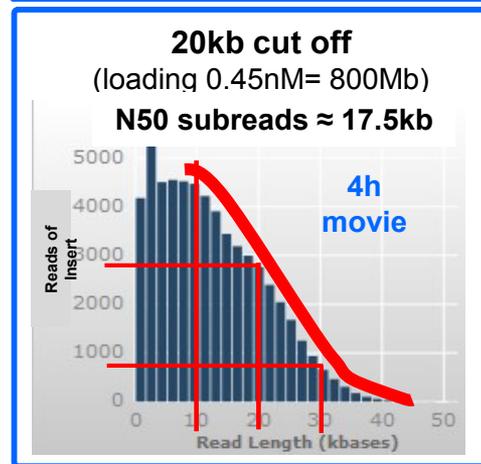
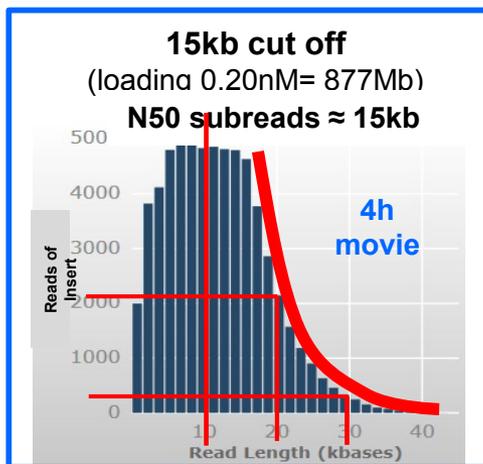
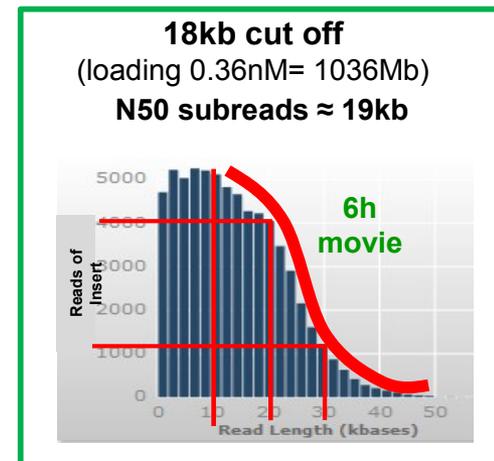
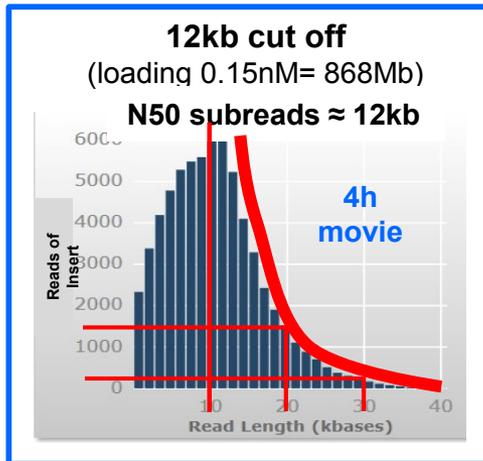
Mégaruptor



Blue pippin



Amélioration de la longueur des lectures



Amélioration de la longueur des lectures

Moyennes sur 147 SMRT 1^{er} Génome Tournesol :

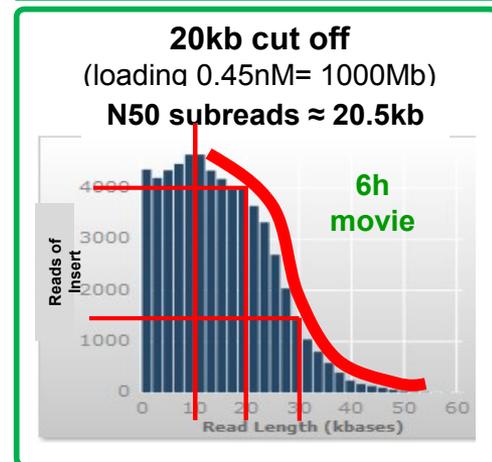
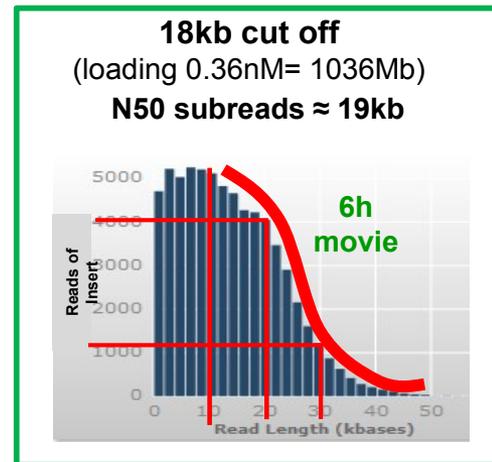
- **N50** moyen de **15365** (**19705** reads > N50)
- **800 Mb / SMRT cell**

Moyennes sur 103 SMRT 2^e Génome Tournesol :

- **N50** moyen de **18510** (**20989** reads > N50)
- **1 041 Mb / SMRT cell (max 1 445 Mb)**

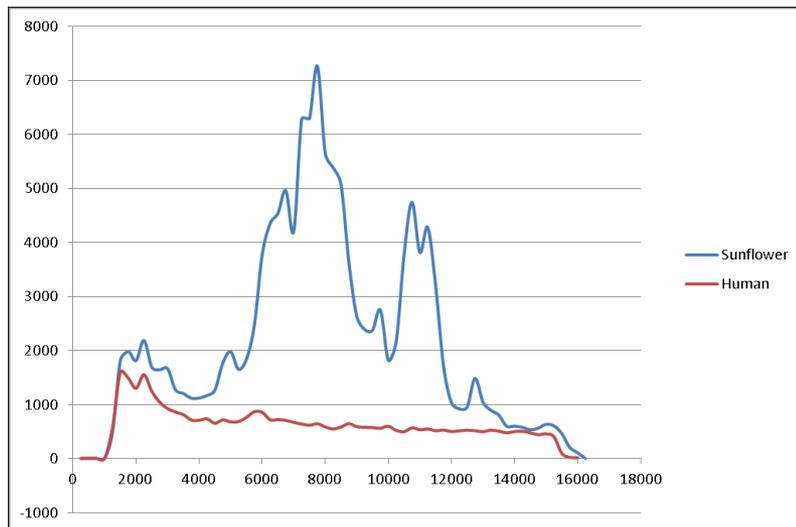
Top 10 of our longest subreads

80974 bp
 79860 bp
 79834 bp
 78105 bp
 77481 bp
 76881 bp
 76558 bp
 76355 bp
 75569 bp
 75559 bp



Séquençage du Tournesol

Tournesol : 30 % de séquences répétées (LTR)
Homme : 8.8 % de séquences répétées



LA DIFFICULTE : avoir suffisamment de séquences passant les **grandes répétitions**

- **INRA (équipe Tournesol) :**
Hiseq en 127 X
→ 43 % de couverture
- **Effort international :**
454, Hiseq, Carte Génétique & Physique (BAC fingerprintés)
→ 63 % de couverture
- **INRA (équipe Tournesol) :**
PacBio en 107 X (407 SMRT)
→ 84 % de couverture
13124 contigs avec N50 = 498 kb

Séquençage du Tournesol

EQUIPES IMPLIQUEES :

- **LIPM** : Baptiste Mayjonade, Jérôme Gouzy, Nicolas Langlade, Chris Grassa, Sébastien Carrere, Erika Sallet, Ludovic Legrand, Marie-Claude Boniface, Nicolas Pouilly, Stéphane Munoz
- **CNRGV** : Hélène Berges, William Marande, Saunia Vautrin
- **Plateforme GeT** : Céline Vandecasteele, Gérald Salin, Cécile Donnadieu
- **INRA (équipe Tournesol)** :
Hiseq en 127 X
→ 43 % de couverture
- **Effort international** :
454, Hiseq, Carte Génétique & Physique (BAC fingerprintés)
→ 63 % de couverture
- **INRA (équipe Tournesol)** :
PacBio en 107 X (407 SMRT)
→ 84 % de couverture
13124 contigs avec N50 = 498 kb

L'annonce du Sequel

- **L'annonce d'une sortie du Sequel :**
 - Machine **2 x moins chère** et **2 x plus petite**
 - Machine **7 x plus productive**
(1 M de ZMW = puits)
 - Coûts au **Gb divisé par 2-4**
- **Disponibilité :**
 - aux **US en Q4 2015**
 - **En Europe en 2016**
- **Complémentaire du RSII ou le cannibalise ?**



Progrès d'Oxford Nanopore

	Minion	Promethion
		
Flow Cells	1	48
Chanel	512	144 000
Durée	Up 48 h	Up 48 h
Taille max	up 230-300 kb	up 230-300 kb
Prod (à 70 b/s)	6 Gb (48h)	-
Prod (à 500 b/s)	42 Gb (48h)	12 000 Gb (48h)
Cout appareil	1 000 \$	75 000 \$
Cout au run	270-500-900 \$	-

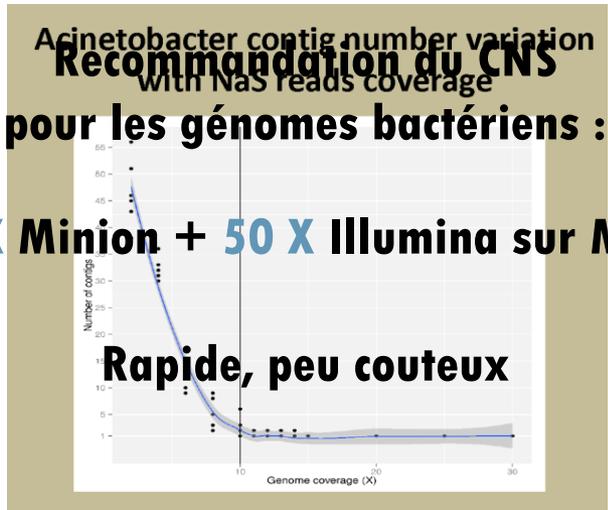
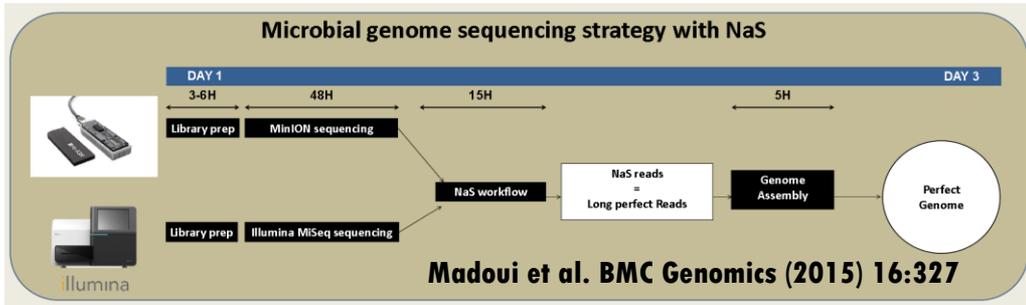
Minion disponible commercialement depuis Mai 2015

Dernières infos de l'institut de Génomique

- **Plus de 100 runs réalisés à l'IG**
- **Des évolutions positives avec les nouvelles puces.**
- **Sortie d'une puce commerciale Mkl : 900 \$ par 1, 500 \$ par 48**
- **Les résultats à l'IG :**
 - 550 Mb de données brutes dont 220 Mb lus 2 fois (données 2D)
 - 15 % de taux d'erreur sur les données 2D
 - 4 runs ont dépassé 1Gb de données produites
- **10 Gb de données 2D espérées sur la future version MkII.**
- **Ouverture de l'Early Access pour le PromethION**

Les avancées avec Oxford Nanopore

L'expérience du CNS (voir poster Madoui & al)



Genome assembly using nanopore synthetic (NaS) reads

<http://www.genoscope.cns.fr/nas>

Madoui MA, Itabce B, Gautreaux G, Engelen S, Belser C, Bertrand L, Cruz U C, Lemaître A, Winkler P, Aury JM
Genoscope – Institut de Génomique – Commissariat à l’Energie Atomique (CEA), 2 rue Gaston Crémieu, 91 000 Evry – France

Introduction

The assembly of long reads generated by the Oxford Nanopore MinION® instrument is challenging as existing assemblers were not implemented to deal with long reads exhibiting errors to 25% of bases. Here, we present a hybrid approach devised to take the advantage of long reads generated by MinION® devices.

We are equipped with known bacterium, *Acinetobacter baumannii* ADZ and applied our method to obtain a high contiguous and long contigs to accurate genome assembly even in a petabyte data. In contrast to a MinION-only assembly.

Our hybrid strategy was able to generate NaS (Nanopore Synthetic) reads up to 10 kb, therefore significantly reducing the error rate in the long reads genome and that spanned highly contig and repetitive regions. The average accuracy of NaS reads reached 99.9%, without losing the long read error input MinION® reads.

The NaS method

1. Short reads alignment - fast mode using BWA
2. Short reads re-assembly - accurate de novo using contigmap with 3 seeds and 10-100 overlapping reads
3. Short reads micro-assembly - consistent assembly with string parameters
4. Synthetic reads reconstruction - fragmenting reads by contig graph

Microbial genome sequencing strategy with NaS

DAY 1 (3-6H): Library prep (Illumina), MinION sequencing

DAY 2 (48H): NaS workflow

DAY 3 (15H): NaS reads or Long perfect Reads

DAY 4 (5H): Genome Assembly

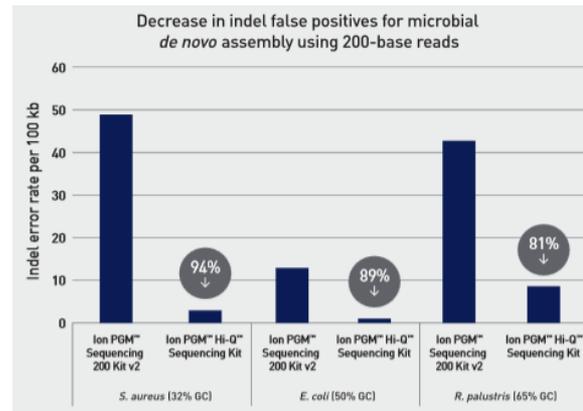
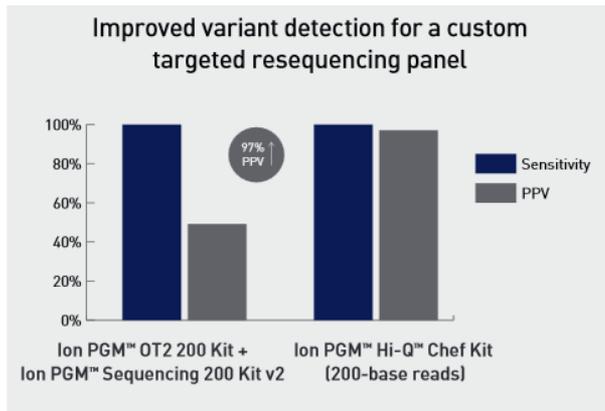
Perfect Genome

Library prep (Illumina), Illumina MiSeq sequencing

Comparing of NaS to other hybrid connection methods

Method	MinION reads	Hybrid-Cover	CCrack	NaS
Genome	100%	100%	100%	100%
Genome size	1.2 Mb	1.2 Mb	1.2 Mb	1.2 Mb
Genome coverage	100%	100%	100%	100%
Genome N50	100%	100%	100%	100%
Genome L50	100%	100%	100%	100%
Genome L90	100%	100%	100%	100%
Genome L95	100%	100%	100%	100%
Genome L99	100%	100%	100%	100%
Genome L99.5	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9	100%	100%	100%	100%
Genome L99.95	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99	100%	100%	100%	100%
Genome L99.995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99999999999999999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999999999999999999999999999999999999999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9999999999999999999999999999999999999995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99	100%	100%	100%	100%
Genome L99.995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99	100%	100%	100%	100%
Genome L99.995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99	100%	100%	100%	100%
Genome L99.995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99	100%	100%	100%	100%
Genome L99.995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99	100%	100%	100%	100%
Genome L99.995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99	100%	100%	100%	100%
Genome L99.995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99	100%	100%	100%	100%
Genome L99.995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99	100%	100%	100%	100%
Genome L99.995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99	100%	100%	100%	100%
Genome L99.995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99	100%	100%	100%	100%
Genome L99.995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999	100%	100%	100%	100%
Genome L99.9995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.99	100%	100%	100%	100%
Genome L99.995	100%	100%	100%	100%
Genome L99.999	100%	100%	100%	100%

- Une nouvelle machine rapide **Ion S5**, pour le séquençage ciblé (avec 3 nouvelles puces avec des débit du PGM au Proton).
- Une nouvelle **chimie Hi-Q** plus fiable



Improved variant calling accuracy

Up to 71% reduction in false positive rates for exome sequencing using the Ion AmpliSeq™ Exome Kit.

Improved coverage of GC rich amplicons

Up to 80% increase in relative coverage improvement for amplicons with >85% GC content.

Faits marquants à partir de vos résumés

Faits Marquants à partir des résumés

	CNS	CNG	Strasbourg	Nice	Toulouse	Marseille	Montpellier	Pasteur	ENS	Curie	GIF	INRA	Evry	Nb
Petites Qté RNA seq	X	X	X										X	4
RNA Seq	X	X									X			3
Single Cell RNA seq			X	X	X				X					4
Long Reads	X	X			X						X			4
De novo Seq	X				X									2
Carte Optique	X													1
BAC end seq	X													1
ChiP		X	X											2
Enhancer seq		X				X								2
Ribosome profiling				X										1
Petits ARN											X			1
RRBS							X							1
16S					X			X						2
Métagénomique														1
Métatranscriptomique		X												1
Test Ion S5								X						1
Data standard									X					1
Robotisation		X												1
Capture NGS										X				1
RADseq											X			1

Quelques exemples

■ Qualité de l'extraction de matériel pour les applications Nanopore et Bionano:

- Optimisation des extractions à partir de plugs pour obtenir de l'ADN de haut poids moléculaire
- Evaluation du Xpose



■ Bionano:



- MAJ (été 2015) qui a permis de récupérer plus de données de bonne qualité
- Utilisation de projets FG pour la mise au point et la production de données

■ Séquençage Nanopore:

- Passage au MinION Mk1
- Préparation de banques 8 et 20 Kb
- Séquençage de génomes jusqu'à 40 Mb et de cDNA



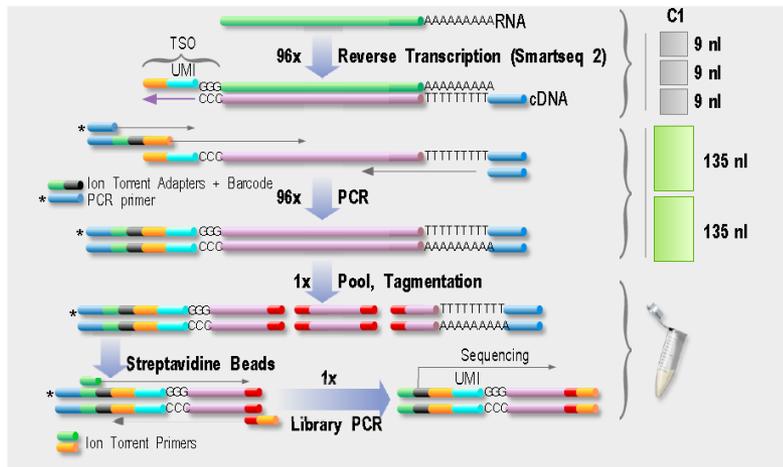
Séquençage Illumina:

- Poursuite de l'automatisation des préparations de banques
 - ✓ Achat d'un 2eme Evo100 (Tecan) pour les qPCR, normalisation et pooling des banques avant séquençage
 - ✓ Achat d'une 2eme LabChip GX (Perkin) pour le contrôle qualité des banques
- Exploration des banques maison « PCR free »
- Développement du protocole BACends en NGS
- Banques MP:
 - ✓ BluePippin (Sage Science) en prod
 - ✓ Achat du Sage Elf (Sage Science)
- Banques RNAseq:
 - ✓ Test SMART-Seq[®] v4 Ultra[™] Low Input RNA Kit
 - ✓ Poursuite de la comparaison de méthodes en metatranscriptomique microbienne (test amplification ARN MessageAmp)
- Acquisition de 2 HiSeq4000
 - ✓ Validations en cours



Single cell RNA seq

Homebrew technique - On chip barcoding with UMIs



Advantages:

- Low cost: <1000 € / 96 cell chip reagent cost.
- Unique molecular identifiers -> molecule counting, less bias.
- Stranded

In conclusion, we have shown that on-chip indexing and molecule counting can be done on Fluidigm C1. The protocol is reproducible and cost-effective. Our workflow was developed for sequencing on the Ion Proton but can be easily adapted for Illumina sequencers.

Development of a cost effective single cell RNA-seq approach

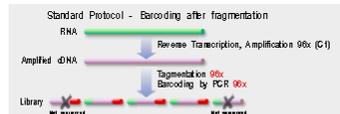


MJ. ARGUÉ¹, K. LEBRIGAND¹, A. PAQUET¹, LE. ZARAGOS^{1,2}, R. WALDMANN^{1,2}, and P. BARBRY^{1,2}

1- Institut de Pharmacologie et Cellulaire (ICPC), Valbonne, France
2- Université Nice-Sophia-Antipolis

The standard protocol for single cell transcriptome profiling with the Fluidigm C1 96 cell chip requires off-chip indexing and library preparation of 96 individual samples. We have developed a cost-effective alternative method for single cell gene expression profiling which is based on on-chip indexing. Indexes are directly added in the microfluidic device during cDNA synthesis. The 96 amplified cDNAs can be pooled, and the preparation of the 96 libraries can be performed in just one reaction. Our protocol preferentially sequences 5'-end of transcripts, thus providing useful information on transcription start sites. Our protocol also controls the amplification biases that are inherent to ultra-low input approaches by introducing short random sequences ("unique molecule identifiers", UMIs¹). The full protocol can be run in less than three days from cellular isolation to library preparation, for a cost under 1000 euros.

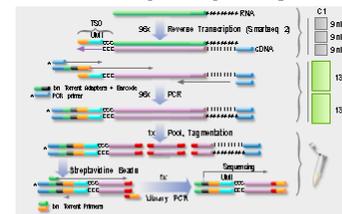
Fluidigm protocol for single cell transcriptome sequencing



Limitations:

- Costly -> 6000 EUR / 96 cell chip.
- Labor intensive - 96 tagmentations and library preparations.
- Outdated - no unique molecular identifiers (UMIs).
- Not stranded

Homebrew technique - On chip barcoding with UMIs



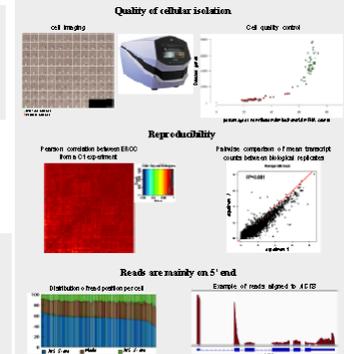
Advantages:

- Low cost - <1000€ / 96 cell chip reagent cost.
- Unique molecular identifiers -> molecule counting, less bias.
- Stranded

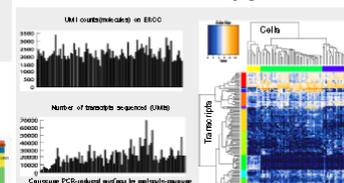
Bioinformatics

- Trimming of both internal adaptors
- Extraction of well formatted UMI [ATCG] (4) [ATC] (3)
- Trimming of (G)_n at least 3 required
- Elimination of trimmed reads < 35nts
- Alignment of reads with Star A lighter than bowtie2
- Integration of UMI as Sam record attribute in bam file
- Computation of UMIs number identified per transcript (edit distance=1)

Validation of the protocol



Characterization of Human airway epithelial cells



In conclusion, we have shown that on-chip indexing and molecule counting can be done on Fluidigm C1. The protocol is reproducible and cost-effective. Our workflow was developed for sequencing on the Ion Proton but can be easily adapted for Illumina sequencers.

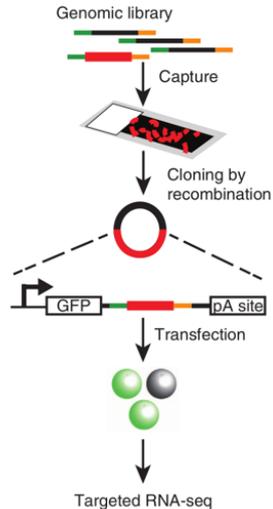
Info: argu@ipmc.cnrs.fr

1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100



IPMC, 640 route des Lucioles, Sophia-Antipolis
06540 Valbonne, France
T: +33 (0)4 93 97 77 77 - Fax: +33 (0)4 93 95 77 08
www.ipmc.cnrs.fr

Mise au point de la méthode CapStarr-seq pour l'étude de l'activité des enhancers chez les mammifères



Le CapStarr-seq est une nouvelle stratégie permettant la quantification de l'activité des enhancers chez les mammifères. Cette approche couple la capture des régions d'intérêt à la technique Starr-seq.

TAGC
Inserm

**Stop looking for a needle in a haystack
How to catch it without fire !**

Nicolas FERNANDEZ (a,b), Fabrice LOPEZ (a,b), Béatrice LORIOD (a,b),
Lan T.M. DAO (b), Laurent VANHILLE (b), Philippe NAQUET (c),
Denis PUTHIER (b), Salvatore SPICUGLIA (b), Catherine NGUYEN (a,b)

TGM1
Transcriptional Genomic Mapping

Resume

De nombreux projets de recherche ne s'intéressent qu'à une partie réduite du génome : la recherche de nouveaux événements, la détermination de sites d'insertion de plasmides dans des lignées cellulaires transgéniques, ou à la recherche de zones régulatrices du génome. Ce sont surtout de nouvelles méthodes pour intensifier le séquençage après enrichissement par un site d'intérêt à l'enhancement, mais sur le plus actif que d'un point de vue découverte. Le fait de ne séquencer qu'une zone restreinte permet de diminuer drastiquement le bruit à l'échelle du génome et d'obtenir des données, tout en assurant une profondeur de séquençage

Projets

Conception de sondes de capture
Analyse des enhancers avec ChIP et Hi-C
Évaluation de la méthode CapStarr-seq pour l'étude de l'activité des enhancers chez les mammifères

Conception des sondes de capture

Design des sondes de capture
Sélection des sondes de capture

Capture

NGS Kit
SureSelect DNA Capture Microarray

Séquençage

Amplify
Fluxus
Illumina

Résultats

Visualisation des données de séquençage
Analyse des données de séquençage

(a) TO M, pôle de génomique, 13288 Marseille
(b) TO M INSERM UMR S 1059, Parc scientifique de Luminy, 13288 Marseille
(c) Centre d'immunologie de Marseille-Luminy (CIML), Aix-Marseille Université

**Pour plus de détails et
d'autres développements
voir les posters**