

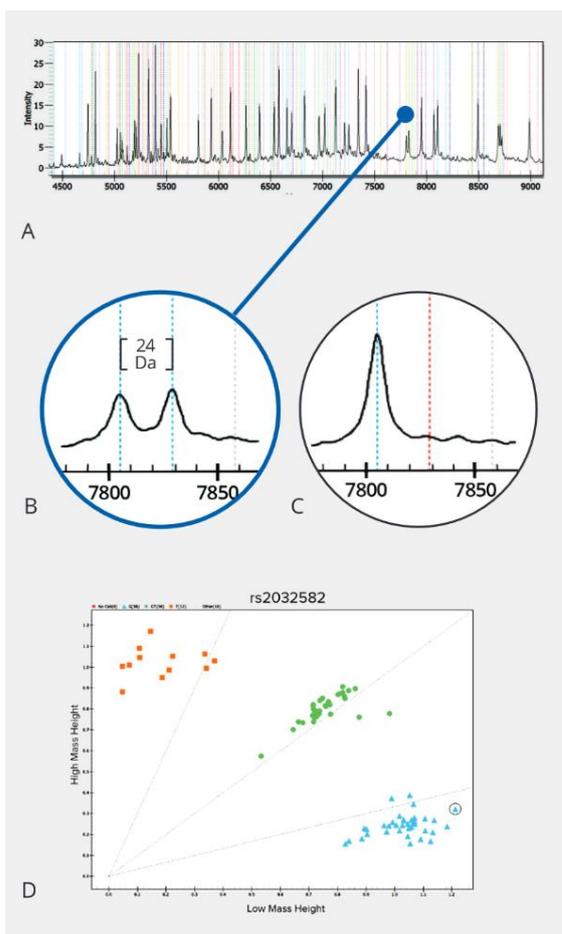
Une nouvelle chimie et une nouvelle flow cell pour le NextSeq 2000 !

Le 18 mars, Illumina a lancé la commercialisation de sa nouvelle flow cell P4 sur le NextSeq 2000, intégrant pour la première fois sur ce séquenceur la nouvelle chimie XLEAP-SBS. Cette chimie améliore encore la qualité des données produites (désormais proche de Q40), offre des temps de runs réduits de 20 % et un coût au Gb bien inférieur à la chimie classique SBS. A titre d'exemple, en 2x150 pb, la P4 XLEAP-SBS propose un coût au Gb inférieur de 34 % par rapport à la P3 standard.

La flow cell P4 XLEAP-SBS produit 1.8 milliard de séquences et existe sous 4 configurations : 50 cycles (90 Gb), 100 cycles (180 Gb), 200 cycles (360 Gb) et 300 cycles (540 Gb). Elle offre la possibilité d'analyser plus d'échantillons dans un même run, réduisant le coût par échantillon. La chimie XLEAP-SBS sera déployée sur les puces P1, P2 et P3 avant cet été sur le NextSeq 2000, ce qui permettra de proposer à nos utilisateurs des données de meilleure qualité, à des prix inférieurs.



Baisse des prix sur les puces MassARRAY



Dans un contexte d'inflation généralisée, Agena Bioscience a fait le choix de baisser le coût de sa solution de génotypage SNP par spectrométrie de masse de plus de 10 % au début de l'année 2024. Nous avons répercuté cette baisse afin d'en faire bénéficier nos utilisateurs, qui pourront ainsi, analyser plus d'échantillons ou plus de marqueurs pour un coût identique, ou bien réduire le coût de leur projet.

La technologie de génotypage MassARRAY permet d'analyser rapidement des panels de 30 à 40 SNP ou INDEL sur plusieurs dizaines ou centaines d'échantillons. Plusieurs configurations sont possibles sur une même puce : 380 échantillons sur 10 à 40 SNP/INDEL, 190 échantillons sur 40 à 80 SNP/INDEL, 95 échantillons sur 80 à 160 SNP/INDEL. Deux puces peuvent être analysées simultanément.

C'est une technologie moyen débit parfaitement adaptée aux besoins de génotypage sur un nombre réduit de marqueurs informatifs, pour les applications ne nécessitant pas plusieurs milliers de SNP.

En génotypage de routine, l'analyse d'un point de génotypage commence à 0.10 € par échantillon et par SNP.

Forte de ses 12 années d'expérience sur cette technologie et plus de 13 millions de points de génotypage générés, la PGTB vous accompagnera dans le développement de vos panels de génotypage ou l'analyse en routine de vos panels préexistants.

Retour sur l'année 2023

Au cours de l'année 2023, la PGTB a réalisé 102 projets pour un budget total de 711 k€ (+21 % par rapport à 2022), pour 36 équipes de recherche, dont la moitié qui a fait appel à nos services pour la première fois. Ces projets, pour la plupart d'ampleur nationale, ont principalement concerné le metabarcoding (34 %), le SSRseq (16 %) et le WGS (14 %) et portaient sur des modèles biologiques très variés (bactéries et champignons des microbiotes, animaux, végétaux, humains, virus, ...).

L'année passée a en outre confirmé la montée en puissance de notre séquenceur Illumina NextSeq 2000 avec +140 % de runs par rapport à l'année précédente, et une forte hausse du nombre de runs en *ready-to-load* (bibliothèques de séquençage préparées par les utilisateurs), un mode de prestation qui permet de rendre les résultats de séquençage en deux à quatre semaines seulement. Les nouveaux projets de metabarcoding sont aujourd'hui principalement réalisés sur le NextSeq 2000 qui offre, pour un prix de run très proche du MiSeq qui était classiquement utilisé, plus de données, de meilleure qualité, et avec la même longueur (jusqu'à 2x300 pb sur les flow cell P1 et P2).

Cette année 2023 a également confirmé la forte implication de la PGTB dans la formation continue avec près de 200 étudiants accueillis dans nos locaux (collège, lycée, BTS, licence professionnelle, master, doctorat), leurs permettant ainsi de découvrir nos métiers et nos activités.

Enfin, 2023 aura été l'année des bilans et de la projection vers l'avenir. Le positionnement scientifique de la PGTB et son travail au service de la communauté ont été reconnus par la reconduction de la labellisation comme Infrastructure Scientifique Collective (ISC) par INRAE. Le haut niveau d'engagement dans la démarche qualité et l'optimisation de son fonctionnement ont été soulignés lors de la reconduction des certifications ISO 9001 et NF X 50-900 par LRQA.

En termes de développements technologiques, nous concentrons nos efforts pour minimiser l'impact environnemental de nos activités. Nous avons par exemple récemment investi, grâce à un financement de la fédération des plateformes de l'Université de Bordeaux (*Bordeaux Research Facilities*), dans une petite PCR quantitative MIC de chez Bio Molecular Systems, basée sur de l'induction magnétique permettant une optimisation importante de la consommation électrique et un gain de temps grâce aux variations de température beaucoup plus efficaces. Sa dimension réduite est par ailleurs beaucoup plus adaptée à nos besoins que notre ancien système Roche LC480 et permet de diminuer le volume des réactifs et des consommables plastiques utilisés.



En termes de développements applicatifs, nous explorons de nouvelles pistes pour étudier les marques de méthylation à l'échelle des génomes et pour caractériser la diversité génétique intraspécifique à partir de matrices d'ADN dégradées ou d'échantillons d'ADN environnementaux.

Si vous souhaitez tester une nouvelle approche que vous avez vu dans la littérature pour votre propre recherche, voire développer une nouvelle façon d'étudier les variations au sein des (méta)génomés, n'hésitez pas à nous contacter car nous pouvons probablement vous aider !



pgtb.fr



@PGT_Bordeaux

Ne pas jeter sur la voie publique

Crédits photos : INRAE, Pixabay, Illumina, Agena Bioscience,

Bio Molecular Systems et PGTB

Textes et conception graphique de la PGTB