

Plateforme Transcriptomique GeT-TRiX

Service d'Analyse
Transcriptomique à Grande Echelle
par Séquençage Rationalisé



Contexte

Le séquençage des ARN (RNAseq) est la méthode de référence pour réaliser les études transcriptomiques sans a priori. Elle est encore difficilement abordable à cause des coûts qui restent globalement élevés pour des études à grande échelle sur des dispositifs d'élevage ou des cohortes.

Le recours à des prélèvements semi/non invasifs est à privilégier pour des études en conditions d'élevage sur animaux vivants.

La présence de transcrits majoritaires de globuline (environ 80%) dans le sang total rend difficile l'exploitation de protocoles RNAseq « classiques » à partir de prélèvements sanguins. Dans ce protocole un bloqueur de globuline permet de s'affranchir de cette contrainte.

Partenaires



Pour en savoir plus
sur cette expertise

Grâce à un financement du Carnot France Futur Elvage, la plateforme GeT-TRiX a mis en place une solution intégrée d'analyse transcriptomique par séquençage rationalisé, réduisant le cout global et l'empreinte environnementale, jusqu'au rendu d'un rapport complet d'analyses interprétable et valorisable par les biologistes.

Notre expertise

Réaliser des analyses différentielles d'expression génique

- Applicable à partir d'ARN total de faible quantité et/ou dégradé
- Séquençage rationalisé des extrémités 3' des transcrits
- Abordable en termes de coûts/masse de données
- Applicable sur un grand nombre d'individus
- Performant sur sang total via l'utilisation de «bloqueurs de globuline» : Porcin et Humain

Contacts



Yannick Lippi

Responsable de la Plateforme GeT-TRiX - UMR Toxalim

—
get-trix@genotoul.fr



Gaëlle Payros

Plateforme GeT-TRiX - UMR Toxalim

—
get-trix@genotoul.fr