



David Gentien
Manager de plateforme
david.gentien@curie.fr

Missions et activités

La plate-forme de génomique fournit à des équipes de recherches fondamentales, translationnelles, médicales, des outils technologiques à haut débit pour analyser la structure et l'expression de gènes dans divers organismes, modèles cellulaires et tumeurs.

Les altérations structurales des génomes, comme les mutations, les gains, les amplifications, la perte de régions génomiques, les polymorphismes, les déséquilibres alléliques, la perte d'hétérozygotie sont identifiées à l'aide de puces SNP d'Affymetrix, d'outils Nanostring, ou par des techniques de séquençage de Sanger ou de qPCR.

L'expression des gènes est complexe et peut être adressée à plusieurs niveaux. Les ARN codants ou non pour les protéines peuvent être quantifiés à l'aide de puces Affymetrix pour une analyse pan-génomique ou en utilisant les approches de multiplexage NanoString jusqu'au niveau exonique, voire par qPCR en fonction du nombre d'échantillons et de marqueurs à quantifier. La plate-forme analyse la régulation de l'expression des gènes en quantifiant les micro ARN, les ARN fonctionnel non codant et d'autres types spécifiques d'ARN, qui modulent l'expression des gènes à différents niveaux (transcription et traduction). Ces quantifications sont effectuées en utilisant des puces Affymetrix ou via un multiplexage NanoString.

Des techniques de quantification de certains marqueurs épigénétiques sont actuellement testées pour répondre à des demandes internes (méthode OxBS développée par Cambridge Epigenetix). Des techniques d'analyses de conformation de la chromatine (in situ HiC) sont également mises en œuvre (Mélanome Uvéal, Pr E. Heard lab).

En outre, la plate-forme analyse des échantillons dans le cadre de plusieurs essais cliniques ou sur demande de biologistes, dans le domaine du cancer et des maladies rares. L'ADN et l'ARN sont analysés quotidiennement sur des outils dédiés (Oncoscan, Cytoscan d'Affymetrix et Prosigna Pam50). Très récemment, un accord a été mis en place avec Nanostring pour devenir une plateforme de référence en Europe pour les tests Prosigna.

La plate-forme participe également à des projets internationaux et à des collaborations avec des partenaires publics ou privés.

Enfin d'autres approches complémentaires sont proposées aux équipes qui souhaitent que leurs échantillons soient préparés par la plateforme ou enrichis par microdissection laser. De nouvelles activités de génomique peuvent être évaluées puis mises en place selon les besoins des équipes.

Services

- Conseil en génomique.
- Préparation d'échantillon (cryo-section, microdissection laser, purification d'acides nucléiques).
- Analyse Génomique (genome wide par analyse en microrarray, analyse de mutations ponctuelles, de polymorphismes)
- Analyse Transcriptomique: de genome entier, or analyse ciblée (Nanostring), test de signature transcriptomique.
- Analyse de la régulation de l'expression des gènes: miRNA, ncRNA, analyse de la méthylation (OxBS), analyse de la conformation de la chromatine.

Publications clés

Année de publication : 2017

Roman Rouzier, Aurelie Roulot, Arthur H Jeiranian, Namratha Ram, Jean Marc Guinebretiere, Anne Vincent Salomon, David Gentien (2017 Jan 11)

Denaturing fixatives are compatible with the NanoString nCounter(®) platform and the Prosigna(®) assay.

New biotechnology : 37-41 : [DOI : S1871-6784\(16\)32312-3](https://doi.org/10.1016/j.celrep.2016.08.011)

Année de publication : 2016

Alejandra Urrutia, Darragh Duffy, Vincent Rouilly, Céline Posseme, Raouf Djebali, Gabriel Illanes, Valentina Libri, Benoit Albaud, David Gentien, Barbara Piasecka, Milena Hasan, Magnus Fontes, Lluís Quintana-Murci, Matthew L Albert, (2016 Aug 30)

Standardized Whole-Blood Transcriptional Profiling Enables the Deconvolution of Complex Induced Immune Responses.

Cell reports : 2777-91 : [DOI : 10.1016/j.celrep.2016.08.011](https://doi.org/10.1016/j.celrep.2016.08.011)

Année de publication : 2014

D Gentien, O Kosmider, F Nguyen-Khac, B Albaud, A Rapinat, A G Dumont, F Damm, T Popova, R Marais, M Fontenay, S Roman-Roman, O A Bernard, M-H Stern (2014 Jan 17)

A common alternative splicing signature is associated with SF3B1 mutations in



malignancies from different cell lineages.

Leukemia : 1355-7 : [DOI : 10.1038/leu.2014.28](https://doi.org/10.1038/leu.2014.28)