

Plateforme séquençage massivement parallèle **CAREN/IFR 140**.

Genomique Fonctionnelle et Environnementale

Le Mardi 8 Décembre 2009  
Amphithéâtre Louis Antoine, Campus de Beaulieu  
RENNES

Programme :

14 H 00 Philippe Vandenkoornhuyse (Responsable de la plateforme )

Introduction et présentation de la plateforme

14 H 30 Laurent Sachs ( Muséum National d'Histoire Naturelle, CNRS UMR 7221)

"Fonctions et mécanismes d'action des récepteurs aux hormones thyroïdiennes " : Approches de Chromatin-immunoprecipitation et transcriptome.

15 H 00 Richard Berthomé (Plant Genomics Research Unit (URGV), UMR INRA1165-CNRS8114-UEVE, Evry, France)

La plateforme transcriptomique de l'Unité de Recherche en Génomique Végétale

15 H 30-15H50 PAUSE

16 H 00 Rayan Chikhi (Equipe Symbiose, INRIA/Irisa)

Titre et résumé en attente

16 H 30 Karine Hugot, Responsable de la plateforme Centre de Ressources Biologique de l'INRA (jouy en josas)

Capture sur oligonucléotides pour le séquençage ciblé de régions d'intérêt : études pilotes en génomique animale au CRB GADIE

17 H 00 Achim Quaiser (CAREN)

Exploration des communautés microbiennes de l'océan profond avec des approches métagénomiques

## **Les nouvelles générations de technologie de séquençage métamorphosent les études de la physiologie et du développement des amphibiens.**

*Nicolas Buisine<sup>1</sup>, Patrice Bilesimo<sup>1</sup>, Yijun Ruan<sup>2</sup>, Ed Liu<sup>2</sup>, Barbara Demeneix<sup>1</sup>, Laurent Sachs<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Muséum National d'Histoire Naturelle, Département Régulations, Développement et Diversité Moléculaire, USM 501, MNHN, UMR 5166 CNRS, 7 rue Cuvier, CP32, 75231 Paris cedex 05, France. <sup>2</sup> Genome Institute of Singapore, Agency for Science, Technology and Research, 60 Biopolis Street, Genome Building # 02-01, Singapore 138672, Singapore.

Les données issues des nouvelles générations de séquençage ont révolutionné notre approche de la biologie des récepteurs aux hormones thyroïdiennes (RHT, facteur de transcription). Notre modèle d'étude est la métamorphose des amphibiens, un phénomène strictement contrôlé par les hormones thyroïdiennes (HT) et qui est une phase de développement analogue à la période périnatale chez les mammifères. Notre objectif est de comprendre comment un seul signal hormonal, l'HT, induit une série de programmes transcriptionnels coordonnés et souvent antagonistes, comme par exemple l'apparition des membres (prolifération et/ou différenciation cellulaire) et la résorption de la queue (apoptose).

Nous avons utilisé le séquençage direct à l'aide d'une machine Solexa de produits d'immunoprécipitation de chromatine (ChIP-Seq), pour positionner l'ARN Polymérase II le long du génome. Nous avons ensuite utilisé un dérivé du ChIP-Seq, le ChIA-PET, pour cartographier simultanément les sites de liaison du RHT et les interactions physiques entre ces sites. Ces interactions, qui nécessitent la formation de boucles de l'ADN, peuvent s'étendre sur des distances génomiques particulièrement grandes. Cette dernière analyse reste néanmoins limitée par le morcellement important de l'assemblage du génome de *Xenopus tropicalis*. Nous avons donc entrepris de re-séquencer son génome à l'aide d'une technologie de double étiquette ('gPET') sur une plateforme SOLiD. La contrepartie majeure de ces technologies est la production considérable de données qui sont complexes à analyser.

Couplés à des études fonctionnelles *in vivo*, ces technologies ont donc un potentiel considérable et vont bientôt représenter un standard doré. Elles nous ont déjà permis de faire un pas de géant dans notre compréhension de l'action pléiotropique des HT.

## TRANSCRIPTOMIC PLATFORM at URGV

### **Richard Berthomé**

Key words : global and tissue specific transcriptome, CATMA, Affymetrix, CATdb, SAP, RNA-seq.

The Functional genomics of Arabidopsis group, headed by J-P. Renou at URGV, is involved in many research projects and performs transcript profiling experiments as a microarray facility in collaboration with respective partners. As a member of the European CATMA consortium (Complete Arabidopsis Transcriptome Microarray), this group has developed a Gene Specific Tags microarray covering the full Arabidopsis genome, which currently contains 30K GST plus 1250 small RNA probes. The group also performs transcriptome analysis on 14 crop species using Affymetrix technology. Efficient protocols and statistical methods have been developed for transcriptome analysis. To date, more than 170 collaborations with French and foreign laboratories provide more than 4400 hybridizations results and 42 publications. Data is publicly available through CATdb (<http://urgv.evry.inra.fr/CATdb>) database developed by the URGV Bioinformatics team. In 2008, the platform has obtained the IBISA and Strategic Platform of INRA labels. During the past 4 years the group has also developed a promoter array (SAP: Systemic Analysis of Promoters) and a whole genome tiling array (TAG) mainly devoted to chip-chip experiments, for which a Nimblegen platform was purchase. Current goals of the plateform involve i) the comparison of *RNA-seq* data with microarrays results to implement this new technology, ii). the development of tissue specific transcriptome analysis using L.A.M. as well as a new UPRT based methods developed in the group.

## Exploration des communautés microbiennes de l'océan profond avec des approches métagénomiques

Achim Quaiser

CNRS UMR 6553 EcoBio, CAREN, Université de Rennes I, 35042 Rennes Cedex.

Deux stratégies métagénomiques peuvent être mise en avant. La construction de banques génomiques avec des grands inserts qui permet d'obtenir des informations sur la structure génomique des microorganismes. La deuxième approche consiste dans le séquençage aléatoire de l'ADN d'un environnement cible, soit par des approches de « shotgun » ou par le séquençage des extrémités des grands inserts de clones génomiques.

Deux différentes études vont être présentées.

Les acidobactéries constituent un phylum qui est encore largement inconnu et très abondant dans les sols. Ici, nous présentons une analyse comparative de 11 fragments génomiques des acidobactéries du plancton de l'océan profond qui contient des opérons de l'ARN ribosomale. Cette étude a mis en évidence une conservation unique de la structure génomique et suggère que les acidobactéries sont abondantes dans le plancton de l'océan profond (Quaiser *et al.*, 2008).

Dans une deuxième étude la diversité et les empreintes génomiques des communautés microbiennes du plancton et du sédiment de la mer Marmara étaient déterminées et analysées (en préparation). Le traitement des séquences aléatoires provenant du pyroséquençage, l'application des outils bioinformatiques et les premiers résultats d'une analyse génomique comparative vont être présentés.

Achim Quaiser, Purificación López-García, Yvan Zivanovic, Matthew R. Henn, Francisco Rodriguez-Valera and David Moreira (2008). Comparative analysis of genome fragments of *Acidobacteria* from deep Mediterranean plankton. *Env. Micro.* 10. 1704-17

## **Capture sur oligonucléotides pour le séquençage ciblé de régions d'intérêt : études pilotes en génomique animale au CRB GADIE**

Karine Hugot

Molecular characterizing of large genomic regions associated with phenotypic traits has been a major challenge in the past to identify sequence variations and candidate causative mutations. New technological developments such as selective enrichment of specific genomic regions coupled with massive parallel sequencing, have the potential to reduce the time and resources to identify causative mutations underlying both complex and monogenic traits. These techniques could provide a rapid and cost-effective alternative for targeted re-sequencing of many individual samples compared to conventional PCR based approaches and whole genome re-sequencing.

CRB-GADIE is a French National Biological Resources Centre who provides various services for the animal genetics community. We are currently conducting four pilot studies to evaluate different capture strategies for domestic animal species. Each pilot study address different scientific questions and will allow us to test the feasibility and limits of the method. Our objective is to develop, test and validate protocols for selective enrichment, both in-solution and on arrays coupled with sequencing using second-generation sequencing platforms. The ultimate goal is to offer this new technologie as a service to the animal genetics community in the near future.