

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).*



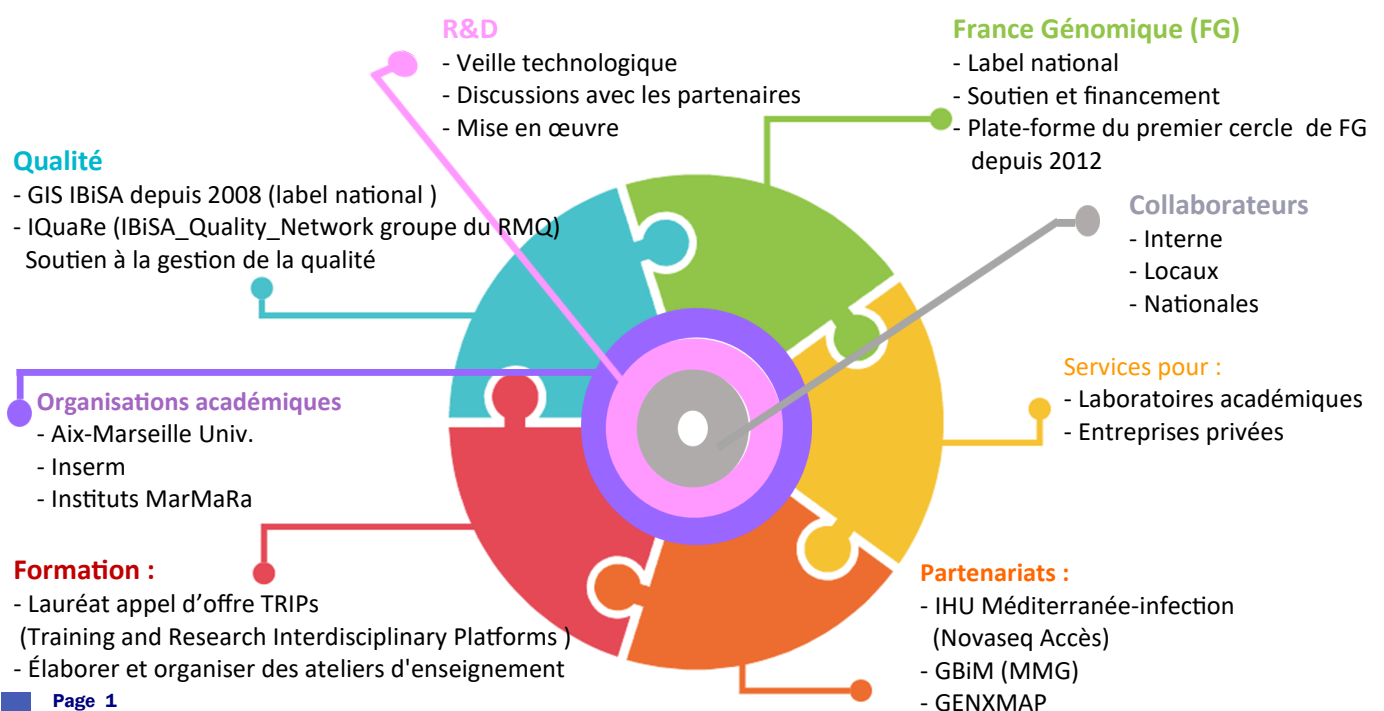
*L'ensemble de l'activité de la plateforme est certifiée ISO 9001:2015 et NFX 50-900:2016. Le système de management de la qualité concerne : Expertise, Recherche et Développement en génomique et bioinformatique dans les sciences du vivant. Renouvellement de la certification en décembre 2024.*



PLATEFORME  
TECHNOLOGIQUE  
AIX-MARSEILLE

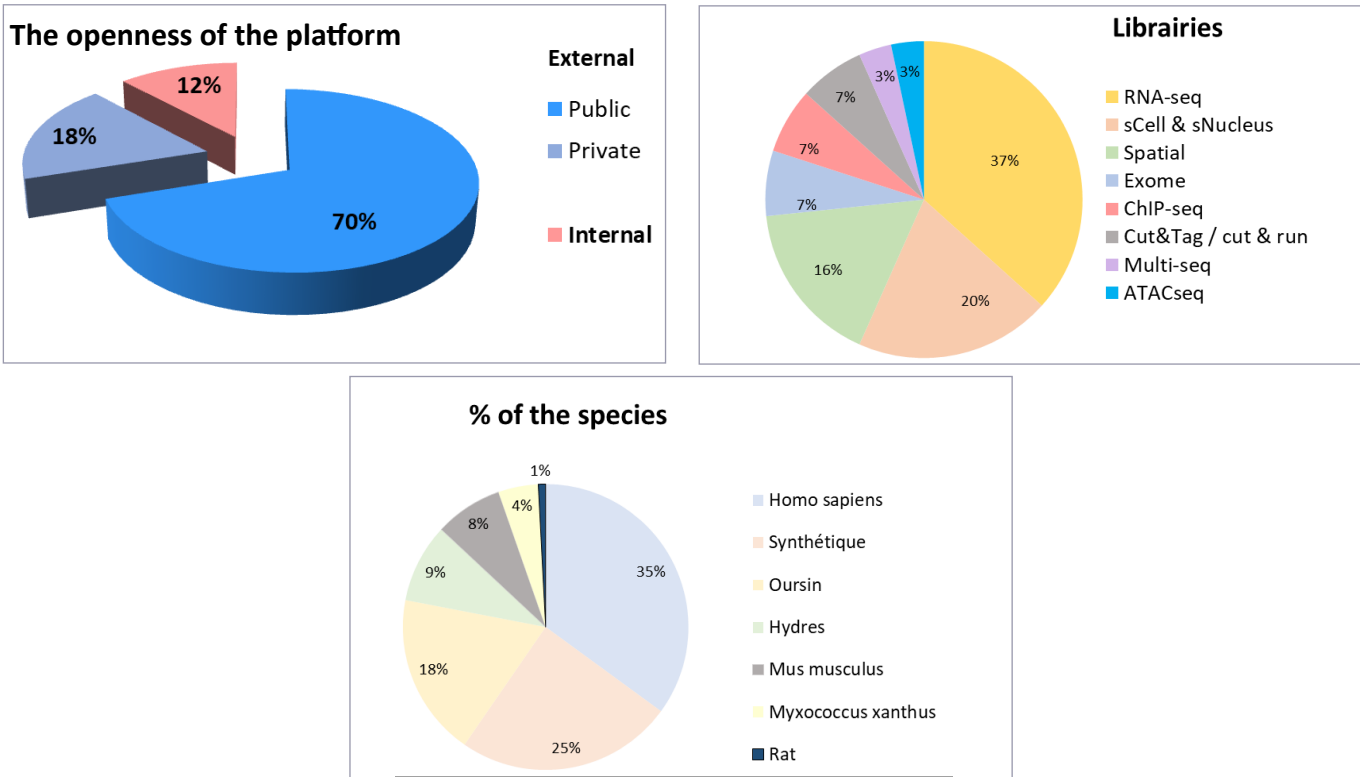
*La plateforme a obtenu le label « Plateforme technologique Aix-Marseille » en 2016 et son renouvellement en janvier 2025 pour une durée de trois ans.*

**Ce numéro est pour nous l'occasion de présenter les différentes activités de la plateforme, de dresser un bilan de 2025 et de donner les perspectives pour 2026.**



# Bilan 2025

## Prestations et collaborations en 2025 :

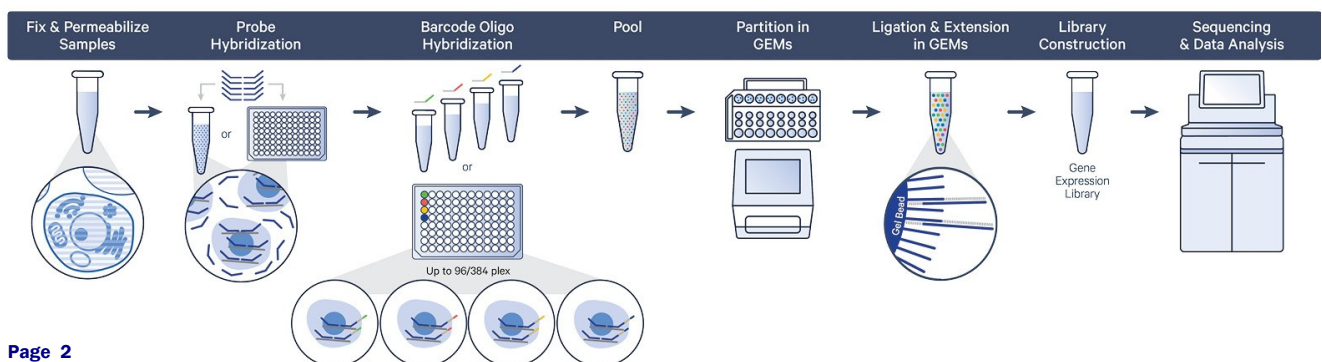


## Valorisation et visibilité :

- ◆ **Evènement : 10 ans de certification norme ISO 9001/NFX 50 : 900 Valorisé par l'Inserm** : <https://pro.inserm.fr/la-plateforme-tgml-tagc-inserm-amu-celebre-10-ans-de-certification-iso-9001-nf-x50-900>
- ◆ Obtention du renouvellement du Label « Plateforme technologique Aix-Marseille » pour 3 ans.

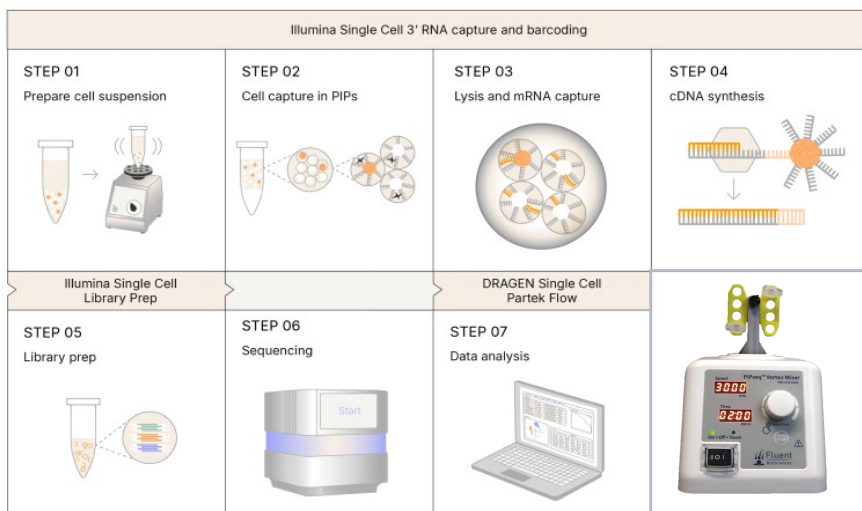
## Développements :

- ◆ **1) Après avoir testé le kit Flex de 10x Genomics, nous le proposons en prestation. Ce kit offre une grande flexibilité pour l'analyse transcriptomique en cellule unique, en permettant de travailler à partir d'échantillons fixés. Il facilite la planification des projets tout en conservant la robustesse et la sensibilité de cette technologie.**



- ◆ 2) Afin de proposer une alternative à la technologie de 10X Génomics pour l'analyse transcriptomique à l'échelle de la cellule, nous avons testé le kit d'Illumina : **single cell 3' RNA Prep**.

Cette approche repose sur l'utilisation de Particle-templated Instant Partitions (PIPs) qui permet le marquage et la séparation des cellules uniques capturées dans une émulsion par simple agitation au vortex, sans dispositif micro-fluidique, puis synthèse d'ADNc et de la préparation de la librairie pour le séquençage. Ce kit propose plusieurs conditionnements en fonction du nombre de cellules que l'on souhaite récupérer (>2000, >10000, >20000, >100000).



**But du projet R&D :**

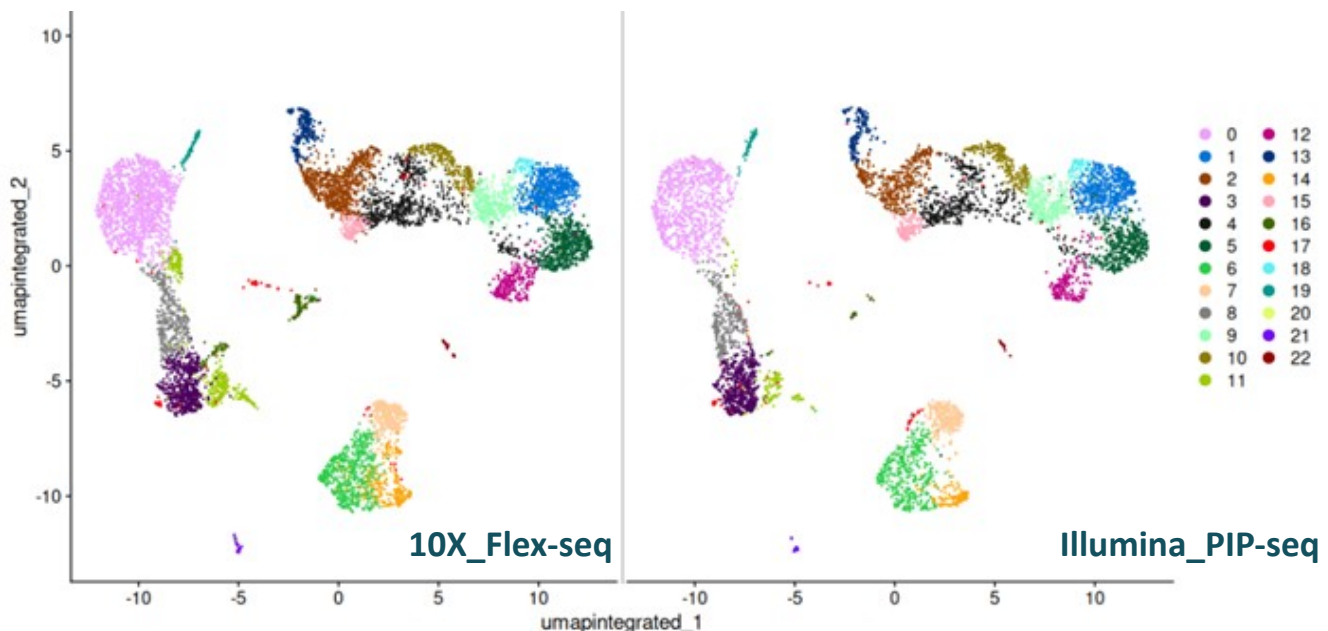
Comparer les résultats obtenus avec les 2 technologies :

*Illumina :*

- Single Cell 3' RNA capture

*10X Genomics :*

- Chromium GEM-X Flex .



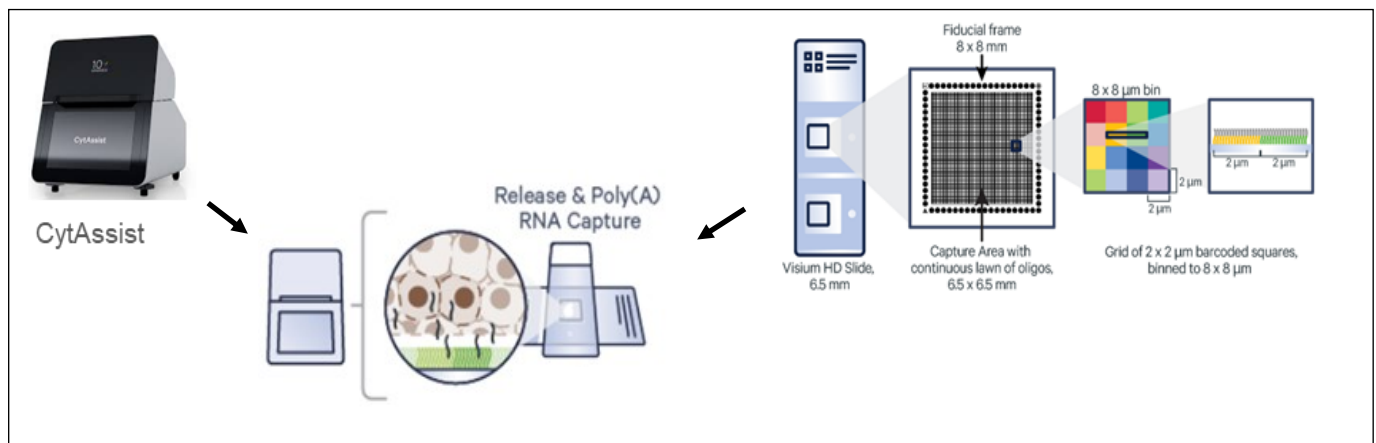
**Conclusion :** Les mêmes échantillons donnent des résultats comparables avec les 2 approches (Illumina polyA vs 10X sondes).

**Ce nouveau kit va être proposé en prestation**

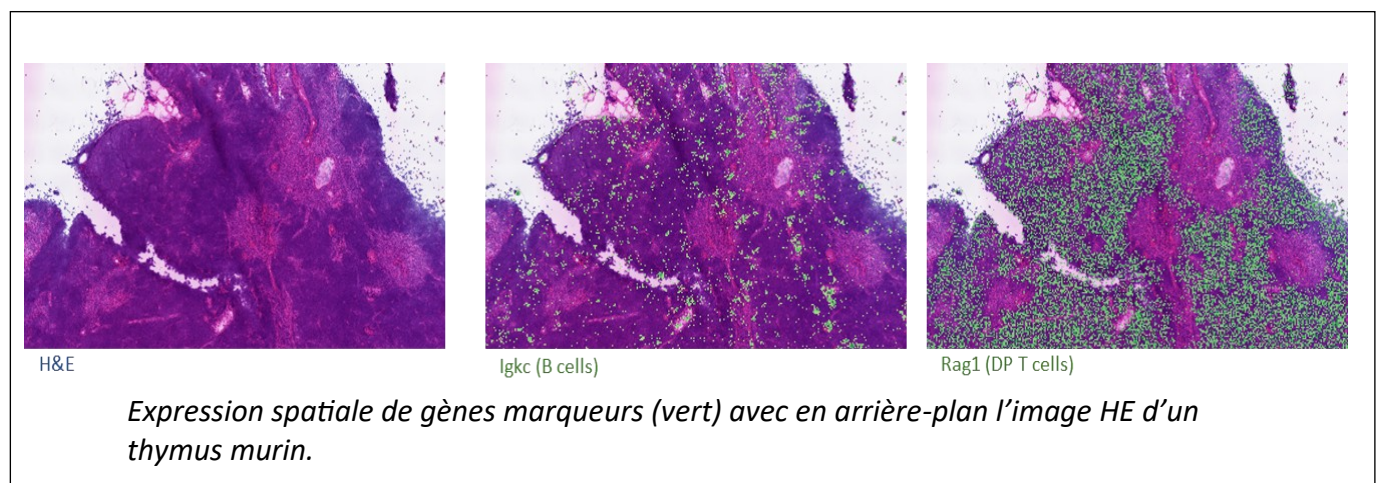
### ◆ 3) Transcriptomique spatiale avec Visium HD de 10X Genomics

**Principe :** La technologie Visium HD de 10X Genomics permet l'exploration de l'expression génique spatiale à haute définition à partir de coupe de tissus frais ou fixé.

Le tissu, placé sur une lame histologique classique est mis en contact avec une lame Visium HD qui contient deux zones de captures de 6.5 mm<sup>2</sup>. Chaque zone contient des oligonucléotides qui capturent l'ARN directement (ou indirectement via le biais de sonde d'hybridation) et permettent de lui rattacher un code-barres spatiale unique. Après séquençage du matériel récolté, le code-barres est déchiffré pour attribuer l'origine spatiale de chaque molécule d'ARN. L'alignement du tissu et de la zone de capture est facilité par l'instrument CytAssist. L'espacement des oligos de capture est de 2 µm permettant une résolution quasiment à la cellule unique.



**Mise en place :** Acquisition du CytAssist en début d'année 2025. Première manipulation sur des coupes de thymus murin en collaboration avec l'équipe de Magali Irla (CIML). Le thymus comporte une forte hétérogénéité de types cellulaires. Cette première expérience a permis aux ingénieurs de se familiariser avec le cytAssist.

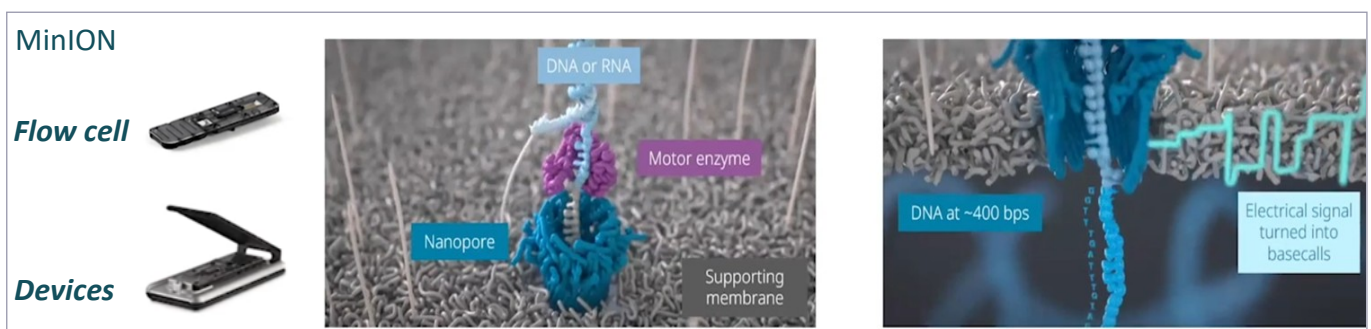


## Perspectives pour 2026

### 1) Tester la spatiale transcriptomique sur :

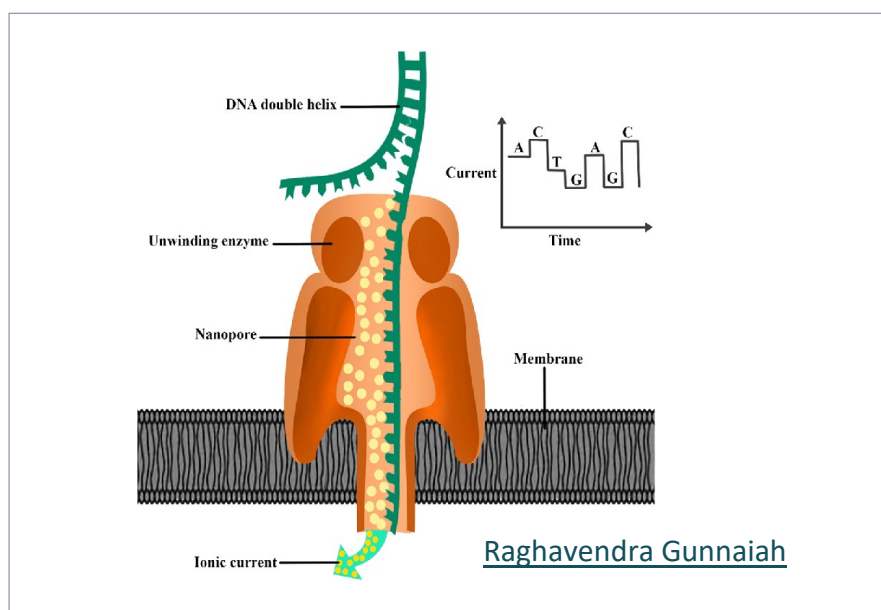
- ◆ Tissus frais (fresh frozen) : solution Visium HD 3' ou HD WT Panel (humain & murin).
- ◆ Tissus FFPE : solution Visium HD WT Panel (humain et murin).

### 2) R&D : Mise en place du séquençage long read avec le MinION d'Oxford Nanopore



Nous voulons mettre en place la **technologie de long-read avec le MinION d'Oxford Nanopore Technologies**, qui offre la possibilité de séquencer du matériel génétique sans amplification.

Le séquençage d'ADN ou d'ARN sur MinION (Oxford Nanopore Technologies) permet de générer des lectures de 10 à 100kb en long read et jusqu'à 300kb pour de l'ultra long read.



### 3) Mettre en place le kit d'illumina « single cell 3' RNA Prep » sur cellules fixées.

Afin de proposer une alternative à la technologie de 10X Génomics pour l'analyse transcriptomique à l'échelle de la cellule, nous avons validé le kit d'illumina (single cell 3' RNA Prep) sur cellules fraîchement décongelées et nous souhaitons **tester ce kit sur cellules fixées**, ce qui permettra aux collaborateurs de fixer leurs échantillons au fil du temps et de faire la fabrication des bibliothèques en une seule fois, réduisant le coût grâce au multiplexage.

### 4) Transfert technologique et pédagogique : Bring your Own Samples

Appel à candidature, 2 sessions/an (printemps et automne) pour offrir l'opportunité de participer à une formation approfondie sous la forme d'un atelier complet, couvrant pas à pas la méthode de bulk RNA-seq sur ses propres échantillons (de 1 à 8)

#### Qui peut postuler ?

Cet atelier est ouvert aux Master 2, doctorants et chercheurs en début de carrière. Les projets exploratoires et collaboratifs sont favorisés.

The banner features the logo of amU MarMaRa Aix Marseille Université at the top. Below it, a large blue diagonal banner contains the text 'NEW CALL FOR TRAINING' in white, followed by 'Bring your Own Samples: bulk RNA-seq WORKSHOP' in white. An illustration shows two scientists in white lab coats, one pointing at a laptop and the other at a DNA double helix structure. A circular logo with a white DNA double helix on a black background is in the bottom right corner. At the bottom, a URL provides more details.

amU MarMaRa  
Aix Marseille Université

**NEW** CALL FOR TRAINING

Bring your Own Samples:  
**bulk RNA-seq**  
**WORKSHOP**

All the details <https://institut-marmara.univ-amu.fr/en/calls-for-projects-offers/our-opportunities/call-projects-bring-samples-bulkRNAseq-workshop>

## Publications 2024 - 2025

Distinct Inflammatory Responses of hiPSC-Derived Endothelial Cells and Cardiomyocytes to Cytokines Involved in Immune Checkpoint Inhibitor-Associated Myocarditis. Conte S, Firoaguer I, Lledo S, Tran TT, El Yazidi C, Simoncini S, Rebaoui Z, Guiol C, Chevillard C, Guieu R, Puthier D, Thuny F, Cautela J, Lalevée N. *Cells*. **2025** Sep 7;14(17):1397. PMID: 40940808

SciGeneX: enhancing transcriptional analysis through gene module detection in single-cell and spatial transcriptomics data. Bavais J, Chevallier J, Spinelli L, van de Pavert SA, Puthier D. *NAR Genom Bioinform*. **2025** Apr 17;7. PMID: 40248490

Using multiomic integration to improve blood biomarkers of major depressive disorder: a case-control study. Mokhtari A, Ibrahim El-C, Gloaguen A, Barrot CL, Cohen D, Derouin M, Vachon H, Charbonnier G, Loriod B, Decraene C, Yalcin I, Bruno Etain CMC, Belzeaux R, Delahaye-Duriez A, Lutz Pe. **2025** Fev. PMID: 39914267

A hybrid 1DCNN-GRU deep learning framework for classifying caprine granulosa cell fertility potential using single-cell transcriptomics. Sananmuang T, Puthier D, Chokeshaiusaha K. *vet World*. **2025** Jul. PMID: 40926859

Development of a deep learning-based 1D convolutional neural network model for cross-species natural killer T cell identification using peripheral blood mononuclear cell single-cell RNA sequencing data. Chokeshaiusaha K, Sananmuang T, Puthier D, Kedkovid R. *vet World*. **2024** Dec. PMID: 39897371

RANKL treatment rejuvenates thymic function and improves T-cell mediated immune responses during aging. Santamaria JC, Chevallier J, Dutour L, Picart A, Kergaravat C, Cieslak A, Amrane M, Vincentelli R, Puthier D, Clave E, Sergé A, Cohen-Solal M, Toubert A, Irla. *Science Translational Medecin*. **2024** Dec. PMID: 39630886

Differential transcript usage across mammalian oocytes at the germinal vesicle and metaphase II stages. Sananmuang T, Puthier D, Nguyen C, Chokeshaiusaha K. **2024** Fev. PMID: 37995439

## 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

Mail : [tgml.tagc@inserm.fr](mailto:tgml.tagc@inserm.fr)

Direction TAGC : Christophe Chevillard

Responsables plateforme : Béatrice Loriod & Denis Puthier

