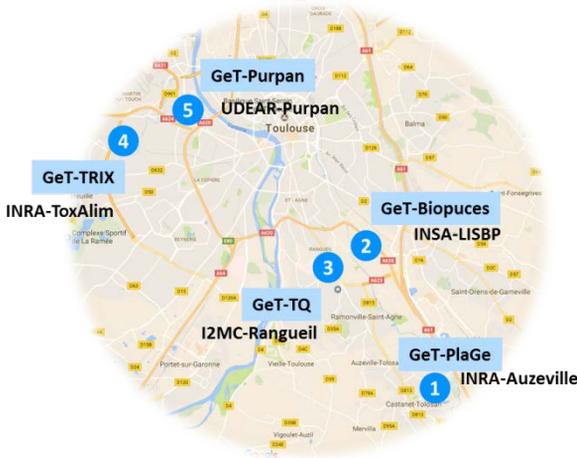


Faire face au défi bactérien au moyen de technologies à haut débit

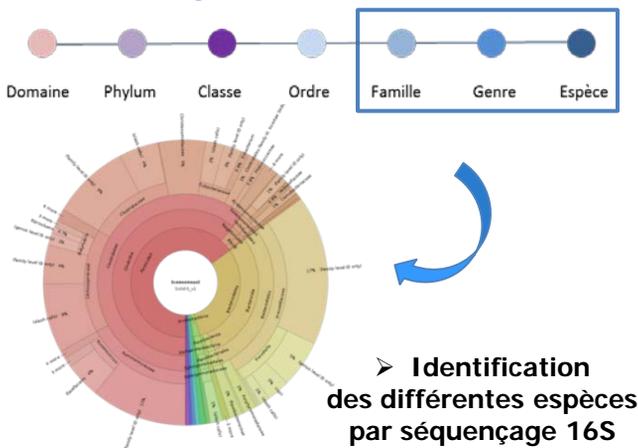
GeT est une plateforme technologique multi sites spécialisée en :

Génomique & Transcriptomique

- **Analyse du génome** : Whole Genome Sequencing (WGS), exome sequencing, génotypage par séquençage (GBS), génotypage ciblé (SNP, CNV, sondes KASPAR)
- **Analyse de l'épigénome** : ChIP Seq, MedIP Seq, Bisulfite Seq
- **Analyse du métagénome** : complet ou ciblé (16S - régions V1-V2, V3-V4, V6-V9)
- **Analyse du transcriptome** : RNA Seq, qPCR, microarrays
- **Analyse du MiRNome**
- **Transcriptomique** sur cellules uniques isolées
- **Analyse des données** (statistique et bio-informatique)



Analyse de microbiotes



Analyse de génomes bactériens

- **Séquençage de novo**
Ex: Pathogènes multirésistants
- **Reséquençage / génome de référence**
Ex: Comparaison génomique de différentes souches pour comprendre la dissémination des souches pathogènes
Ex: Insertions, délétions, identification d'éléments génétiques mobiles



Nos outils Haut Débit

Séquençage

Séquençage longs fragments sur molécules uniques

- Pacific biosciences (PacBio RSII)
- Oxford nanopore (en développement)



Séquençage très haut débit petits fragments

- Illumina & Ion Torrent (MiSeq, HiSeq 3000, S5, PGM) 50Mb à 750Gb de données



qPCR, ddPCR

qPCR haut débit en nanovolume

- Fluidigm (Biomark)



Quantification absolue, événements rares

- Biorad (droplet digital PCR)

