Newsletter_Février 2025

(English version below)

Plateforme Génome et Transcriptome

Site GeT-TRiX

Une question ? un projet ? un développement ? L'équipe de la plateforme avec Claire Naylies, Yannick Lippi et Gaëlle Payros (de gauche à droite) peut surement vous aider.

Contactez-nous : get-trix@genotoul.fr

Retour sur l'année 2024

le plateau a mis en service **2 nouveaux protocoles** pour l'étude du transcriptome permettant :

- **Etude des petits ARN (dont miRNA)** : 2 projets pilotes, 4 projets, 215 échantillons, différents organismes (Homme, Plante, Bactérie, Champignon, Brebis) et matrices variées (Plasma, Rhizosphère, Exsudat, Cellule en culture, Liquide folliculaire, Milieu de culture).
- **Etude du transcriptome entier (ARN codants et non codants)** : 2 projets, 136 échantillons, 2 organismes (homme, souris), 2 matrices (Cellules en culture et Foie).

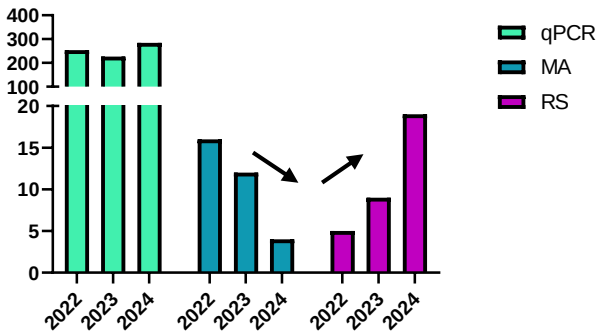
Formations aux équipements du plateau (Dropsense, TapeStation, Nanodrop, Robot Bravo, QS5) :

- 20 formations initiales
- 11 renouvellements de formations
- 13 personnes

↗ **des projets RNAseq** (815 échantillons en 2024)
↘ **du prix du séquençage** grâce à une nouvelle chimie Illumina

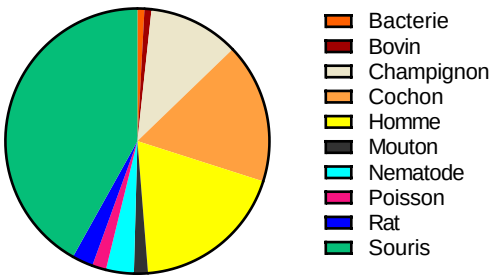
↘ **des projets Microarray** (104 échantillons en 2024)

Nombre de projets/runs

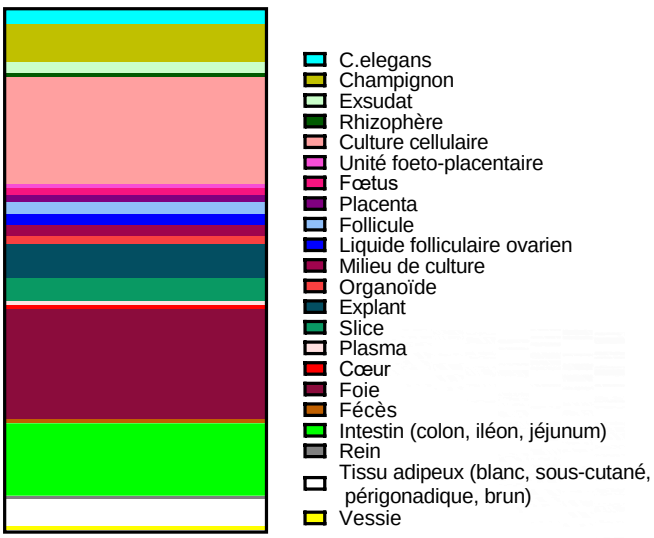


Bilan des échantillons analysés sur le plateau en prestations ou par les utilisateurs.

Organismes



Matrices



Communications du plateau en 2024

Journées d'animation scientifique du département Santé Animale :

- **Présentation orale** par Yannick Lippi *« Le plateau GeT-TRiX : des services d'analyses transcriptomiques "clés en main" ».*
- **Poster** par Gaëlle Payros, Claire Naylies et Yannick Lippi *« Plateau GeT-TRiX : Services intégrés d'analyses transcriptomiques »*

Lien vers le Poster

Réunion utilisateur du bravo *pour la préparation des plaques 384 puits qPCR* par Claire Naylies.

Communication dans les équipes de recherche par Gaëlle Payros : *Présentation des activités et retours des besoins transcriptomiques.*

On vous a entendu …

Mise en place d'une base de données commune à Toxalim rassemblant les gènes cibles en qPCR sur Sharepoint Base Donnees Primers

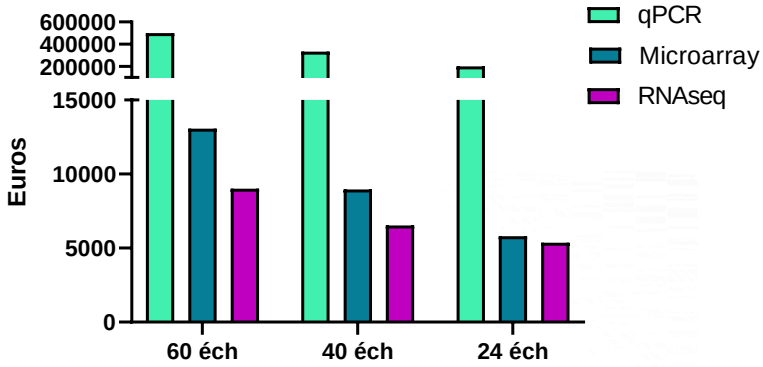
Métagénomique sur le plateau ? actuellement ce n'est pas une activité que nous pouvons développer car nécessité d'avoir 2 pièces de laboratoire en plus pour séparer la transcriptomique de la métagénomique. Pour vos projets, contacter Get-Biopuces sur le campus de l'INSA biopuces@insa-toulouse.fr

Single Cell RNAseq sur Toxalim ? *en cours de réflexion*, actuellement pour vos projets contacter Get-Santé sur le site de l'I2MC. Nous pouvons vous accompagner et faire le lien avec l'équipe get-sante@genotoul.fr

Transcriptomique Spatiale sur Toxalim ? la technologie est en développement sur Get-santé sur le site de l'I2MC, un séminaire est prévu prochainement lors d'un Café des Sciences en Avril 2025, venez nombreux. Nous pouvons vous accompagner et faire le lien avec l'équipe get-sante@genotoul.fr

Beaucoup d'interrogations budgétaires des chercheurs : Collaboration ? Partenariat ? Tout est envisageable, Yannick Lippi pourra vous renseigner lors du montage du projet.
Garder en tête de prévoir une ligne « Prestations » pour du RNAseq car le séquençage est réalisé sur des plateformes partenaires.

Vous êtes beaucoup à vous demander **le coût des différentes technologies** :
Voici une estimation pour **l'analyse ciblée d'environ 20000 gènes en qPCR** versus une **analyse sans *a priori* Microarray et RNAseq classique**.

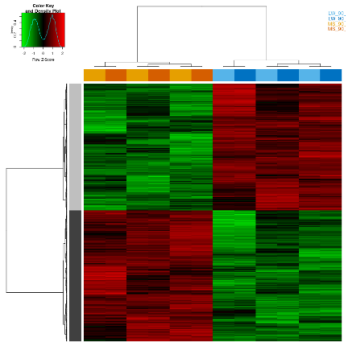


Nouveautés 2025

Mise en service d'un nouveau protocole de préparation de librairies pour étudier les ARNs polyadénylés :

QuantSeq 3' mRNA-Seq de chez LEXOGEN

Idéal et suffisant pour faire de l'analyse différentielle d'expression de gènes



- Applicable à partir d'ARN total de **haute et faible qualité**
- Génération d'un seul fragment par transcrit
- **Séquençage rationalisé des queues 3'** des transcrits et non des transcrits pleine longueur
- Abordable en termes de coûts/masse de données **(profondeur de séquençage ↘)**
- Applicable sur un **grand nombre d'individus**
- **Performant sur sang total** via l'utilisation de « bloqueurs de globuline » (disponible pour humain et cochon)

Intérêt pour RNAseq sur le sang de souris ? Rat ? N'hésitez pas à venir nous voir, nous recherchons des échantillons d'ARN pour des tests.

En termes de **développements technologiques**, nous concentrons nos efforts pour minimiser l'impact environnemental de nos activités. Au cours des prochains mois nous aurons à cœur de continuer à optimiser nos protocoles pour aller vers davantage de **miniaturisation** tout en garantissant la qualité des résultats. En plus de **réduire le coût des analyses pour les biologistes**, ce projet s'inscrit dans la **responsabilité sociétale et environnementale (RSE)** en réduisant les frais environnementaux liés à la préparation des échantillons, la production des réactifs, l'envoi des réactifs, la réduction des consommables et des déchets produits.

Infos pratiques : où trouver les infos sur le serveur ?

- **Programme de qPCR** : O:\E23\DocumentsCommuns\EN-TRIX-QP-PROTO
- **Suivi des dépenses** qui vous permet de suivre les expérimentations faites sur le plateau sur le serveur : O:\E23\DocumentsCommuns\Facturations Dossier équipe\Année2025\FichierEN-TRIX-BUDG-EXX
- **Tarifs :** O:\E23\DocumentsCommuns\Tarifs

UMR 1331 Toxalim
INRAE/ENVT/INP-EI Purpan/UT3
180 chemin de Tournefeuille, BP 93173
31027 TOULOUSE

INRAE - GeT-TRiX, 2025

Newsletter_February 2025

Plateforme Génome et Transcriptome

Site GeT-TRiX

A question? A project? A development? The platform team with Claire Naylies, Yannick Lippi and Gaëlle Payros (from left to right) can surely help you.

Contact us : get-trix@genotoul.fr

Back at 2024

The platform has put into service **2 new protocols** for transcriptome studies :

- **Study of small RNAs (including miRNA) :** 2 pilot projects, 4 projects, 215 samples, different organisms (Human, Plant, Bacteria, Fungus, Sheep) and various matrix (Plasma, Rhizosphere, Exudate, Cell culture, Follicular fluid, Culture medium).
- **Study of whole transcriptome (coding and non-coding RNA) :** 2 projects, 136 samples, 2 organisms (Human, Mouse), 2 matrix (Cell culture and Liver).

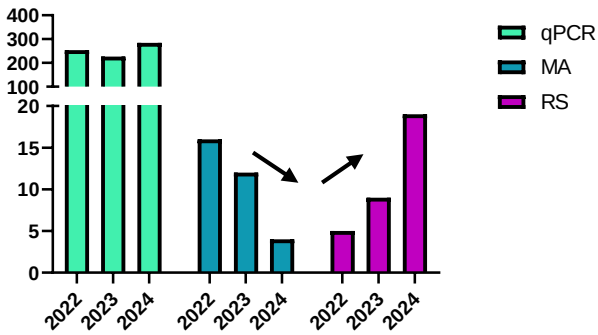
Training on the platform's equipment (Dropsense, TapeStation, Nanodrop, Robot Bravo, QS5) :

- 20 initial training
- 11 training updates
- 13 people

↗ **RNAseq projects** (815 samples en 2024)
↘ **sequencing price** thanks to new Illumina chemistry

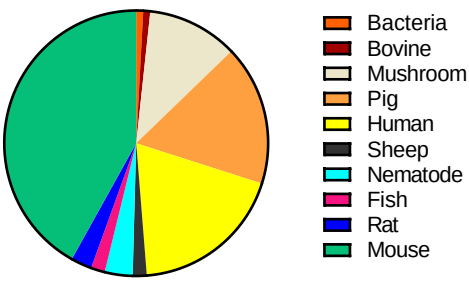
↘ **Microarray projects** (104 samples en 2024)

Number of projects/runs

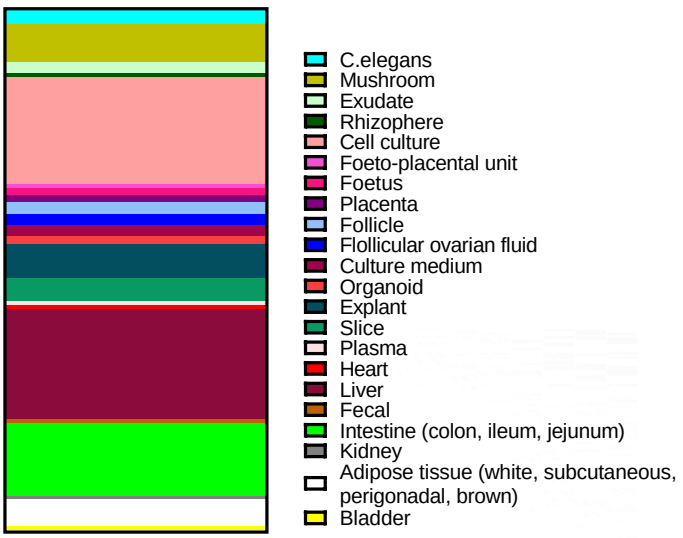


Summary of samples analyzed on the service plateform or by users

Organisms



Matrix



Communications from 2024

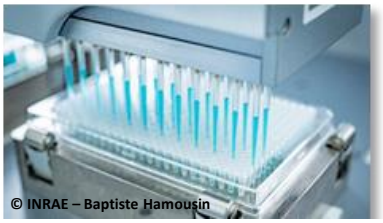
Journées d'animation scientifique du département Santé Animale :

- **Oral presentation** by Yannick Lippi « *GeT-TRiX plateform : Integrated transciptomic analysis services* ».
- **Poster** by Gaëlle Payros, Claire Naylies et Yannick Lippi « *Plateau GeT-TRiX : Integrated transciptomic analysis services* »

Link to poster

Bravo meeting for users *for 384-well qPCR plate preparation by* Claire Naylies.

Communication with research teams by Gaëlle Payros : *Presentation of activities and feedback on transcriptomics needs.*



We heared you …

Setting up a shared Toxalim database of qPCR target genes on Sharepoint Base Donnees Primers

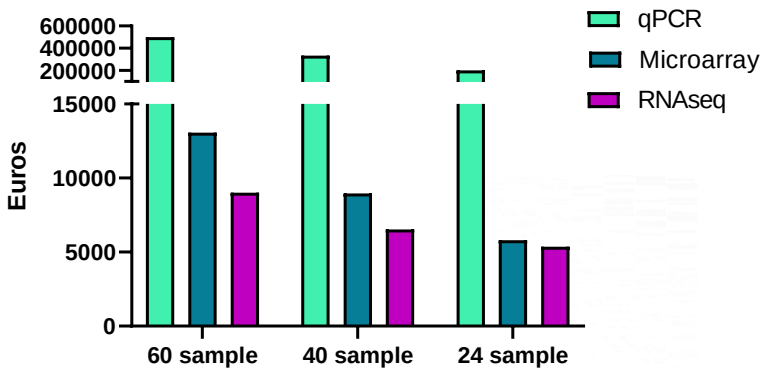
Metagenomics on the plateform ? At present, this is not an activity we can develop, as we need 2 additinal laboratory rooms to separate transcriptomics from metagenomics. For yours projects, contact Get-Biopuces on the INSA campus biopuces@insa-toulouse.fr

Single Cell RNAseq at Toxalim ? *under consideration*, currently for your projects contact Get-Santé at the I2MC site. We can support you with the team get-sante@genotoul.fr

Spatial Transcriptomics at Toxalim ? The technology is in development on Get-santé at the I2MC site and a seminar is planned for April 2025 during a Café des Sciences. We can support you with the team get-sante@genotoul.fr

Many budgetary questions from researchers : Collaboration? Partnership? Everything is possible. Yannick Lippi will be able to advise you on this when setting up your project. Remember to include a "services" budget line for RNAseq, as sequencing is carried out on partner platforms.

Many of you are wondering about **the cost of different technologies** : Here is an estimate for the **targeted analysis** of around 20,000 genes in qPCR versus a **no-priori analysis in Microarray and conventional RNAseq**.

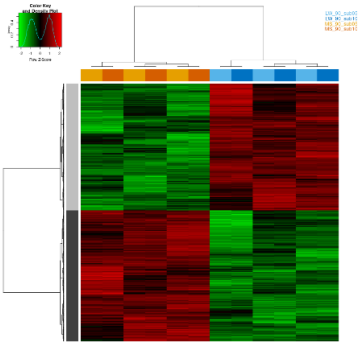


What's new in 2025

New library preparation protocol to study polyadenylated RNAs :

QuantSeq 3' mRNA-Seq from LEXOGEN

Ideal and sufficient
for differential gene expression analysis



- Applicable from **high and low quality total RNA**
- Generation of a single fragment per transcript
- **Exclusive sequencing of 3' transcrit tails** and not full-lengt transcripts
- Affordable and less data mass **(sequencing depth ↘)**
- Applicable to a **large number of individuals**
- **Efficient on whole blood** using "globulin blockers" (available for human and pig)

Interest for RNAseq on mouse blood ? Rat blood ? Do not hesitate to come see us, we're looking for RNA samples for testing.

In terms of **technological development**, we focus our efforts on minimizing the environmental impact of our activities. Over the next few months, we will be continuing to optimize our protocols in order to move towards greater **miniaturization**, while guaranteeing the quality of our results. In addition **to reducing the cost of analyses for biologists**, this project is part of **social and environmental responsibility (CSR) policy**, by reducing the environmental costs associated with sample preparation, reagent production, reagent sending, and the reduction of consumables and waste produced.

Practical info : where to find server info ?

- **qPCR program** : O:\E23\DocumentsCommuns\EN-TRIX-QP-PROTO
- **Expense tracking on Get-TRiX** :
O:\E23\DocumentsCommuns\Facturations Dossier équipe\Année2025\FichierEN-TRIX-BUDG-EXX
- **Prices :** O:\E23\DocumentsCommuns\Tarifs

UMR 1331 Toxalim
INRAE/ENVT/INP-EI Purpan/UT3
180 chemin de Tournefeuille, BP 93173
31027 TOULOUSE

INRAE - GeT-TRiX, 2025