



GEH - Plate-forme génomique environnementale et humaine

*Human and environmental genomics core
facility*

IBISA



Rennes (35)

geh.univ-rennes1.fr

ACCES . Access

La plate-forme est accessible aux unités de recherche académique et aux entreprises.

The platform is accessible to academic research units and companies.

Philippe VANDENKOORNHUYSE

Coordinateur . Coordinator

philippe.vandenkoornhuyse@univ-rennes1.fr
+33 (0)2 23 23 50 07

MOTS CLEFS . Keywords

ADN / ARN / amplicons / (méta)génomique / (méta) transcriptomique / séquençage massif / NGS / exomes / méthylome / génotypage / SNPs / qPCR très haut débit / dPCR / environnement / santé

DNA / RNA / amplicons / (meta)genomics / (meta) transcriptomics / mass sequencing / NGS / exomes / methylome / genotyping / SNPs / high throughput qPCR / dPCR / environment / health

OFFRE . Offer

Forte de l'environnement scientifique mêlant l'écologie au domaine de la santé, la plate-forme offre des réflexions originales et promeut le transfert de connaissances et de savoir-faire réciproques aux deux domaines. Nous proposons la réalisation et l'accompagnement de projets de séquençage, de la préparation des bibliothèques jusqu'à l'analyse primaire bio-informatique des données générées par les équipements dédiés au NGS. Nous proposons également, sur un mode collaboratif, le développement d'analyses bio-informatiques spécifiques à un projet ou une application. Nous proposons une mise à disposition de certains de nos équipements après formation et habilitation. La plate-forme développe la production d'amplicons à grande échelle et son analyse, le RNASeq, le ChipSeq... Dans différents cas, des pipelines d'analyses ont été mis en place avec les utilisateurs. Nouvellement dotés d'un appareil très haut débit unique en France, nous proposons la conduite de projet pour les analyses fonctionnelles (qPCR et RT-qPCR, dPCR) et le génotypage SNP.

The originality of the platform is its scientific working environment combining both ecological and medical research fields which enables to offer sequencing strategies and make possible transfers of knowledge and skills gained in both domains. We carry out and assist your sequencing projects, from library preparation to primary bioinformatics analyses of the data generated by our NGS equipment and to provide a self-service access to different state of the art equipment. We also propose collaboration for the development of bioinformatic analyzes specific to a project or an application. Beside classical applications, in-house applications are developed (e.g. high throughput production of amplicons, (using unique high throughput equipment) RNASeq, ChipSeq). In some cases, automated pipelines of data analyses have been developed with users. Recently equipped with a unique high-throughput instrument in France, we propose to carry out functional analyses (qPCR and RT-qPCR, dPCR) and SNP genotyping.

