

Nom de la plateforme	AEG - Analyse de l'expression génique
Responsable	IR, ALIOUA, Abdelmalek
E-mail	malek.alioua@ibmp-cnrs.unistra.fr
Téléphone	+33 3 67 15 53 80
Adresse complète	IBMP 12 rue du général Zimmer 67000 STRASBOURG
Etablissement d'affiliation	CNRS
Site internet	http://www.ibmp-cnrs.fr/plateformes/analyse-de-l'expression-genique/
Type d'activité de la plateforme	R&D, soutien technologique à la recherche scientifique
Domaine d'activité	Génomique / transcriptomique, Biologie moléculaire, Génétique
Expertise	Séquençage NGS "longues lectures" Oxford Nanopore, Séquençage "lectures courtes" Illumina, PCR quantitative en temps réelle, PCR digitale/numérique, Génotypage Crispr-Cas par HRM, Séquençage de plasmides/clones complets.
Description	La plateforme d'analyse d'expression génique (AEG) a pour objectif d'offrir, aux équipes de recherche publiques et privées, des outils et compétences et expertise pour la réalisation de leurs projets de recherche portant sur la génomique, la transcriptomique et l'épigénétique. La plateforme dispose d'instruments pour la réalisation des projets de séquençage (Oxford Nanopore, NGS-Illumina), de génotypage (HRM), d'analyse d'expression génique par qPCR et PCR digitale.
Mots clés	Nanopore, Illumina, qPCR, PCR digitale, HRM, plasmide
Secteur	Public
Localisation	Alsace
Gouvernance	CNRS
Outils et techniques proposées	La plateforme est équipée d'un séquenceur NGS de 3 ^{ème} génération Oxford Nanopore pour le séquençage "longues lectures" et d'un séquenceur NGS de 2 nd e génération, le Miseq d'Illumina pour le séquençage "lectures courtes". Elle dispose du LC480 (Roche) pour les analyses à haut débit de l'expression des gènes et du génotypage à haut débit des mutants Crispr-Cas par HRM. Enfin l'instrument de PCR digitale Naica system de Stilla complète notre gamme d'instrumentation.
Utilisations actuelles et potentielles	<ul style="list-style-type: none"> - Séquençage "longues lectures" Oxford Nanopore : 50 projets par an - Séquençage "lectures courtes" Illumina : 50 projets par an - Analyses à haut débit de l'expression des gènes par qPCR : 400 projets par an - Génotypage à haut débit par HRM : 400 projets par an - Analyses de quantification absolue par per digitale : 120 projets par an
Prestations	Nous consulter
Utilisateurs	UPR2357, UPR9002, UR7300, UMR7156, UMR1131, UMR7177, UMR7361, UMR-S1109, TMI-SCL, Firalis
Activité cancer	13 %
Equipements	Séquenceur NGS MinION (Oxford Nanopore), Séquenceur NGS Miseq (Illumina), Instrument qPCR et HRM LC480 (Roche), instrument de PCR digitale Naica system (Stilla), Bianalyser 2100 (Agilent), Qubit 2.0 (Thermofischer).
Valeur totale approximative des équipements	242 k€
Effectif de la plateforme	2 ETP, 1 ingénieur de recherche et 1 ingénieur d'étude en sciences biologiques
Labellisation	Cortecs Université de Strasbourg, 2022

Financements	CNRS, labex NetRNA, Labex Mitocross, IDEX 2022
Perspectives et projets à court terme	<ul style="list-style-type: none"> - L'activité de séquençage NGS par la technologie Nanopore démarrée en 2019 a été riche en enseignements. L'intérêt pour cette technologie est indéniable et va crescendo. Malgré les développements réalisés par Oxford Nanopore ces deux dernières années, l'inconvénient réside dans le faible débit (10 à 15 gb) généré par les flowcell de type MinION/GridION. Afin d'y remédier l'acquisition d'un séquenceur PromethION permettant l'utilisation de flowcell à haut débit (jusqu'à 200 gb), l'infrastructure de stockage (100 To) et calcul (lame GPU) est souhaitable. (Coût estimé : 110.000,00 €). - Le séquençage de plasmides complets par NGS est désormais proposé en routine. Nous envisageons une automatisation de cette activité. (Coût estimé : 60.000,00 €).
Références	<ul style="list-style-type: none"> - Méteignier LV, Ghandour R, Meierhoff K, Zimmermann A, Chicher J, Baumberger N, Alioua A, Meurer J, Zoschke R and Hammani K (2020) The Arabidopsis mTERF-repeat MDA1 protein plays a dual function in transcription and stabilization of specific chloroplast transcripts within the psbE and ndhH operons <i>New Phytologist</i>, 27(5):1376-1391. - Fertet A., Graindorge S., Koechler S., De Boer G.J., Guilloteau-Fonteny E. and Gualberto J.M. Sequence of the mitochondrial genome of <i>Lactuca virosa</i> suggests an unexpected role in <i>Lactuca sativa</i>'s evolution. <i>Frontiers in Plant Science</i>, 12:697136, 2021. - Cubi R, Bouhedda F, Collot M, Klymchenko A S, Ryckelynck M. microIVC-Useq: a microfluidic-assisted high-throughput functional screening in tandem with next generation sequencing and artificial neural network to rapidly characterize RNA molecules <i>Rna</i>, 27 (7), p. 841-853, 2021, ISBN: 33952671, (1469-9001 (Electronic) 1355-8382 (Linking) Journal Article).
Besoins	Equipements, Technologies, Expertises, Accompagnement, Formation
Commentaires Quels sont vos attentes vis-à-vis du Cancéropôle ?	Une collaboration et mutualisation des équipements/ technologies, un partage des savoir-faire et expertises. Un accompagnement pour la mise en place d'une certification ISO9001 / NFX 50-900.