

# Institut Curie - Plateforme ICGex de NGS : Conditions Générales d'Utilisation



English version below

La plateforme NGS (*Next Generation Sequencing*) de l'Institut Curie fonctionne sur un mode de **prestation collaborative**. Ce document reprend nos conditions générales d'utilisation, il est joint à chaque devis émis par la plateforme et doit faire l'objet d'une lecture attentive car **l'acceptation du devis vaut validation des présentes conditions**.

## 1 : Présentation de la plateforme NGS - ICGex

- Plateforme labélisée **IBISA** (depuis 2010), bénéficiaire d'un Equipex (**ICGex**, 2012-2021), appartenant au réseau national **France Génomique** et Européen **CoreForLife**
- Positionnement à l'interface entre la recherche fondamentale et clinique, ouverte aux équipes internes et externes à l'Institut Curie
- Plateforme certifiée **ISO9001 – NFX50-900** depuis novembre 2022.
- Collaboration étroite avec la plateforme Bioinformatique de l'Institut Curie pour la gestion et l'analyse des données
- Contact : [ngs.lab@curie.fr](mailto:ngs.lab@curie.fr)
- Site : <https://curie.fr/plateforme/curiecoretech-sequencage-haut-debit-icgex>

## 2 : Offre technologique

- **Mission de conseil** : Notre équipe se tient à votre disposition pour vous orienter dans l'élaboration de votre projet de séquençage haut-débit. Pour toutes vos questions, contactez-nous à [ngs.lab@curie.fr](mailto:ngs.lab@curie.fr)
- **Applications** : Offre disponible sur 3 champs d'applications proposés à l'échelle de populations cellulaires (*bulk*) mais aussi dans certains cas sur cellules uniques (*single cells*) ou tissus (*spatial transcriptomics*).

- Génomique** (Whole Genome Sequencing, Whole Exome Sequencing....)
- Transcriptomique** (total RNAseq, mRNAseq, 3'Tag RNAseq, SingleCell-RNAseq....)
- Epigénétique** (ChIPseq....)

### - Equipements disponibles :

	Instruments	Fournisseurs
<b>Lectures courtes</b> (50 à 300 nucléotides)	1 NovaSeq 6000	Illumina
	1 NextSeq 2000	Illumina
	1 MiSeq	Illumina
<b>Lectures longues</b> (10 à 15kb en moyenne)	1 Sequel IIe	Pacific Biosciences
	1 GridION	Oxford Nanopore Technologies
	1 PromethION	Oxford Nanopore Technologies
<b>Analyse en cellule unique</b>	1 Chromium Controller	10X Genomics
	1 Chromium Controller iX	



**- Préparation des échantillons :**

La plateforme ne réalise ni les extractions d'acides nucléiques, ni les contrôles de qualité des échantillons qui restent à la charge du demandeur et sont spécifiés dans le fichier « Sample Plan » transmis par la plateforme.

En cas de recommandations non respectées, nous ne pouvons pas garantir la qualité des banques produites. Nous contactons le demandeur pour lui exposer les risques encourus et lui seul prendra la responsabilité de poursuivre la prestation.

Afin de prévenir un risque de dégradation des échantillons, l'acheminement à la plateforme doit se faire selon les informations précisées dans le Sample Plan.

**- Réception des échantillons :**

L'envoi ou dépôt d'échantillons doit faire l'objet d'un mail d'information [ngs.lab@curie.fr](mailto:ngs.lab@curie.fr).

La totalité du matériel sera engagée pour la préparation des banques. Il ne restera donc aucun reliquat de matériel de départ à la plateforme.

**- Préparation des banques et séquençage :**

Le choix du protocole de banque est déterminé en amont en accord avec la plateforme suivant la question biologique et de la nature des échantillons. La plateforme réalise l'étape de préparation des banques et après validation des contrôles qualité, met en œuvre le séquençage haut-débit.

Technologies	Engagements
Illumina	<input checked="" type="checkbox"/> $\geq 80\%$ des bases $> Q30^*$ en lecture $2 \times 100$ bp (PE100)
	<input checked="" type="checkbox"/> $\geq 85\%$ du rendement ciblé (ex : 170M de clusters pour 200M visés)
Pacific Biosciences	<input checked="" type="checkbox"/> Nombre de Polymerase Reads $\geq 3M$ par SMRTcell
	<input checked="" type="checkbox"/> Longueur moyenne des Reads Control $\geq 20kb$
	<input checked="" type="checkbox"/> Taux de fiabilité des Reads Control $\geq 0,82$ (taux d'erreur $< 18\%$ )
Oxford Nanopore Technologies**	<input checked="" type="checkbox"/> $\geq 800$ pores actifs sur les flowcells MinIONS
	<input checked="" type="checkbox"/> $\geq 5000$ pores actifs sur les flowcells PromethIONS

\* **Q30** = probabilité d'avoir au maximum 1 erreur toutes les 1000 bases.

\*\* Le débit obtenu avec cette technique est très variable en fonction du type de librairie et du type de flowcell. La plateforme ne peut en l'état s'engager sur la longueur des reads, leur nombre ou la qualité de Gb produites.

Les banques sont conservées à la plateforme pendant une période minimale d'1 an pour permettre l'éventualité d'un séquençage supplémentaire.

**- Transmission & sauvegarde des données bio-informatiques :**

Les données transmises aux utilisateurs correspondent aux fichiers contenant les séquences (après basecalling) et les alignements de ces séquences sur un génome de référence.



**Pour les équipes internes à Curie :**

<b>Transmission &amp; sauvegarde des données bio-informatiques</b>					
<b>Technologies</b>	<b>Données Brutes</b>	<b>Stockage <sup>1</sup></b>	<b>Archivage <sup>2</sup></b>	<b>Données analysées</b>	<b>Stockage <sup>1</sup></b>
<b>Illumina</b>	Dossier <b>BCLs</b>	9 mois	Aucun	Alignement ( <b>BAM</b> )	1 an *
	Demultiplexage ( <b>FASTQ</b> )	5 ans *	10 ans *		
<b>Pacific Biosciences</b>	Fichier <b>reads.bam</b>	5 ans *	10 ans *	Alignements / Analyse SMRTlink	1 an *
<b>Oxford Nanopore Technologies</b>	Fichiers <b>pod5</b>	2 mois	10 mois	Alignement ( <b>BAM</b> )	1 an *
	Basecalling ( <b>uBAM</b> )	5 ans *	10 ans *		

\* Intégration protégée des données dans le système d'information **KDI** (*Knowledge and Data Integration*) qui garantit une **gestion des droits** par utilisateur et par projet.

<sup>1</sup> Pour le stockage, les données seront définitivement supprimées des disques durs après la durée indiquée.

<sup>2</sup> Pour l'archivage, les données seront d'abord copiées sur bandes avant la suppression définitive des disques durs. Les données seront conservées sur bandes au moins pendant la durée indiquée.

**Pour les équipes externes à Curie :**

- Intégration protégée des données **dans le système d'information KDI**
- Envoi d'un lien de téléchargement sécurisé et disponible pendant un mois
- Les données brutes démultiplexées et les données alignées issues de l'analyse par les pipelines bioinformatiques sont **conservées pour une durée de 3 mois** uniquement.

**- Délai indicatif de rendu des données :**

- 4 semaines à compter de la date de dépôt des pools de librairies.
- 4 à 8 semaines à compter de la date de dépôt des échantillons.

**3 : Devis / Facturation**

**Nous vous rappelons que l'acceptation du devis fait foi d'acceptation des termes des conditions générales d'utilisation.**

**La durée de validité du devis est de 3 mois.**

La facturation a lieu à chaque fin de trimestre mais si une demande clôturée pendant le trimestre nécessite une facturation rapide, une demande d'édition de facture peut être faite auprès de la plateforme qui relayera l'information auprès du service financier.

**Aucune demande en cours ne pourra être facturée tant qu'elle n'est pas arrivée à son terme** (séquençage terminé et résultats transmis à l'équipe).

**4 : Confidentialité**

Si vos prélèvements proviennent de patients ils doivent faire l'objet d'une pseudo-anonymisation en amont du dépôt des échantillons à la plateforme.

Les données sont sécurisées au sein de KDI via un système de gestion des droits garantissant la restriction des accès.

**5 : Propriété intellectuelle**

La plateforme ne revendique aucune propriété intellectuelle relatives aux découvertes issues des données générées pour des collaborateurs académiques qu'ils soient internes à l'Institut ou bien externes. En



revanche, dans le cadre d'interactions avec des industriels, une contractualisation est systématiquement mise en place au sein de laquelle la possibilité d'un partage de la propriété intellectuelle est défini. Si les données ne font pas l'objet de PI en tant que telles, les méthodes développées spécifiquement par la plateforme pourraient quant à elle aboutir à de la PI.

## 6 : Publications, remerciements et valorisation

Chaque année, la plateforme est évaluée à travers de nombreux critères comme sa productivité, la diversité de son expertise ou encore son ouverture à la communauté scientifique. Ces évaluations sont indispensables à sa **pérennisation et au maintien de son offre technologique** en lui permettant de se positionner dans les réseaux d'excellence en génomique ainsi que d'optimiser ses chances de succès lors des demandes de financements. Les **remerciements** et le **co-authorship** ont une place essentielle dans ces évaluations.

### - Remerciements :

Nous demandons donc que pour chaque publication qui utilise des données NGS produites par nos soins, la plateforme ainsi que ses financeurs soient remerciés dans la partie *Acknowledgments*.

Voici un exemple de proposition type pour cette section (les parties en gras devant y être expressément mentionnées) :

" *High-throughput sequencing was performed by the ICGex NGS platform of the Institut Curie supported by the grants **ANR-10-EQPX-03 (Equipex)** and **ANR-10-INBS-09-08 (France Génomique Consortium)** from the Agence Nationale de la Recherche ("**Investissements d'Avenir**" program), by the **ITMO-Cancer Aviesan (Plan Cancer III)** and by the SiRIC-Curie program (**SiRIC Grant INCa-DGOS-465 and INCa-DGOS-Inserm\_12554**). Data management, quality control and primary analysis were performed by the Bioinformatics platform of the Institut Curie.*"

De plus, il est essentiel de remercier la plateforme et particulièrement ses membres concernés dans toutes **communications orales** (thèse, séminaire, congrès ...) qui valorisent des données générées par la plateforme.

### - Co-authorship :

Lorsque le NGS occupe une position centrale dans une publication, signe d'une contribution substantielle de la plateforme NGS, nous sollicitons vivement la présence des membres de la plateforme concernés en qualité d'auteurs en reconnaissance de l'expertise apportée (1 à 2 personnes sans exigence de positionnement). Bien entendu cela implique que ces derniers contribuent à la relecture de la publication et interviennent au besoin à la rédaction des parties les concernant comme exigé par le statut de co-auteur. Les **développements technologiques** portés par la plateforme comme la « spatial transcriptomics » et le séquençage de 3<sup>ème</sup> génération (PacBio) font l'objet d'un investissement majeur. Les publications utilisant ces développements impliquent donc une **obligation** stricte de **co-authorship** des membres de la plateforme concernés.

### - Affiliations :

Les affiliations des membres de la plateforme doivent être indiquées comme suit :

1. Institut Curie, PSL University, ICGex Next-Generation Sequencing Platform, 75005 Paris, France
2. Institut Curie, PSL University, Single Cell Initiative, 75005 Paris, France

La seconde affiliation qui mentionne la **Single Cell Initiative** n'est requise que dans le cas où la contribution de la plateforme est liée à des applications en single cell ou spatial -omics.



## Institut Curie - ICGex NGS Platform : General Terms of Use



The NGS facility of the Institut Curie provides services based on high throughput sequencing according to a **research collaboration mode**. This document describes our general terms of services, it is attached to each quote sent by the platform and must be read carefully because the **acceptance of the quote means validation of these conditions**.

### 1 : ICGex – NGS platform presentation

- The Platform benefites from an **IBISA** label (since 2010) and an Equipex funding (**ICGex**, 2012-2021). It belongs to **France Génomique** national infrastructure and **CoreForLife** European network.
- It is directly positioned at the interface between fundamental and clinical research, and open to teams inside and outside the Institut Curie.
- Platform certified **ISO9001 - NFX50-900** since November 2022.
- The facility is in close collaboration with the Institut Curie Bioinformatics platform for data management and analysis.
- Contact : [ngs.lab@curie.fr](mailto:ngs.lab@curie.fr)
- Web site : <https://curie.fr/platforme/curiecoretech-sequencage-haut-debit-icgex>

### 2 : Service offer

- **Consulting mission** : Our team is at your disposal to guide you in the setting up of your high throughput sequencing project. For any question, you can contact us at [ngs.lab@curie.fr](mailto:ngs.lab@curie.fr)

- **Applications** : Services covering 3 fields of applications at cell population level (bulk) and, when available, at single cell or tissue resolution (spatial transcriptomics).

- Genomics** (Whole Genome Sequencing, Whole Exome Sequencing....)
- Transcriptomics** (total RNAseq, mRNAseq, 3'Tag RNAseq, SingleCell-RNAseq....)
- Epigenetics** (ChIPseq....)

#### - Available equipments :

	Instruments	Fournisseurs
<b>Short reads</b> (50 to 300 nucleotides)	1 NovaSeq 6000	Illumina
	1 NextSeq 2000	Illumina
	1 MiSeq	Illumina
<b>Long reads</b> (10 to 15kb mean)	1 Sequel IIe	Pacific Biosciences
	1 GridION	Oxford Nanopore Technologies
	1 PromethION	Oxford Nanopore Technologies
<b>Single cell analysis</b>	1 Chromium Controller	10X Genomics
	1 Chromium Controller iX	



**- Sample preparation :**

**The platform doesn't take in charge nucleic acid extractions, or quality controls of samples, which remain the responsibility of users and specified in the Sample Plan file provided by the platform.**

In order to prevent any risk of degradation, the samples must be sent to the platform according to the information specified in the Sample Plan.

If these recommendations are not respected, we cannot guarantee the quality of the produced libraries. We will contact the user to explain the involved risks and he will decide whether or not to continue with the sequencing.

**- Sample reception :**

**All shipping or deposit of samples must be notified by email to [ngs.lab@curie.fr](mailto:ngs.lab@curie.fr).**

All the material will be used for the library preparation. There will be no leftover material at the platform.

**- Library preparation and sequencing :**

The choice of library protocol is determined upstream in agreement with the platform according to the biological question and the nature of the samples. The platform prepares the libraries and, after validation of the quality controls, proceeds to the high-throughput sequencing.

Technologies	Sequencing Quality Commitment
Illumina	<input checked="" type="checkbox"/> $\geq 80\%$ of bases $> Q30^*$ in Paired-End $2 \times 100$ bp (PE100)
	<input checked="" type="checkbox"/> $\geq 85\%$ of target yield (eg. 170M clusters for 200M expected)
Pacific Biosciences	<input checked="" type="checkbox"/> Number of Polymerase Reads $\geq 3M$ per SMRTcell
	<input checked="" type="checkbox"/> Mean Length for Control Reads $\geq 20$ kb
	<input checked="" type="checkbox"/> Concordance for Control Reads $\geq 0,82$ (eg. Error rate $< 18\%$ )
Oxford NanoporeTechnologies**	<input checked="" type="checkbox"/> $\geq 800$ active pores on MinIONs flowcells
	<input checked="" type="checkbox"/> $\geq 5000$ active pores on PromethIONs flowcells

\* **Q30** = equivalent to the probability of an incorrect base call of 1 out of 1000.

\*\* The throughput obtained with this technique is highly variable, depending on the type of library and the type of flowcell. At this stage, the platform cannot commit to the length of reads, their numbers or the quantity of Gb produced.

The libraries are stored at the platform for a minimum period of 1 year to allow for the possibility of additional sequencing.

**- Data transmission & storage :**

The data provided to users correspond to the files containing the basecalled data and the alignments files of these sequences on a reference genome.



**For Curie internal teams :**

	<b>Data transmission &amp; storage</b>				
<b>Technologies</b>	<b>Raw Data</b>	<b>Backup Time <sup>1</sup></b>	<b>Archiving <sup>2</sup></b>	<b>Analyzed Data</b>	<b>Backup Time <sup>1</sup></b>
<b>Illumina</b>	<b>BCLs Folder</b>	9 months	None	Aligned data ( <b>BAM</b> )	1 year *
	Demultiplexed raw data ( <b>FASTQ</b> )	5 years *	10 years		
<b>Pacific Biosciences</b>	<b>reads.bam File</b>	5 years *	10 years	Aligned data / SMRTlink Analysis	1 year *
<b>Oxford Nanopore Technologies</b>	<b>pod5 Files</b>	2 months	10 years	Aligned data ( <b>BAM</b> )	1 year *
	Basecalled data ( <b>uBAM</b> )	5 years*	10 years		

\* Secure data integration in the **KDI** (Knowledge and Data Integration) information system, which guarantee controlled access rights by user and by project.

<sup>1</sup> For storage, data will be permanently deleted from hard drives after the specified time.

<sup>2</sup> For archiving purposes, data will first be copied to tape before being permanently deleted from hard drives. Data will be kept on tape for at least the time indicated.

**For external teams :**

- Secure data integration in the **KDI information system**
- Transmission of a secure download link available for 1 month
- Demultiplexed raw data and aligned data generated by analysis bioinformatics pipelines are **stored during 3 months** before being permanently deleted.

**- Indicative deadline for data delivery :**

- 4 weeks from submission of library pool at the platform
- 4 to 8 weeks from submission of samples at the platform

**3 : Quote / Billing**

**We remind you that quote validation is proof of acceptance of the terms and conditions of use.**

**Validity period of quote is 3 months.**

Invoicing takes place at the end of each quarter, but if a request closed during the quarter requires rapid invoicing, a request for an invoice can be made to the platform, which will relay the information to the financial department.

**No request in progress can be invoiced until it has been completed** (sequencing completed and results sent to the team).

**4 : Privacy**

If your samples come from patients, they must be anonymized before deposit at the platform. The data are secured within KDI by a rights management system that ensures restricted access.

**5 : Intellectual property**

The platform does not claim any intellectual property relating to the discoveries made from the data generated for academic collaborators, whether internal to the Institute or external. On the other hand, in the context of interactions with industrialists, a contract is systematically put in place within which the



possibility of sharing intellectual property is defined. While the data are not the subject of IP as such, the methods developed specifically by the platform could lead to IP.

## 6 : Publications, acknowledgements and valorisation

Each year, the platform is evaluated on numerous criteria such as its productivity, the diversity of its expertise and its openness to the scientific community. These evaluations are essential for the platform's sustainability and the maintenance of its service offer, allowing it to be part of networks of excellence in genomics and to optimize its chances of success in funding applications. **Acknowledgements** and **co-authorship** have an essential place in these evaluations.

### Acknowledgements :

We therefore request that, for each publication that uses data produced by the platform, the platform and its funders be acknowledged in the *Acknowledgments* section.

Here is an example of a typical proposal for this section (parts in bold should be specifically mentioned) :

" *High-throughput sequencing was performed by the ICGex NGS platform of the Institut Curie supported by the grants **ANR-10-EQPX-03** (Equipex) and **ANR-10-INBS-09-08** (France Génomique Consortium) from the Agence Nationale de la Recherche ("Investissements d'Avenir" program), by the **ITMO-Cancer Aviesan (Plan Cancer III)** and by the SiRIC-Curie program (**SiRIC Grant INCa-DGOS-465** and **INCa-DGOS-Inserm\_12554**). Data management, quality control and primary analysis were performed by the Bioinformatics platform of the Institut Curie.*"

In addition, it is essential to thank the platform and particularly its members involved in any **oral communications** (thesis, seminar, congress ...) that value data generated by the platform.

### Co-authorship :

When NGS occupies a central position in a publication, sign of a substantial contribution of the NGS platform, we strongly solicit the presence of the concerned platform members as authors in recognition of the expertise provided (2 persons without positioning requirement). Of course, this implies that they contribute to the proofreading of the publication and get involved if needed in the writing of the parts concerning them as required by the status of co-author.

**Technological developments** supported by the platform, such as Spatial Transcriptomics and 3rd Generation Sequencing (PacBio), are subject of a major commitment from the platform members. Publications using these developments therefore imply a strict **obligation** of **co-authorship** of platform contributors.

### Affiliations :

Affiliations of platform members should be specified as follows :

1. Institut Curie, PSL University, ICGex Next-Generation Sequencing Platform, 75005 Paris, France
2. Institut Curie, PSL University, Single Cell Initiative, 75005 Paris, France

The second affiliation mentioning **Single Cell Initiative** is only required if platform contribution is related to single cell or spatial omics workflows.

