



## Charte plateforme Epigénomique Environnementale (P2E)



|                                           |                                                           |
|-------------------------------------------|-----------------------------------------------------------|
| <b>NOM DE LA PLATEFORME</b>               | Epigénomique Environnementale                             |
| <b>STRUCTURE PORTEUSE</b>                 | IHPE (UMR5244)                                            |
| <b>LOCALISATION</b>                       | <i>Campus Université de Perpignan Via Domitia (Bat R)</i> |
| <b>RESPONSABLE(s)</b>                     | <i>Christoph Grunau</i>                                   |
| <b>LABELS ET CERTIFICATIONS EXISTANTS</b> |                                                           |

### Présentation

La communauté CeMEB est très active sur la thématique émergente de l'épigénétique en écologie et évolution. Dès 2015, le labex a mis en place un GT épigénétique en écologie et évolution qui fait écho à une initiative nationale du CNRS (RTP du même nom) dans lequel la communauté de notre région joue un rôle central (Resp C Grunau, IHPE). Dans ce cadre, une journée thématique a été organisée par le labex CeMEB en Avril 2016 et le travail de structuration continue avec la mise en place d'une série d'initiatives de sensibilisation, de formation et de structuration à plus grande échelle au niveau de la grande région avec une ouverture vers le transfrontalier et Barcelone (AAP CeMEB, « boîte à idées 2016 »). Les laboratoires impliqués sur la place montpelliéraine sont les laboratoires du labex mais aussi des laboratoires d'autres labex (IGH et DGIMI) et l'initiative s'étend au labex toulousain Tulip.

Les projets se multiplient et dans la mesure où les compétences sont assez localisées notamment à Perpignan, il est nécessaire que nous y créions une plate-forme qui permettra l'analyse des marques épigénétiques et la caractérisation des épigénomes pour l'ensemble de la communauté. L'activité de cette plateforme se construit dans une logique de complémentarité avec la plateforme de génomique environnementale du labex en ouvrant vers l'épigénomique environnementale.

#### ■ Structure et organisation

La plateforme Epigénomique offrira la possibilité d'effectuer des expériences de biologie moléculaire (« wet-bench ») et l'analyse des données issue d'approches de séquençage massif (« dry-bench ») dans les domaines de l'épigénétique et épigénomique. Actuellement, la plateforme ne dispose pas de service de séquençage de nouvelle génération et de microscopie confocale. Pour ce type



UNIVERSITE MONTPELLIER

Place Eugène Bataillon - Case courrier 065 - 34095 MONTPELLIER cedex 5, France

[www.labex-cemeb.org](http://www.labex-cemeb.org)

d'expérimentations, la plateforme fera appel à d'autres plateformes du CEMEB, de l'UPVD ou à des prestataires de service en concertation avec les utilisateurs.

■ **Activités, missions et prestations de la plateforme**

La plateforme dispose d'une large expertise au niveau de l'analyse des différents porteurs d'information épigénétique. En particulier, nous offrirons des compétences dans l'analyse de la méthylation de l'ADN et des modifications des histones. Des compétences dans l'étude de la structure 3D du noyau sont en cours d'acquisition. Au niveau de l'analyse des miRNA, nous disposons seulement de solutions bioinformatiques qui ne sont pas encore complètement mis à disposition en routine. Toutes les analyses bioinformatiques utilisent l'interface Galaxy et pourront être effectuées à distance (<http://bioinfo.univ-perp.fr>). La liste des protocoles expérimentaux est disponible sur <http://ihpe.univ-perp.fr/plateforme-epigenetique/>.

| 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)<br>Alignement : BSMAP, Bismark<br>« Methylation Call » : MethylExtract<br>Détection des Différences : MethylKit              | 50 Go gratuit<br>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                                       |
| Methylation sensitive length polymorphism                                                                                                                        | 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<br>(Attention ! Anticorps à ajouter) | 150 € / réaction<br>(Attention ! Anticorps à ajouter) |
| Crosslink ChIP (X-ChIP)                                                                                                                                          | 50 € / réaction<br>(Attention ! Anticorps à ajouter) | 150 € / réaction<br>(Attention ! Anticorps à ajouter) |



UNIVERSITE MONTPELLIER

Place Eugène Bataillon - Case courrier 065 - 34095 MONTPELLIER cedex 5, France

www.labex-cemeb.org

|                                              |                                          |                         |
|----------------------------------------------|------------------------------------------|-------------------------|
| Analyse ChIP-Seq (BioInformatique)           | 50 Go gratuit<br>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 €                   |

▪ **Equipements disponibles :**

| Appareil                       | Modèle et fournisseur | Description                                                                                                                                                                                                                                                                           |
|--------------------------------|-----------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Espace d'accueil « wet bench » | Espace « open lab »   | Un espace de travail complètement aménagé (pipettes, centrifuges, incubateurs, loupes, etc.) pour effectuer tous les travaux d'experimentation animale et de la biologie moléculaire. IP-Star système automatisé « walk away » pour le ChIP-Seq, MeDIP et generation des banques NGS. |
| Espace d'accueil « dry bench » | Espace « open space » | A Bureau avec connexion internet Wifi ou filaire. Access sécurisé sur le serveur de calcul. Ordinateurs mis à disposition.                                                                                                                                                            |
| Serveur de calcul              | Dell                  | Instance Galaxy <a href="http://bioinfo.univ-perp.fr">http://bioinfo.univ-perp.fr</a>                                                                                                                                                                                                 |

▪ **Personnel affecté (Nb ETPT permanent / temporaires) :**

Christoph Grunau (20 %) / Cristian Chaparro (25%) / Jean-François Allienne (15 %), tous permanents

▪ **Gouvernance : Comité de Pilotage**

Le Comité de Pilotage comportera des utilisateurs et des experts, qui s'assureront au travers de réunions trimestrielles de la qualité des prestations offertes et proposera si nécessaire des évolutions méthodologiques et technologiques. La plateforme affichera de manière formalisée l'offre de service, les conditions d'accès et les tarifs.



UNIVERSITE MONTPELLIER

Place Eugène Bataillon - Case courrier 065 - 34095 MONTPELLIER cedex 5, France

[www.labex-cemeb.org](http://www.labex-cemeb.org)

## Description du fonctionnement

- **Les modalités de soumission et les conditions d'acceptation des nouveaux projets**
  - La demande d'ouverture d'un projet est effectuée par email à l'adresse [christoph.grunau@univ-perp.fr](mailto:christoph.grunau@univ-perp.fr). Une fiche projet est établie à l'ouverture. Les différentes étapes seront ensuite mises en œuvre:
    1. Définir le projet biologique et la pertinence d'une approche épigénomique pour réaliser ce projet; en évaluer le niveau d'investissement humain et financier.
    2. Préciser la démarche méthodologique suivie pour la préparation d'échantillons analysables.
    3. Assurer avec le demandeur la réalisation technique des différentes étapes d'analyse.
    4. Réaliser une évaluation critique des résultats et de leur pertinence par rapport au projet initial.
- **Les procédures d'accès et de réservation d'équipements**
  - La mise en place de la collaboration scientifique se fait nécessairement par une prise de contact entre, d'une part, le porteur et les acteurs principaux du projet (le demandeur) et, d'autre part, les personnels concernés de la plateforme. Au cours de cette réunion (vidéoconférence possible), les personnels de la plateforme s'attacheront en particulier à faire préciser au demandeur quelles sont les questions biologiques posées afin d'identifier les comparaisons statistiques les plus pertinentes.
- **La procédure de retrait des résultats**
  - L'ensemble des résultats issue des analyses de données NGS est mis à disposition du demandeur sur support informatisé sécurisé (plateforme Galaxy <http://bioinfo.univ-perp.fr>). L'analyse de la pertinence des informations obtenues et les conclusions biologiques de l'étude sont examinées au cours d'une réunion de clôture de projet à l'initiative du demandeur.
  - Les résultats non-NGS sont mis à disposition du demandeur sur autres supports appropriés.
- **L'étendue possible de l'implication du personnel de la plateforme sur les projets**
  - Expertise : Le personnel de la plateforme a pour mission de transmettre ses protocoles et ses connaissances techniques aux utilisateurs afin d'optimiser le succès des expériences mises en œuvre.
  - Formation : Les ressources humaines et matérielles disponibles sur la plateforme sont mises à profit pour la formation d'étudiants (stagiaires, doctorants...), d'ingénieurs et techniciens et pour des programmes d'animation et de formation scientifiques et techniques (séminaires, ateliers, sessions d'études...).



UNIVERSITE MONTPELLIER

Place Eugène Bataillon - Case courrier 065 - 34095 MONTPELLIER cedex 5, France

[www.labex-cemeb.org](http://www.labex-cemeb.org)

- Mise à disposition des moyens nécessaires à l'obtention d'analyses de qualité : infrastructure, informatique, maintenance. Le personnel de la plateforme assure en particulier le fonctionnement et l'entretien périodique des appareils.
- Gestion du flux des demandes en fonction des disponibilités matérielles : Le personnel détermine le planning des expériences et des analyses bioinformatiques avec le souci de raccourcir au maximum les délais d'obtention des résultats.
- Confidentialité : Tous les échanges d'informations et d'échantillons entre la plateforme et ses clients sont considérés comme confidentiels. Les accès au serveur de la plateforme en particulier sont sécurisés par identifiant et mot de passe. Les échantillons non utilisés sont restitués au client sur demande. Sans instruction particulière, les échantillons seront détruits au paiement de la prestation.
- Perte d'échantillons et/ou données : la plateforme s'engage de faire tous le nécessaire pour garantir la sécurité de stockage des échantillons et de donnée mais elle ne peut pas être tenu responsable en cas de perte. La redondance des données et des échantillons est sous responsabilité des utilisateurs.
- **Le système de tarification des prestations**
  - Un devis pour un ensemble de prestations sera établi et pourra être réévalué en fonction des travaux effectivement réalisés. La plateforme offre deux régimes tarifaires (« interne » pour les unités CeMEB et « externe » pour d'autres utilisateurs).
- **Les règles d'hygiène et de sécurité en vigueur sur la plateforme**
  - Les règles sont conformes au règlement du CNRS en vigueur (cf. <http://www.dgdr.cnrs.fr/SST/CNPS/textes/reglementationCNRS.htm>)
- **Les obligations de reconnaissance des utilisateurs**
  - Sauf indication contraire explicitement formulée par le demandeur, la prestation ainsi que le titre du projet pourront être mentionnés dans les supports de communication de la plateforme (rapports d'activité, présentations orales, posters...).
  - Si des membres du personnel de la plateforme participent concrètement à la conception et au développement d'un projet et si les travaux effectués sur la plateforme seront valorisés par une publication, une communication orale ou par affiche, les utilisateurs doivent les inclure dans les co-auteurs 1 personnel de la plateforme. Les noms et adresses de ces personnels seront indiqués par le responsable de la plateforme avant la soumission du manuscrit.
  - Si la participation des membres du personnel de la plateforme se restreint à une simple formation, la plateforme est mentionnée dans les remerciements.