



Capture de Séquences génomiques par hybridation

Solution Technologique

Dans l'application biomédicale, les agents pathogènes microbiens sont une préoccupation de santé publique. Les génomes des agents pathogènes sont généralement très petits par rapport à ceux de leur hôte humain. Les méthodes existantes de lutte contre la contamination d'échantillons biologiques par de l'ADN infectieux dans les échantillons sont relativement coûteuses et nécessitent beaucoup de temps, et / ou une manipulation spécifique des échantillons.



La technologie consiste à :

- 1 | un enrichissement de séquences d'ADN pathogène dans des échantillons complexes basés sur la capture d'hybridation d'acides nucléiques en solution
- 2 | une amélioration de l'effort de séquençage, spécificité et sensibilité du diagnostic.

Marchés & Applications

Pharmaceutique,
Microbiote, Vétérinaire

Partenariat proposé

Co-développement
ou licensing

Propriété intellectuelle

Demande de brevet FR3055338
(application environnement)

Demande de brevet
FR3055339
(application santé)

Avantages offerts

- Capture de gros fragments d'acide nucléique (min 6 000 pb)
- Capture d'environnements génétiques inconnus et de nouvelles combinaisons de gènes
- Ensemble de sondes Oligo nucléotidiques d'origine
- Reconstruction facilitée de grandes régions (opérons, plasmides...)
- Accès à des génomes rares
- Sensibilité / spécificité accrue de l'exploration d'échantillons métagénomiques
- Amélioration de l'effort de séquençage sur des échantillons métagénomiques.

Stade de développement

- POC sur des échantillons de patients atteints de maladies pulmonaires
- Méthode plus efficace que le système d'enrichissement de cible SureSelectXT® d'Agilent Technologies.

Opportunités marché

- Diagnostic in vitro pour application biomédicale
- Application multi-espèces
- Applications environnementales et végétales possibles.

Equipe de Recherche

UMR 454
INRAE/UCA
MEDIS
Clermont-Ferrand, France
Pr. Pierre PEYRET

