

Plateforme MicroBioGénomique



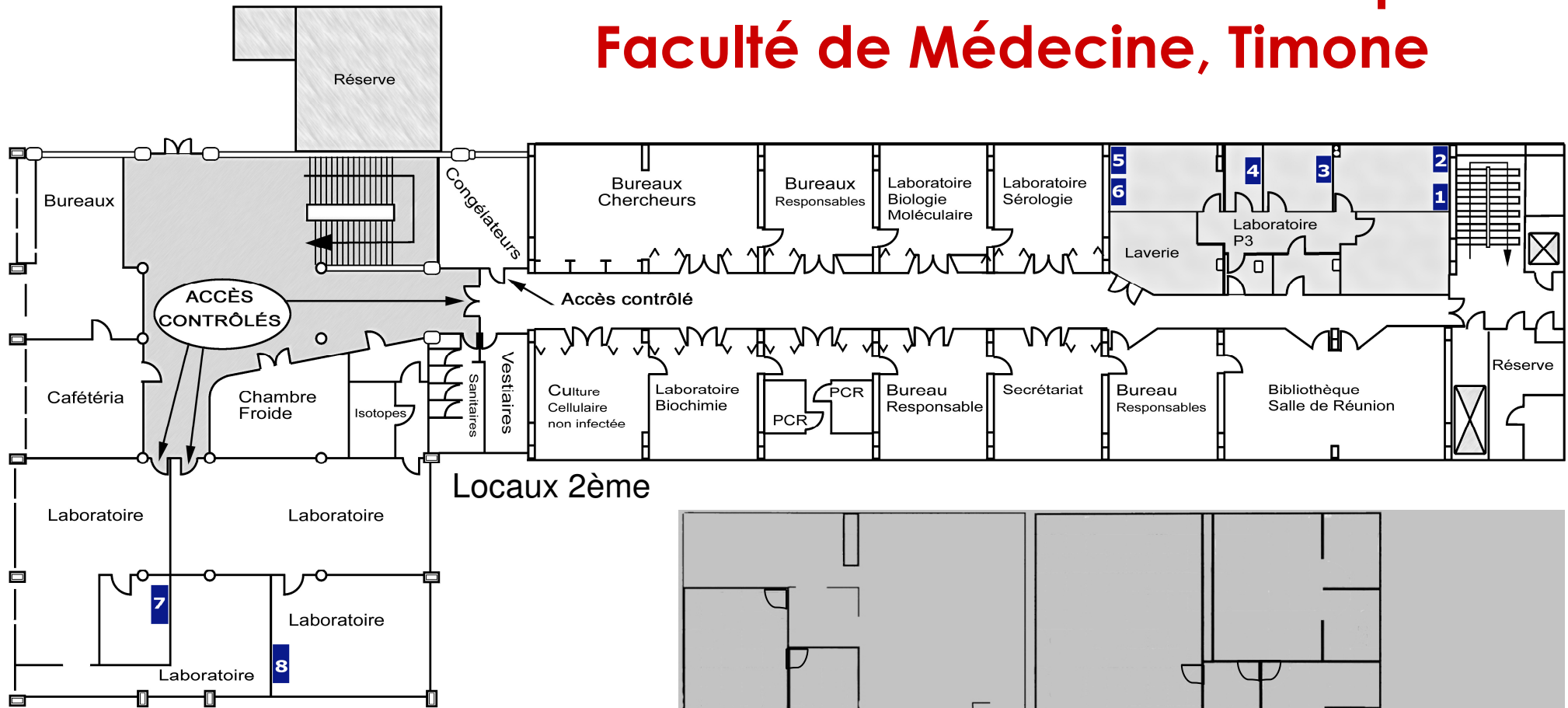
Pr. Michel DRANCOURT

Pr. Pierre-Edouard FOURNIER

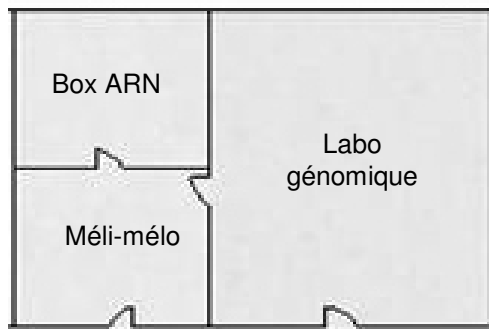
Pr. Didier RAOULT

Plateforme MicroBioGénomique

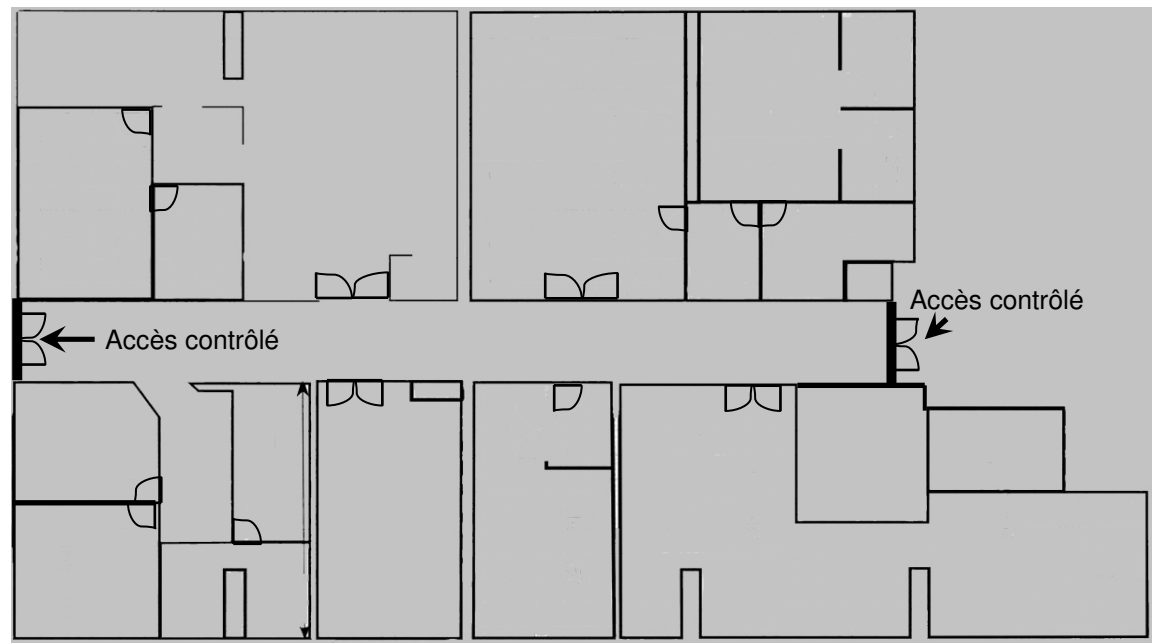
Faculté de Médecine, Timone



Locaux 2ème



Locaux 3ème



Insertion de la plateforme

- IHU
- Fédération de Recherche
- IBiSA



Haut-débit des acides nucléiques des microorganismes

- Bactéries
- Archaea
- Virus
- Microeucaryotes

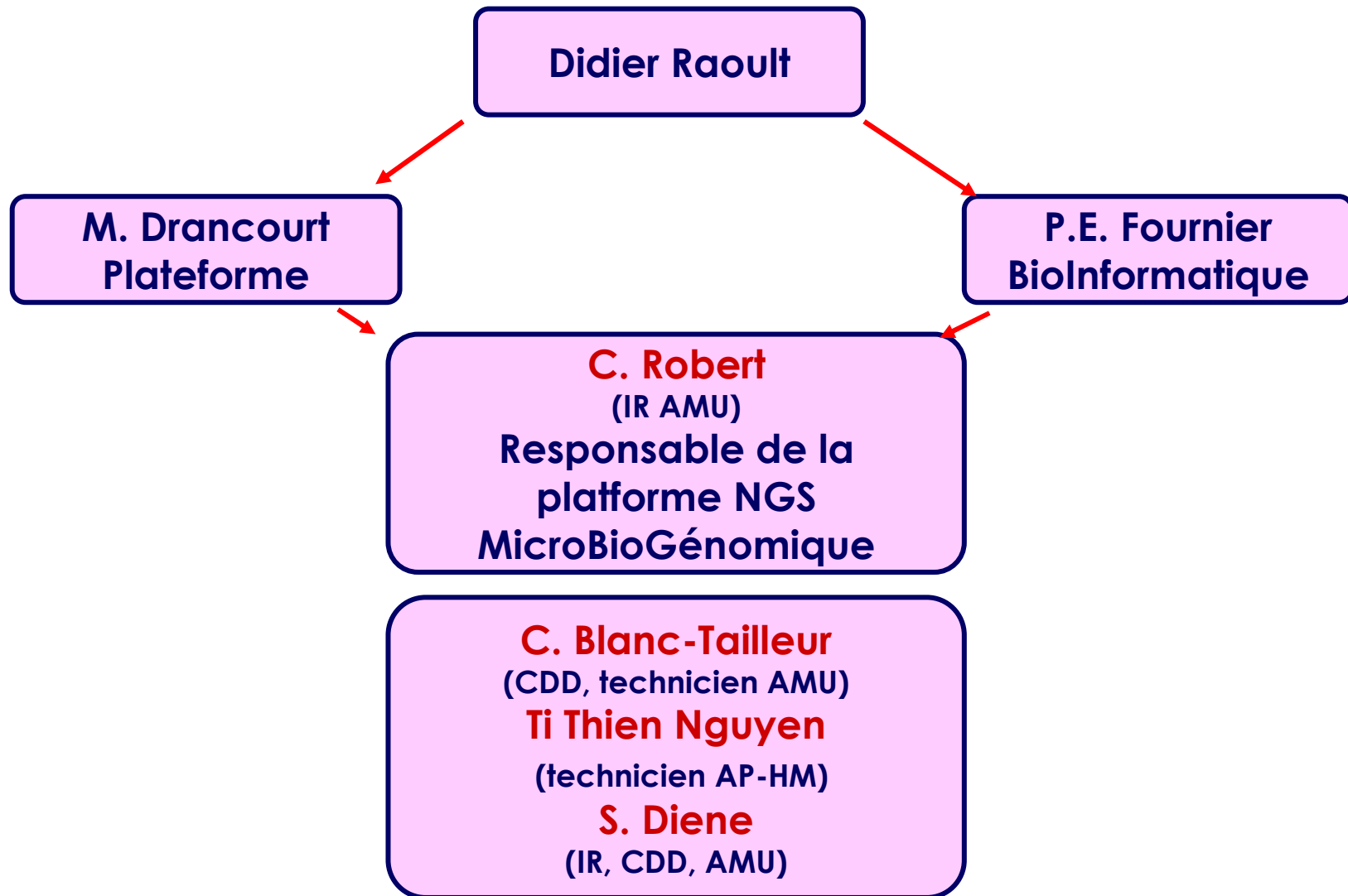


- Pathogènes
- Environnementaux
d'intérêt médical



- Génome
- Pangénome
- Métagénome
- Transcriptome
- Real-time genomics

Organigramme



Equipements Séquenceurs

- Roche 454

2 Titanium GSFLX
1 Junior



- Lifetechnologies

1 Solid version 4
1 Ion Torrent
2 Abi 3130



- Illumina

2 MiSeq à venir



Equipements périphériques

- Fragmentation mécanique de l'ADN génomique

Hydroshear
Covaris (ultrason)
Nébulisation

- Validation des banques

Caliper labchip II (Perkin Elmer)
Bioanalyser 2100 (Agilent)
Genios (Fluoromètre Tecan)

- Automates pour Technologies (Lifetechnologies)

Library builder
Emulsifier
Amplifier
Enricher

Plateforme de bio-informatique pour le traitement des données brutes

Environnement LINUX

**Logiciels
d'assemblage**



**Phred_Phrap_Consed
gsAssembler (GSFLX)
Cap 3
Mosaïck
AMoS**

**Logiciels
d'alignements**



**Blast
ClustalW
gsMapper (GSFLX)
Scripts développés en
interne**

Analyse transcriptome et protéomique



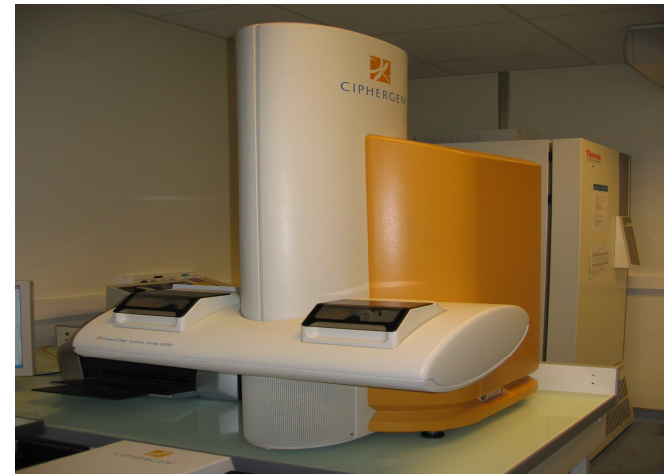
Automate de digestion des spots



Agilent Microarray scanner



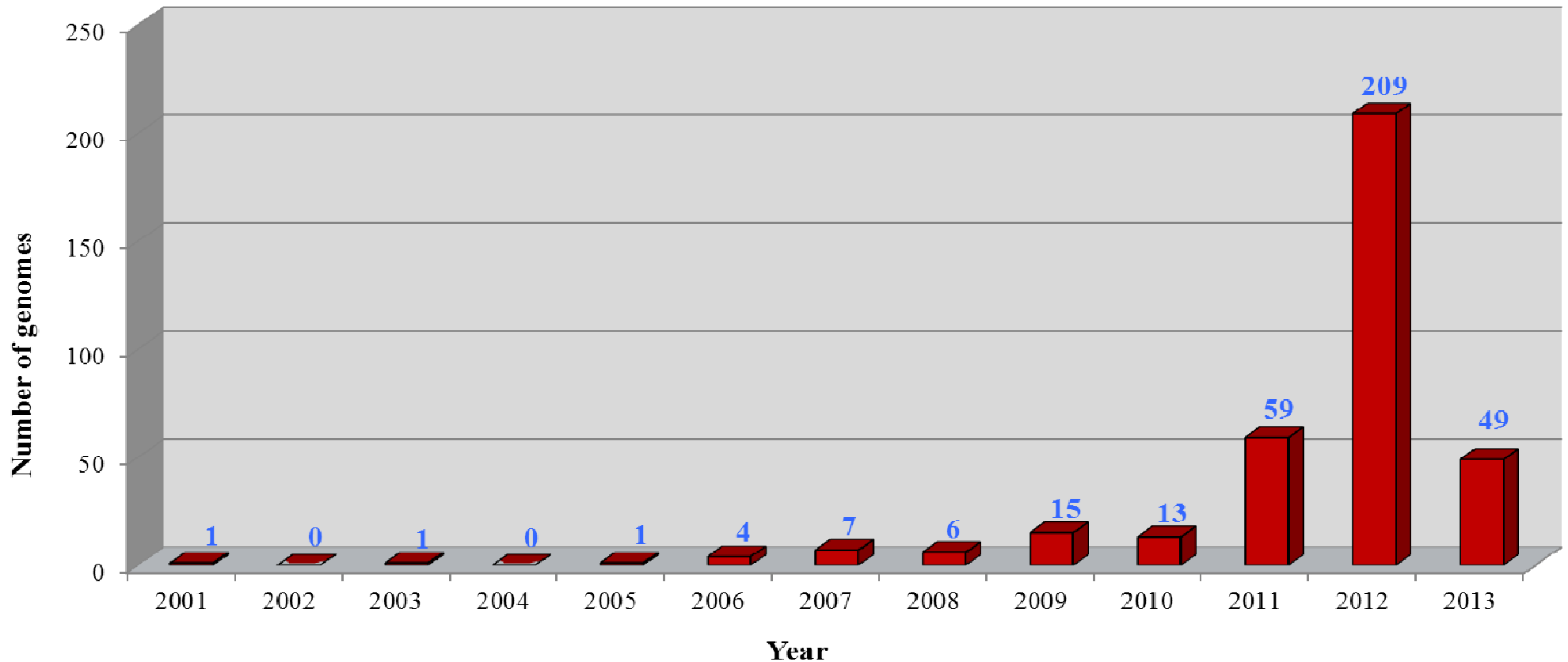
Maldi-tof (spectrométrie de masse) – Brücker Daltonic



Seldi-tof(spectrométrie de masse) - CIPHERGEN

Production scientifique

Genomes sequenced in URMITE Lab per year (**Total = 365 genomes**)



**Published
genomes = 110**

**Total sequenced
genomes = 365**

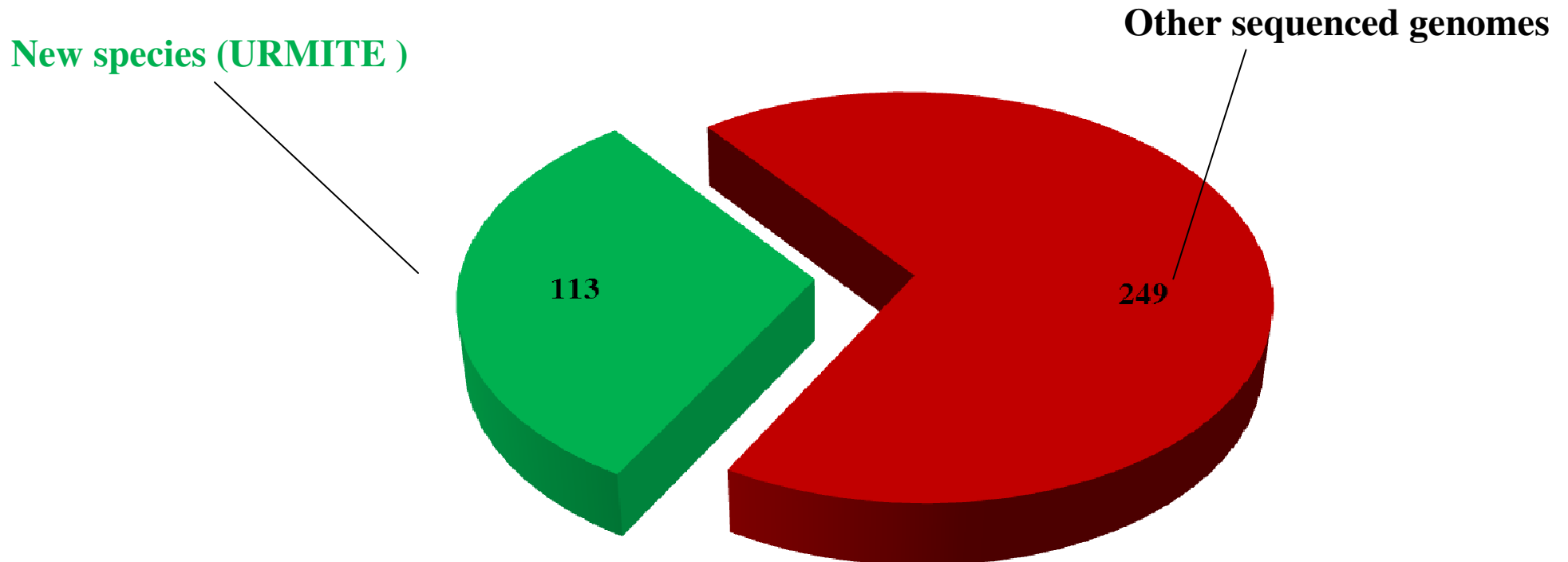
**In progress for
publication
genomes = 255**

Production scientifique

Total genomes = **423 genomes**

Genomes sequenced = **365 genomes** (12/04/2013)

Total genomes of **New species (URMITE)** = **113 genomes**



Production scientifique



Total genomes = **423 genomes**

Genomes sequenced = **365 genomes** (05/04/2013)

Genomes sequenced according to Sequencing technology

SOLiD

n= 305 genomes

Bacteria
n= 267

Virus
n= 37

Archaea
n= 1

454_PE

n= 214 genomes

Bacteria
n= 185

Virus
n= 34

Archaea
n= 3

454_SG

n= 66 genomes

Bacteria
n= 66

Virus
n= 0

Archaea
n= 0

Sanger

n= 15 genomes

Bacteria
n= 15

Virus
n= 0

Archaea
n= 0

PGM

n= 11 genomes

Bacteria
n= 11

Virus
n= 0

Archaea
n= 0

Illumina

n= 1 genomes

Bacteria
n= 1

Virus
n= 0

Archaea
n= 0

Production scientifique

Publications n=100

- PNAS
- ISME J
- PLoS ONE
- SIGS
- J. Bacteriol
- J. Virol
- AAC

Actions « Formation »

Stagiaires 2009 - 2013

- **2009 : 1** **1 ESIL**
- **2010 : 2** **1 BTS, 1 Licence Université d'Edimbourg**
- **2011 : 3** **2 BTS, 1 ESIL**
- **2012 : 3** **1 ESIL, 1 Ecole Ing Paris, 1 Master Paris Descartes**
- **2013 : 1** **1 PolyTech Nice-Sophia-Antipolis**

Ouverture et collaborations hors Génopole

INRA – AFSSA
UMR 956
M. Vayssier
Bartonella sp.

IGM, CNRS UMR 8621 – P. Forterre
•Virophage
•Minivirus

Génoscope J. Weissenbach
Tropheryma whipplei
Rickettsia conorii
Acinetobacter baumannii « SDF »

Lausanne, Suisse

Pr. J. Schrenzel
Staphylococcus aureus CF
Pr. G. Greub
Parachlamydia sp.

Collaborations Internationales

MIH, Bethesda - USA

•E. Koonin

INSERM – Université Paris-Sud

•P. Nordmann

School of Health and Bioscience – london

•S. Cutler

Norwegian Institute of Public Health – Oslo

•S. Löfdahl

ISEM, UMR 5554 M. Weil
Wolbachia sp.

U1 – EA3781
P. Pontarotti
Evolution des génomes des
bactéries intracellulaires

Orsay
Maisons-Alfort
Evry

Montpellier
Marseille

