

UMR5244

Interactions Hôtes-  
Pathogènes-

Environnements

Plateforme « Épigénomique  
Environnementale »



Comité exécutif CeMEB , 12 octobre 2017



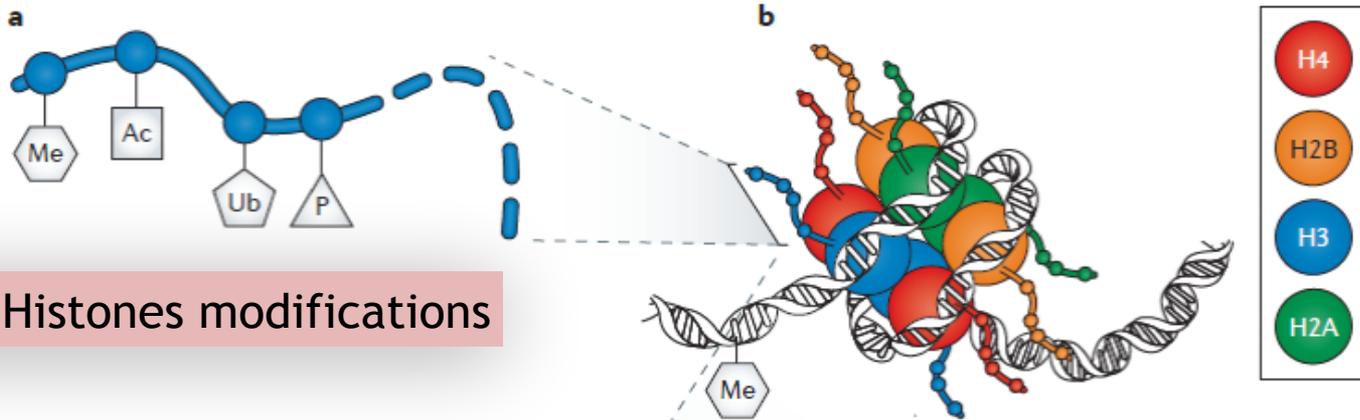
# IHPE et l'Épigénétique en Ecologie et Evolution

- Tout commence en 2006 avec l'arrivée de C. Grunau dans l'unité
- 1<sup>ère</sup> ANR en 2008 (Phenotypic variability in host-parasite compatibility : involvement of genotype and epigenotype)
- Depuis 6 projets ANRs (EPIGEVOL, ADACNI, CORALIE, INVIMORY, DECIPHER/TRANSGIGAS, CHRONOGET), 1 projet européen (H2020, VIVALDI) et 1 projet WELLCOME TRUST (FUGI)
- 25 publications
- Une des thématiques phares du laboratoire
- Lancement du RTP CNRS INEE “Épigénétique en Ecologie et Evolution” en 2013 (Resp. C. Grunau)

# L'Epigénétique au sein du labex

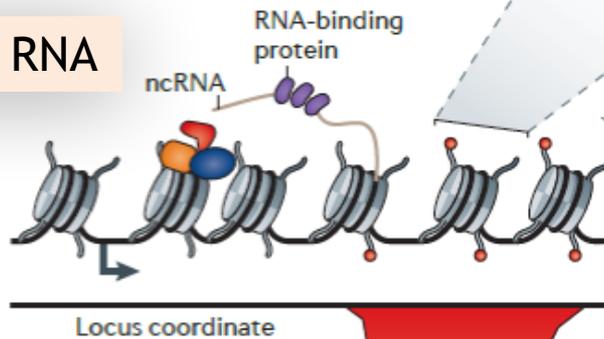
- Mise en place d'un GT « Epigénétique » au sein du labex à l'intégration d'IHPE en 2015
- Organisation d'une journée thématique (Avril 2016)
- AAP CeMEB « boîte à idées », Workshop 2017
- La plateforme, la suite logique

# Porteurs de l'information épigénétique

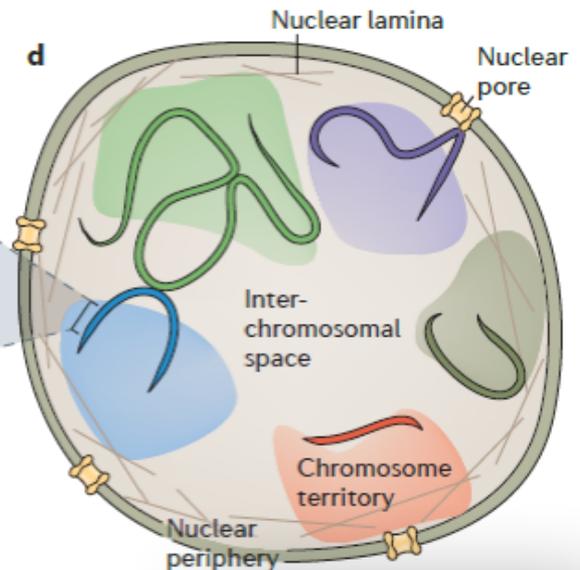


N-terminal Histones modifications

Non-coding RNA



Cytosine Methylation

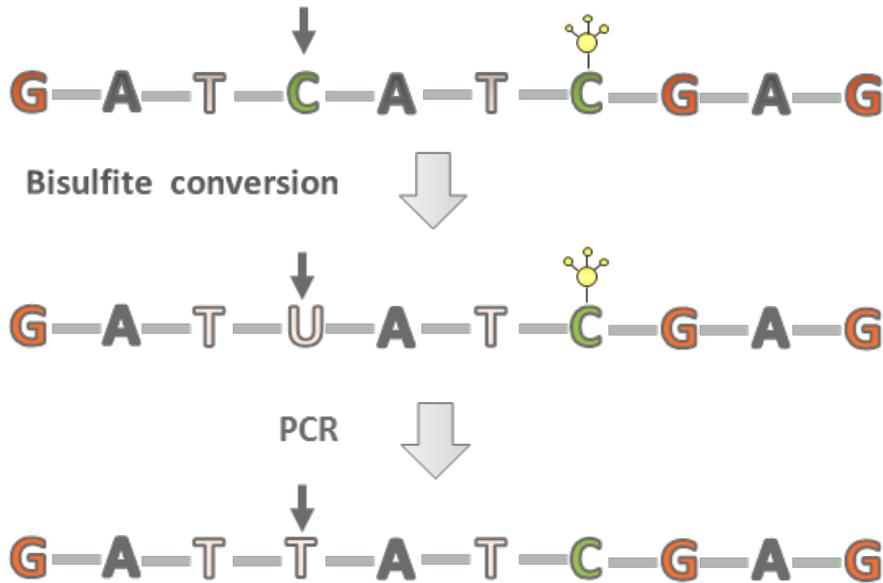


Locus topography

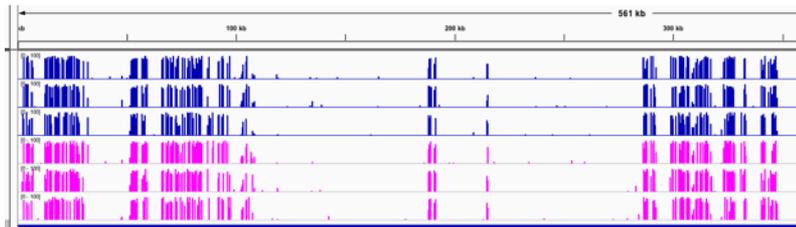
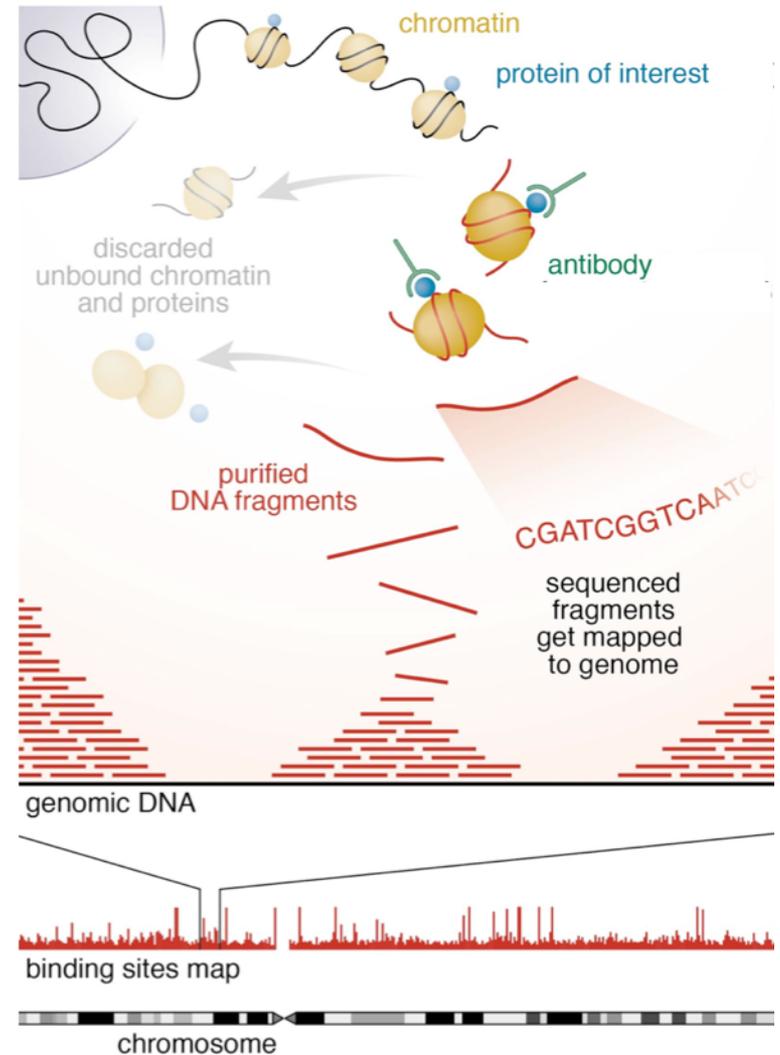
(after Keung et al. 2015)

# Méthodes d'analyse

## BS-Seq



## ChIP-Seq

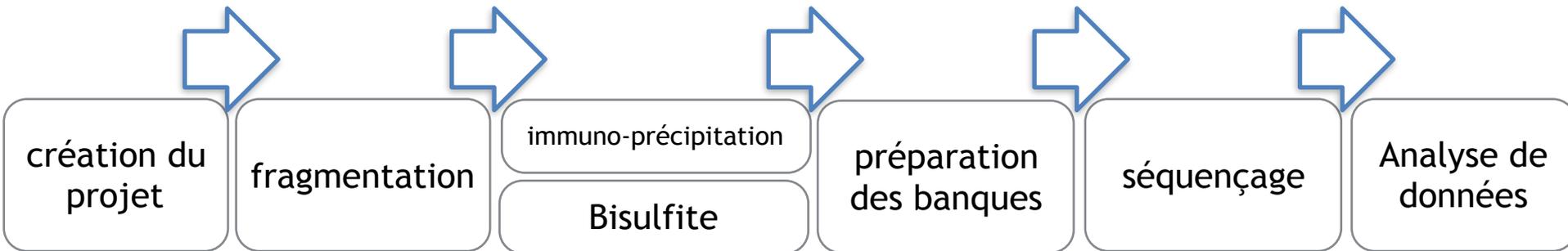


chromosome



chromosome

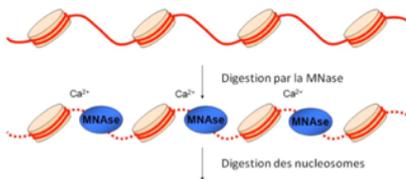
# Epigénomique Environnementale



Galaxy



Galaxy



Diagenode IP-Star

NextSeq 500

autres



Agilent 2100 Bioanalyzer

# Automatisation



Berguet, G., Hendrickx, J., Sabatel, C., Laczik, M., Squazzo, S., Mazon Pelaez, I., *et al.*

7

S ChIP-seq Experiments to Generate Epigenetic Profiles on 10,000 HeLa Cells. *J. Vis. Exp.* (94), e52150, doi:10.3791/52150 (2014).

# Analyse de données à distance

The screenshot displays the Galaxy web interface for a workflow titled "methylKit DNA methylation analysis and annotation (Galaxy Version 0.99.2)". The interface is organized into several panels:

- Tools Panel (Left):** Contains a search bar and a list of tool categories including "Get Data", "Send Data", "Text Manipulation", "Filter and Sort", "Join, Subtract and Group", "Convert Formats", "Extract Features", "Fetch Sequences", "Fetch Alignments", "Get Genomic Scores", "Statistics", "Graph/Display Data", "Phenotype Association", "NGS TOOLBOX BETA", "NGS: QC and manipulation", "NGS: Mapping", and "NGS Chip-Seq".
- Workflow Panel (Center):** Shows the workflow steps:
  - Test samples:** Three steps (1, 2, 3) for adding test files. Step 1: "1: Details\_for\_BgC1\_out.txt", Step 2: "56: Details\_for\_BgC2\_out.txt", Step 3: "57: Details\_for\_BgC3\_out.txt". Each step includes a description: "Such input file may be obtained from AMP pipeline for aligning RRBS reads."
  - Control samples:** Three steps (1, 2, 3) for adding control files. Step 1: "2: Details\_for\_BgPI1\_out.txt", Step 2: "58: Details\_for\_BgPI2\_out.txt", Step 3: "59: Details\_for\_BgPI3\_out.txt". Each step includes a description: "Such input file may be obtained from AMP pipeline for aligning RRBS reads."
  - assembly:** A text input field containing "hg1" with the description: "A string that defines the genome assembly such as hg18, mm9 (default: hg18)."
  - correlation:** A section at the bottom of the workflow.
- History Panel (Right):** Shows a search bar and a list of data objects:
  - Bg: MethylKit:** 41 shown, 109 deleted, 4 hidden. Size: 6.35 GB.
  - correlation between samples:** A green highlighted section containing a table of CpG statistics for "60: methylKit on C vs PI: CpG statistics". The table lists CpG statistics for 17.3 KB, with a format of pdf and a reference genome of bg1. The statistics are:

Read 0.0% of 4318358 rows
Read 4.2% of 4318358 rows
Read 18.3% of 4318358 rows
Read 28.0% of 4318358 rows
Read 32.7% of 4318358 rows
Read 46.1% of 4318358 rows
Read 60.2% of 4318358 rows
Read 62.3% of 4318358 rows
Read 75.5% of 4318358 rows
Read
  - 60: methylKit on C vs PI: CpG statistics:** 17.3 KB, format: pdf, genome de référence: bg1.
  - 59: Details for BgPI3\_out.txt**
  - 58: Details for BgPI2\_out.txt**
  - 57: Details for BgC3\_out.txt**
  - 56: Details for BgC2\_out.txt**
  - 2: Details for BgPI1\_out.txt**
  - 1: Details for BgC1\_out.txt**

Activité	prix interne	Prix externe
<b>Analyse de la Methylation de l'ADN</b>		
Whole-genome bisulfite sequencing (WGBS, BS-Seq)	20 € / Mb (Attention ! Taille de génome)	20 € / Mb (Attention ! Taille de génome)
Analyse WGBS/RRBS (BioInformatique) Alignement : BSMAP, Bismark « Methylation Call » : MethylExtract Détection des Différences : MethylKit	50 Go gratuit 500 Go / 6 mois : 250 €	500 Go / 6 mois : 350 €
Target Bisulfite Sequencing	33 € / réaction	72 € / réaction
COmbined Bisulfite Sequencing (COBRA)	33 € / réaction	56 € / réaction
MS-AFLP	300 € / 96 réactions	600 € / 96 réactions
<b>Analyse des modifications des histones</b>		
« Antibody Bar » ( <a href="http://methdb.univ-perp.fr/antibodydb/">http://methdb.univ-perp.fr/antibodydb/</a> ) - Anticorps disponibles par aliquotes (4-10 µl)	25 €	55 €
Extraction des histones et Western Blot	100 €	200 €
Native ChIP (N-ChIP)	50 € / réaction (Attention ! AC à ajouter)	150 € / réaction (Attention ! AC à ajouter)
Crosslink ChIP (X-ChIP)	50 € / réaction (Attention ! Anticorps à ajouter)	150 € / réaction (Attention ! Anticorps à ajouter)
Analyse ChIP-Seq (BioInformatique)	50 Go gratuit 500 Go / 6 mois : 250 €	500 Go / 6 mois : 350 €
Séquençage pour ChIP (ChIP-Seq)	380 € / réaction	380 € / réaction
<b>Formations (Vidéoconférence possible)</b>		
Analyse ChIP-Seq (BioInformatique)	Gratuit	650 €
Analyse WGBS (BioInformatique)	Gratuit	650 €

# Gouvernance

- responsable scientifique : C. Grunau
- responsable technique : C. Chaparro
- Comité de Pilotage :
  - représentants des unités CeMEB utilisatrices
  - un représentant de l'équipe de direction
- Comité d'utilisateurs :
  - dématérialisé (ResearchGate Project)