



La plateforme GO@L est la plateforme génomique de l'UAR 2014 - US41 Plateformes Lilloises en Biologie et Santé. Elle a été créée en janvier 2020 avec la création de l'UMS2014 - US41. Cette plateforme est issue du regroupement de deux plateformes lilloises existantes depuis le début des années 2000 : la plateforme Génomique Fonctionnelle et Structurale (GFS) localisée au CHU de Lille et la plateforme Transcriptomics & Applied Genomics (TAG) localisée à l'Institut Pasteur de Lille.

The GO@L, the genomic platform of the UAR 2014 - US41 Plateformes Lilloises en Biologie et Santé was created in January 2020 together with the creation of the UMS2014 - US41. It results from the joining of two genomic platforms both existing since the early 2000: the platform 'Génomique Fonctionnelle et Structurale' (GFS) localized at the CHU of Lille and the platform 'Transcriptomics & Applied Genomics' (TAG) localized at Institut Pasteur de Lille.

Compétences Skills

- Séquençage et re-séquençage de génomes entiers (Humains, bactéries, virus)
- Re-séquençage d'exomes (Humain) de diverses qualités (FFPE, PBMC, ...)
- Séquençage ciblé (Amplicon, capture)
- Métagénomique ciblée 16S
- RNA-seq (DGE : Differential Gene Expression) et scRNA-seq
- DGE microarrays et DGE Nanostring
- Whole genome sequencing and resequencing (human, bacteria, virus)
- Whole Exome Sequencing (WES) of diverse qualities
- Targeted sequencing
- 16S metagenomics
- RNA-seq (DGE) and scRNA-seq
- Microarrays and Nanostring DGE

Équipements Equipments

- Séquenceurs MiSeq en propre et l'accès à un NovaSeq (Illumina) pour le WGS et le RNA-seq en reads courts
- Séquenceurs Minlon (Oxford Nanopore Technologies) pour le séquençage en reads longs
- Séquenceur PGM en propre et S5 en accès, technologie Ion Torrent (Thermo Fisher Scientific)
- Microarrays (Agilent Technologies et Nanostring) pour le DGE
- Chromium Single Cell (10x genomics) pour le scRNA-seq, Tapestry de mission bio pour le scDNA-seq
- Serveurs/Cluster informatiques pour les analyses et le développement d'outils bioinformatiques

Mots-clés

Génomique,
transcriptomique,
séquençage
haut-débit,
bioinformatique,
RNA-seq,
WGS, WES,
métagénomique,
single-cell

Keywords

Genomics,
transcriptomics,
high-throughput
sequencing,
bioinformatics,
RNA-seq,
WGS, WES,
metagenomics,
single-cell



- MiSeq and NovaSeq sequencers (Illumina) for WGS and RNA-seq in short reads
- Minlon sequencers (Oxford Nanopore Technologies) for sequencing in long reads
- S5 and PGM Ion Torrent sequencers (Thermo Fisher Scientific)
- Microarrays (Agilent Technologies and Nanostring) for DGE analysis
- Chromium Single Cell (10x Genomics) for scRNA-seq Gene Expression and tapestri (mission bio) for scDNA-seq
- Computer servers for analyses and tools development

Chiffres-clés Key figures

Par an

- 30 projets
- 10 publications
- 130h d'enseignement et formation

Per year

- 30 projects
- 10 publications
- 130 hours teaching and training

Collaborations Collaborations

Académiques Academic:

Canther, Ciil, Cristal, Infinite, LilNCog

Pôle de Biologie Pathologie Génétique du CHU de Lille, Service de pneumologie du CHU de Lille, Service de Génétique Inserm/CHU de Rouen

Industrielle Industrial:

Gènes Diffusion

Réseaux Network:

Association BioinfoDiag, Cancerpôle Nord-Ouest, GIS-IBISA

Tutelles et financeurs Trustees and funders

CHU de Lille, CNRS, Inserm, Institut Pasteur de Lille, Université de Lille



Contact

 ums-plbs.univ-lille.fr/les-plateformes-constitutives/genomique



genomique-plbs@univ-lille.fr