

Journal TGML

Transcriptomic and Genomic
Marseille Luminy

La plateforme « Transcriptomique et Génomique Marseille-Luminy » est intégrée au laboratoire TAGC, unité mixte de recherche Inserm/AMU et est une composante de l'infrastructure distribuée France Génomique.

Accessible aux équipes de recherche publique françaises et étrangères, ainsi qu'aux industriels, elle donne accès à une large palette d'outils expérimentaux et bio-informatiques pour l'étude du transcriptome et de la génomique fonctionnelle. L'accès à ces services se fait soit en prestation de service soit en collaboration sur la base d'une tarification adaptée et validée par l'Inserm. Les ingénieurs de la plateforme assurent la construction de librairies, le séquençage et les analyses de données (primaires et secondaires).



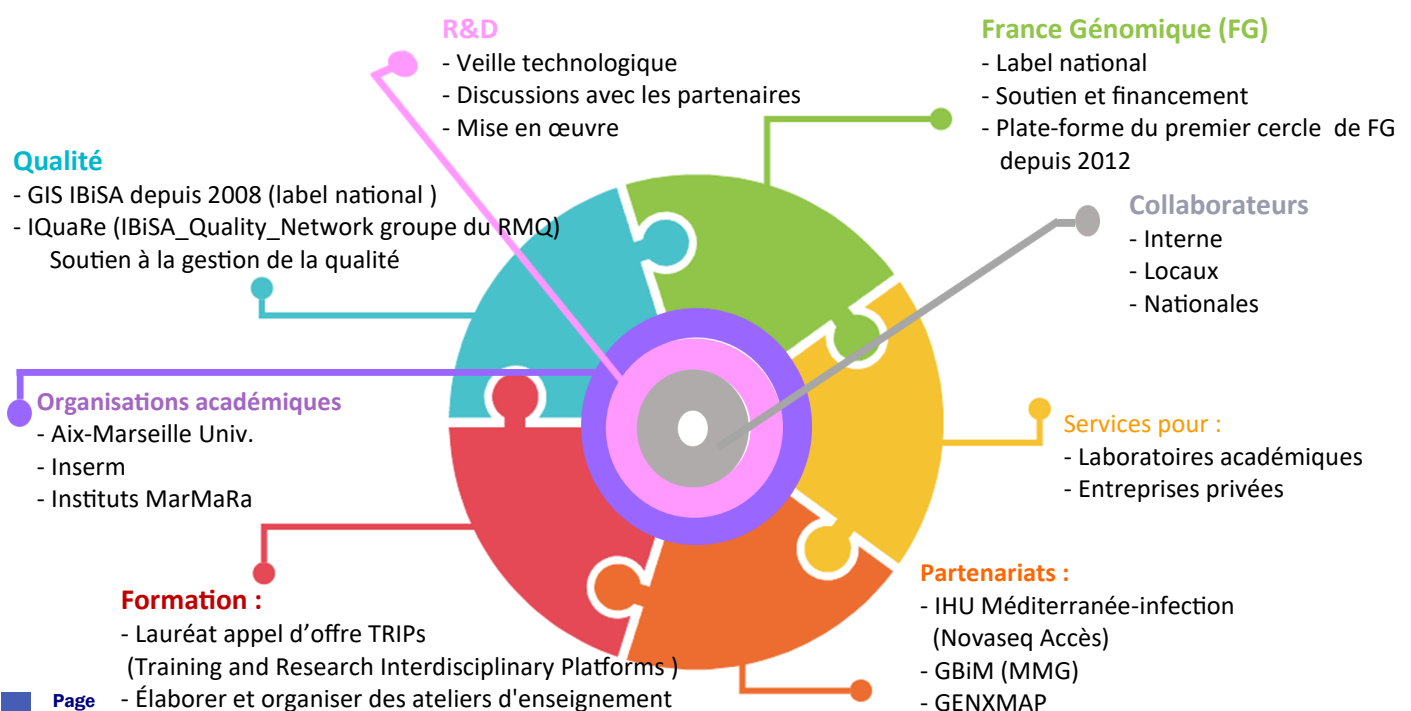
L'ensemble de l'activité de la plateforme est certifiée ISO 9001:2015 et NFX 50-900:2016. Le système de management de la qualité concerne : Expertise, Recherche et Développement en génomique et bioinformatique dans les sciences du vivant. Renouvellement de la certification en décembre 2024.



PLATEFORME
TECHNOLOGIQUE
AIX-MARSEILLE

La plateforme a obtenu le label « Plateforme technologique Aix-Marseille » en 2016 et son renouvellement en janvier 2025 pour une durée de trois ans.

Ce numéro est pour nous l'occasion de présenter les différentes activités de la plateforme, de dresser un bilan de 2024 et de donner les perspectives pour 2025.



Principaux Equipements de la plateforme:

Séquençage : Séquenceurs Illumina :



- a) **NextSeq 500**
FlowCell :
 ○ Mid $130 \cdot 10^6$ reads (150-300 total cycles)
 ○ High $400 \cdot 10^6$ reads (75-150-300 total cycles)



- b) **NextSeq 2000**
FlowCell :
 ○ P1 $100 \cdot 10^6$ reads (100-300-600 total cycles)
 ○ P2 $400 \cdot 10^6$ reads (100-200-300-600 total cycles)
 ○ P3 $1200 \cdot 10^6$ reads (100-200-300 total cycles)
 ○ P4 $1800 \cdot 10^6$ reads (50-100-200-300 total cycles)



- c) **NovaSeq 6000** (*Partenariat avec l'IHU de Marseille pour son utilisation*)
 ○ SP 650 à $800 \cdot 10^6$ reads (100 - 200 - 300 - 500 total cycles)
 ○ S1 1.3 à $1.6 \cdot 10^9$ reads (100-200-300 total cycles)
 ○ S2 3.3 à $4.1 \cdot 10^9$ reads (100-200-300 total cycles)

Cellules et/ou Noyaux uniques :



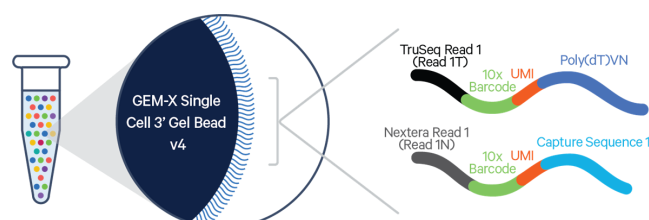
GentleMac Octo dissociateur with heaters—Milteny



Chromium Controller 10X Genomics



Chromium X 10X Genomics (Reçu en décembre 2024)



Différents kits et applications compatibles avec le Chromium X



Universal Assays

Universal 3' Gene Expression

Formerly Single Cell Gene Expression

Universal 5' Gene Expression

Formerly Single Cell Immune Profiling

- Gather broad information from diverse species (poly-A genes, isoforms, SNPs, etc.)
- RT-based assays that capture the whole transcriptome, compatible with a diverse set of species
- Multiomic options:
 - 3' and 5' gene expression
 - TCR/BCR
 - Protein
 - CRISPR



Flex Assays

Flex Gene Expression

Formerly Single Cell Gene Expression Flex (or Fixed RNA Profiling)

- Exceptional performance with challenging samples including FFPE
- Probe-based assays that capture 18,000+ coding genes, customizable to fit project needs
- Maximum scale: 2.56M cells/run
- Multiomic options:
 - Gene expression
 - Protein
 - CRISPR



Epi Assays

Epi Multiome ATAC + Gene Expression

Formerly Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression

Epi ATAC

Formerly Single Cell ATAC

- Investigate chromatin state and regulatory elements (ATAC-seq)
- Directly link 3' gene expression and epigenomic profiles from the same nucleus
- Profile up to 80,000 nuclei per run
- Multiomic options
 - Gene expression
 - Chromatin accessibility

© 10X GENOMICS, INC. 2024 | FOR RESEARCH USE ONLY. NOT FOR USE IN DIAGNOSTIC PROCEDURES.

10X Genomics

Equipements prévus courant 2025 :

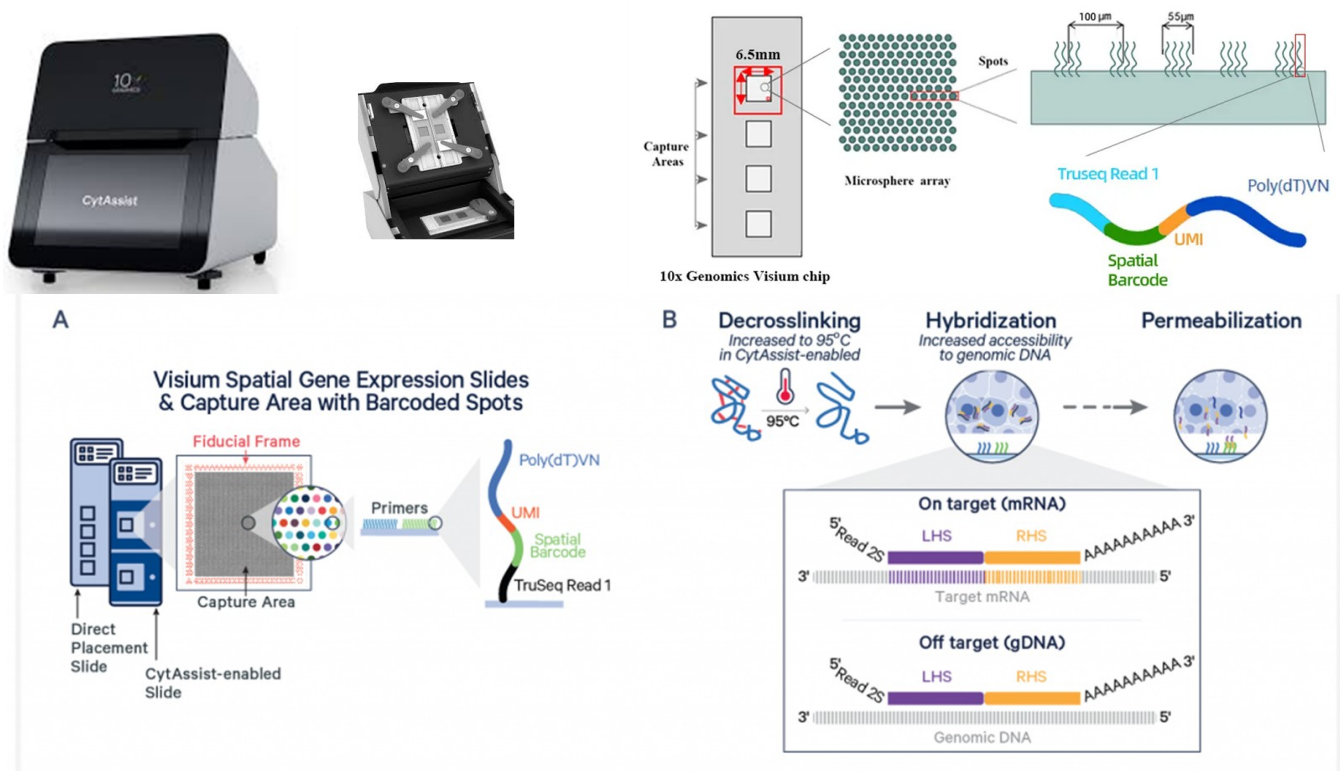
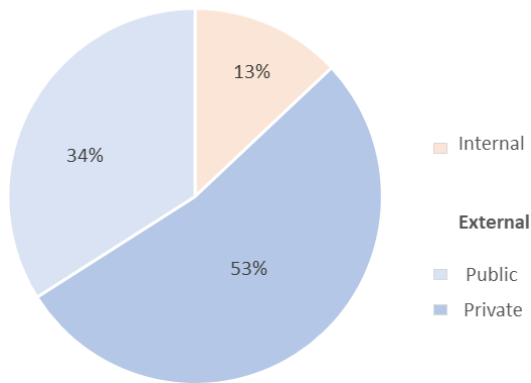


Figure 1. Comparing Direct placement and CytAssist-enabled assays. **A.** The spot size and resolution on the slides are identical between the two assays. **B.** The decrosslinking temperature is increased to 95°C in the CytAssist-enabled assay. Partially single stranded and fragmented gDNA onto which RTL probes can be ligated are released during the hybridization step, followed by probe capture on the Visium slide, leading to a low to moderate gDNA signal.

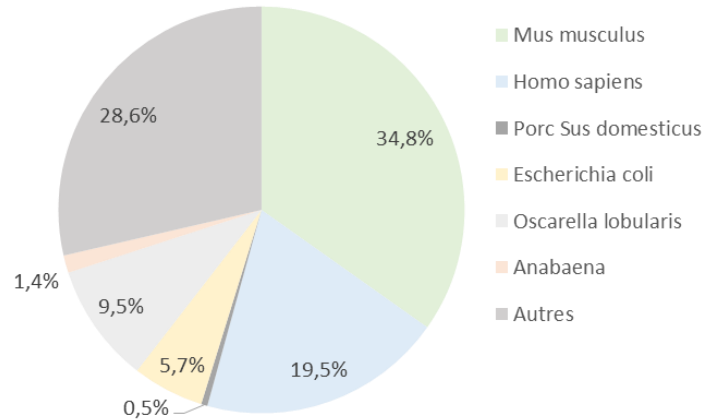
10X Genomics

Bilan des prestations 2024

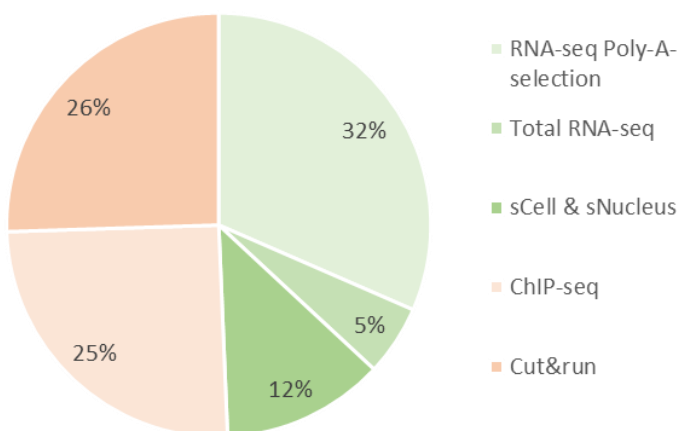
Distribution of services



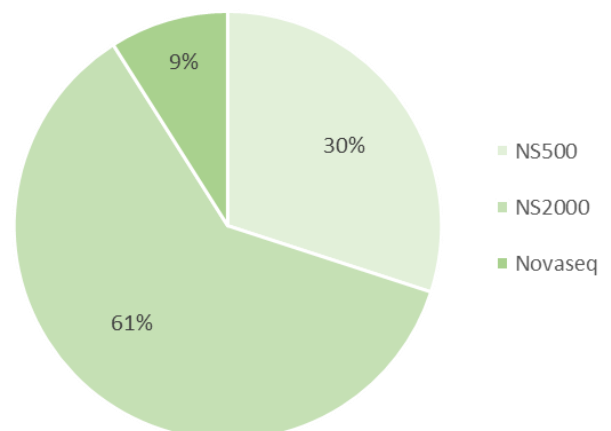
Distribution of samples vs. species



Type of sequenced experiments



Number of runs/sequencer



Valorisation et visibilité

La plateforme valorise ses résultats à travers la publication de travaux dans des **journaux internationaux à comités de lecture**. Par ailleurs, plusieurs actions permettent de valoriser l'activité de la plateforme en augmentant la visibilité. Ainsi, en plus de notre **site web** (<http://bit.ly/tgml-tagc>) l'activité de notre plateforme est visible sur le site d'**IBISA** (<https://www.ibisa.net/>), de **France génomique** (<https://www.france-genomique.org/>), d'**Aix-Marseille Université** (les plateformes technologiques d'Aix Marseille Université, (<http://bit.ly/tgml-amu>) ainsi que sur le site des **infrastructures de l'Inserm** (<https://infrastructures.inserm.fr/>). Les contenus sont régulièrement actualisés.

Publications 2023 - 2024

Differential transcript usage across mammalian oocytes at the germinal vesicle and metaphase II stages

Thanida Sananmuang 1, Denis Puthier 2, Catherine Nguyen 2, Kaj Chokeshaiusaha 3

DOI: 10.1016/j.theriogenology.2023.11.016

Cross-species analysis of differential transcript usage in humans and chickens with fatty liver disease

Kaj Chokeshaiusaha 1, Thanida Sananmuang 1, Denis Puthier 2, Catherine Nguyen 2

DOI: 10.14202/vetworld.2023.1964-1973

Single-Cell Transcriptome Analysis of Acute Myeloid Leukemia Cells Using Methanol Fixation and Cryopreservation

Lamia Madaci 1, Charlyne Gard 1, Sébastien Nin 1, Alexandre Sarabay 1, Céline Baier 2, Geoffroy Venton 1 3, Pascal Rihet 1, Denis Puthier 1, Béatrice Lloriod 1, Régis Costello 1 3

DOI: 10.3390/diseases12010001

ATAD2 controls chromatin-bound HIRA turnover

Tao Wang (1), Daniel Perazza (1), Fayçal Boussouar (1), Matteo Cattaneo (1), Alexandre Bougdour (1), Florent Chuffart (1), Sophie Barral (1), Alexandra Vargas (1), Ariadni Liakopoulou (1), Denis Puthier (2, 3), Lisa Bargier (2, 3), Yuichi Morozumi (1, 4), Mahya Jamshidikia (1), Isabel Garcia-Saez (5), Carlo Petosa (5), Sophie Rousseaux (1), A Verdel (1), Saadi Khochbin (1)

DOI: 10.26508/lsa.202101151

Nucleoside diphosphate kinases 1 and 2 regulate a protective liver response to a high-fat diet

Domenico Iuso (1), Isabel Garcia-Saez (2), Yohann Couté (3), Yoshiki Yamaryo-Botté (1), Elisabetta Boeri Erba (2), Annie Adrait (3), Nour Zeaiter (4), Malgorzata Tokarska-Schlattner (4), Zuzana Macek Jilkova (1, 5), Fayçal Boussouar (1), Sophie Barral (1, 4), Luca Signor (2), Karine Couturier (4), Azadeh Hajmirza (1), Florent Chuffart (1), Ekaterina Bourouva-Flin (1), Anne-Laure Vitte (1), Lisa Bargier (6, 7), Denis Puthier (6, 7), Thomas Decaens (1, 5), Sophie Rousseaux (1), Cyrille Botté (1), Uwe Schlattner (4), Carlo Petosa (2), Saadi Khochbin (1)

DOI: 10.1126/sciadv.adh0140

The Contribution of Multiplexing Single Cell RNA Sequencing in Acute Myeloid Leukemia

Lamia Madaci 1, Charlyne Gard 1, Sébastien Nin 1, Geoffroy Venton 1 2, Pascal Rihet 1, Denis Puthier 1, Béatrice Lloriod 1, Régis Costello 1 2

DOI: 10.3390/diseases11030096

Defining Anorectal Transition Zone Heterogeneity Using Single-Cell RNA Sequencing

Mitoyan L, Gard C, Nin S, Lloriod B, Guasch G.

https://doi.org/10.1007/978-1-0716-3076-1_8

In Vivo Model for Isolating Epithelial Cells of the Anorectal Transition Zone

Mitoyan L, Gard C, Nin S, Lloriod B, Guasch G.

https://doi.org/10.1007/978-1-0716-3076-1_4

Contacts

Adresse: Parc Scientifique de Luminy, Bâtiment TPR2, case 928
 163 Avenue de Luminy
 13288 MARSEILLE cedex 09

Téléphone : 04.91.82.87.13 / 06.17.25.70.34

Messagerie : tgml.tagc@inserm.fr