



Plateau de transcriptomique GeT-TRiX

Contact : Pascal MARTIN et Yannick LIPPI
 get-trix@genotoul.fr
 ToxAlim UMR1331 INRA/INPT/UPS Toulouse



Resp. scientifique : D. Milan

Présentation - Contexte

Le plateau GeT-TRiX du laboratoire ToxAlim propose des services et matériels pour l'étude du transcriptome par microarrays et PCR quantitative en temps réel (qPCR). Il est intégré à la plateforme Génome et Transcriptome (GeT) GénoToul.

Microarrays Agilent



Applications :

- Expression de gènes (transcriptomique)
- Expression des microARN (mis en place en 2013)
- Microarrays à façon

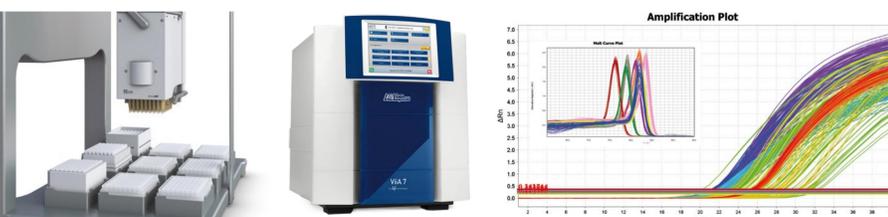
Spécificités GeT-TRiX :

- **Automatisation** (jusqu'à 96 transcriptomes en 2 jours)
- **Analyse biostat/bioinfo** des données (rapport analyse)

Bilan d'activité :

- 1er plateau INRA en transcriptomique Agilent
- ~1000 échantillons analysés en 2012 et >1700 en 2013
- ~50% INRA, 30% privé (contrats ICOSA), 20% autres EPST

qPCR 384 puits



Automatisation Agilent Bravo ABI ViiA7 Bloc 384 qPCR en 5µL volume final

Applications :

- Expression d'ARN, microARN, ARN non codants, etc.
- Génotypage
- Courbes de fusion haute résolution (HRM)

Spécificités GeT-TRiX :

- Automatisation précise et rapide
- Appareil qPCR ViiA7 - Bloc 384 - HRM

Perspectives 2014-2020

- Applications en **épigénomique** : ChIP-seq, RNA-seq, MNase-seq, Hi-C,...
- Positionnement en **amont** (automatisation) et en **aval** (biostat/bioinfo) de la production de séquences

Conclusion

Le plateau GeT-TRiX et la plateforme Génome et Transcriptome disposent d'un large panel d'outils et de compétences pour s'adapter aux besoins de vos projets de microarrays, qPCR, génotypage ou séquençage. Le plateau recrute un **technicien en CDD** pour lui permettre de maintenir services et développements.

Outils pour l'étude du miRNome

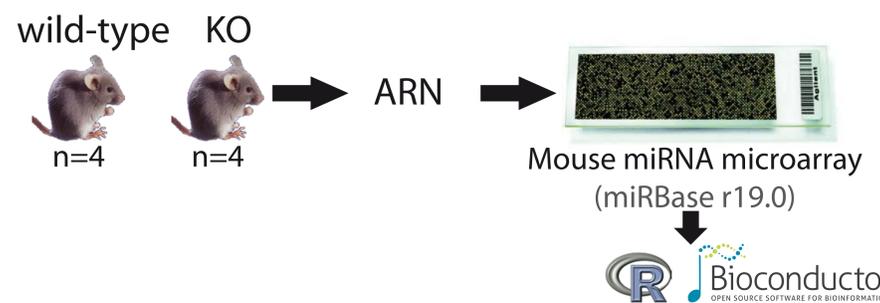
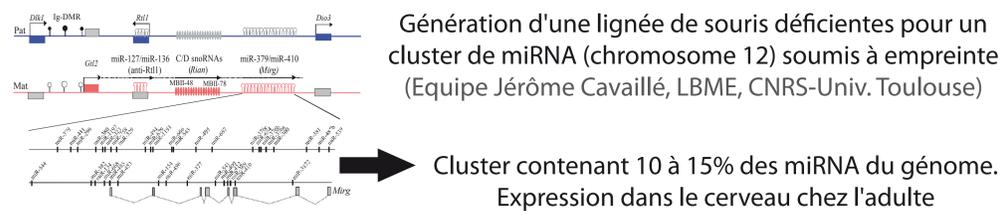
Génération d'un jeu de données de référence pour la mise au point du pipeline d'analyse de données

Yannick Lippi, Eugen Craciun, Jérôme Cavallé, Pascal Martin

Objectif

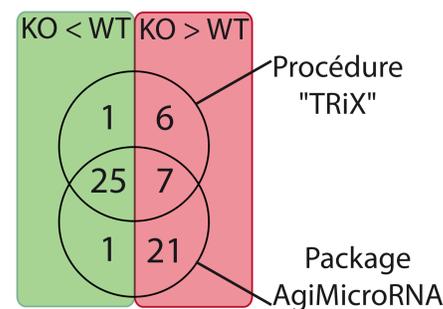
Disposer d'un jeu de données pour lequel les variations d'expression des miRNA sont connues pour une large part

Matériel et méthodes

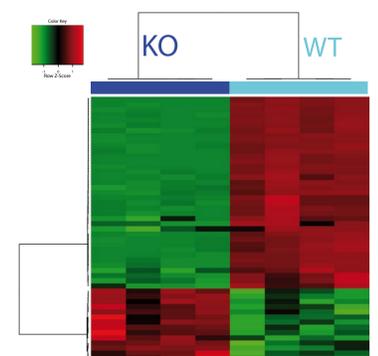


- Tests d'un pipeline de traitement de données "maison" et comparaison aux outils disponibles dans Bioconductor (package AgiMicroRna).
- Optimisation des pipelines pour la détection des gènes du cluster délété

Résultats



miRNA différentiellement exprimés identifiés via 2 pipelines d'analyse. Tous les miRNA identifiés comme sous exprimés chez les souris KO (KO<WT) appartiennent au cluster délété



miRNA identifiés par la procédure "TRiX". Représentation des données en heatmap et classification ascendante hiérarchique.

Conclusion - perspectives

Après optimisation, le pipeline d'analyse nous permet de détecter 67% des miRNA du cluster délété comme différentiellement exprimés. En 2014, le processus de production des données sera automatisé avec l'objectif de pouvoir produire 96 miRNomes en 2 jours.

