

GENTYANE, UMR1095 GDEC, 5 CHEMIN DE BEAULIEU, 63039 CLERMONT-FERRAND CEDEX 2  
www.clermont.inra.fr/umr1095, charles.poncet@clermont.inra.fr  
PLATEFORME NATIONALE STRATÉGIQUE OC3, IBISA, ISO 9001:2008



## OBJECTIF ET MISSIONS DE LA PLATEFORME GENTYANE

**Objectif : offrir un ensemble de technologies de pointe dédiées au génotypage et au séquençage haut débit**

Missions

Conseil et expertise en génotypage et séquençage à haut débit

Appui aux recherches conduites dans les différentes équipes de l'unité GDEC



Recherche et développement de nouveaux outils répondant aux attentes des utilisateurs

Réalisation de prestations pour le compte de l'INRA et d'autres organismes publics et privés

## ÉQUIPEMENTS

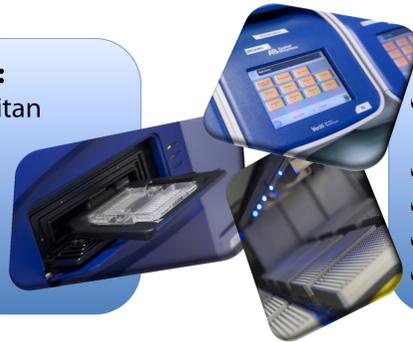
### Séquençage HD :

- ↳ Roche 454 GS Junior
- ↳ Illumina MiSeq



### Génotypage HD :

- ↳ Affymetrix Axiom GeneTitan
- ↳ Illumina BeadXpress
- ↳ Applied 3730XL
- ↳ Fluidigm Biomark
- ↳ Roche LightCycler 480



### Appareils environnants :

- ↳ 5 robots de pipetage (Beckman, Hamilton) de 8 à 384 canaux
- ↳ 25 thermocycleurs (384 et 96)
- ↳ fragmentation Covaris M220
- ↳ Agilent TapeStation 2200
- ↳ LGC Oktopure

## SAVOIR-FAIRE ET MÉTHODOLOGIES

### Extraction ADN :

En plaques 96  
Métabisulfite, billes magnétiques sbeadex robotisées sur Beckman FxP, Qiagen Biosprint ou LGC genomics Oktopure  
Ref : Lydia Jaffrelo



### Génotypage SSR :

En plaques 384  
Lecture : Séquenceur Applied 3730XL  
Marquage direct ou M13  
Prise en charge possible à toutes les étapes  
Ref : Géraldine Philippe



### Génotypage SNP chimie Kaspar :

Lecture : LightCycler 480, plaques 96 ou 384 de 1 à plusieurs centaines de SNP  
Lecture : Fluidigm Biomark  
Multiples de 48 SNP sur 48 échantillons  
Ref : Lydia Jaffrelo



### Génotypage SNP Illumina :

Lecture sur Illumina BeadXpress  
Chimie Golden Gate Veracode  
De 48 à 384 plex SNP sur multiples de 480 échantillons  
Ref : Lydia Jaffrelo



### Génotypage SNP Affymetrix Axiom :

Lecture sur Affymetrix Axiom GeneTitan  
Ultra haut débit  
De 1500 à 2,6 millions de SNP  
minimum 480 échantillons  
Plaques 96 et 384  
Ref : Lydia Jaffrelo



### Séquençage HD :

Deux séquenceurs : Roche 454 GS Junior et Illumina MiSeq  
De 40 Mb à 16 Gb, de 100 000 à 50 millions de reads de 300 à 600pb  
Ref : Véronique Gautier



## ACCESSIBILITÉ

La plateforme GENTYANE traite aussi bien des projets internes à l'UMR que des projets régionaux et nationaux INRA. Son activité est également ouverte à d'autres établissements publics, aux universités, ainsi qu'au secteur privé et organismes internationaux.

Pour vos demandes, contacter le responsable de la plateforme à l'adresse suivante : [charles.poncet@clermont.inra.fr](mailto:charles.poncet@clermont.inra.fr)

## GESTION DES DONNÉES

Les résultats bruts ou analysés sont déposés sur un serveur informatique, le lien est alors transmis au client par mail. Les données sont téléchargeables dans les 9 jours suivants. Concernant le stockage des données informatiques, celles-ci seront conservées en standard 3 mois.

## RÉSULTATS EMBLÉMATIQUES

### Génotypage très haut débit SNP en microarray Axiom sur Affymetrix GeneTitan

Manipulation entièrement automatisée sur robot Beckman Biomek FxP  
Débit : 5 puces 96 ind x 1500 à 650 000 SNP par semaine  
Soutien à deux projets Investissement d'Avenir :  
BREEDWHEAT : 100 puces x 96 ind x 420 000 SNP = 4 000 000 000 données  
AMAIZING : 3 puces x 96 ind x 600 000 SNP = 173 000 000 données



### Extraction automatisée d'ADN LGC Genomics OKTOPURE

Débit : 16 plaques 96 / jour  
Qualité optimale compatible avec toutes les technologies  
Différentes espèces ont été testées : Blé, Orge, Avoine, Colza, ...  
Pois rendement : 50 µl à 250 ng/µl pour 50 mg de feuilles  
Cèdre rendement : 50 µl à 40 ng/µl pour 50 mg d'aiguilles



## RÉFÉRENCES

**Using Next-Generation Sequencing to detect mutations endowing resistance to pesticides: application to acetolactate-synthase (ALS) based resistance in barnyard grass, a polyploid grass weed**  
Délye C., Causse R., Gautier V., Poncet C. and Michel S.  
Pest Management Science, PM-14-0064, 02/03/2014, in press

**Common wheat chromosome 5B composition analysis using low-coverage 454 sequencing**  
Sergeeva E.M., Afonnikov D.A., Koltunova M.K., Gusev V.D., Miroshnichenko L.A., Vrána J., Kubaláková M., Poncet C., Sourdille P., Feuillet C., Doležel J. and Salina E.A.  
The Plant Genome Accepted paper, posted 02/21/2014. doi:10.3835/plantgenome2013.10.0031

**Isolation and Characterisation of 11 Polymorphic Microsatellite Markers in *Papaver rhoeas* L. (Corn Poppy), a Major Annual Plant Species from Cultivated Areas**  
Kati V., Corre V.L., Michel S., Jaffrelo L., Poncet C. and Délye C.  
Int J Mol Sci. 2012 Dec 24;14(1):470-9. doi: 10.3390/ijms14010470

**Deciphering the genomic structure, function and evolution of carotenogenesis related phytoene synthases in grasses**  
Dibari B., Murat F., Chossan A., Gautier V., Poncet C., Lecomte P., Mercier I., Bergès H., Pont C., Blanco A. and Salse J.  
BMC Genomics. 2012 Jun 6;13:221. doi: 10.1186/1471-2164-13-221

**Development of microsatellite markers in *Capsella rubella* and *Capsella bursa-pastoris* (Brassicaceae)**  
Caullet C.M., Perrin F., Poncet C. and Le Corre V.  
Am J Bot. 2011 Jul;98(7):e176-9. doi: 10.3732/ajb.1100081. Epub 2011 Jun 23



Télécharger le poster

