

PROJET : HRM, nouvel outil de diagnostic moléculaire



Méthode innovante de discrimination simultanée d'un grand nombre de variants à partir de leur profil HRM

AGRONOMIE & ENVIRONNEMENT

PI

Logiciel

PARTENARIAT
RECHERCHÉ

Entreprise développant des kits de diagnostic moléculaire pour la santé animale, la santé humaine ou l'agroalimentaire, pour du licensing.

INVENTEURS /
LABORATOIRES

IRD et UM

CONTEXTE

La caractérisation des acides nucléiques par fusion haute résolution (High Resolution Melting, HRM) est une technique simple, rapide et peu coûteuse pour identifier les variations de séquence, ce qui la rend attrayante pour une large gamme d'applications diagnostiques et de recherche, incluant les maladies infectieuses, l'oncologie, l'épigénétique voire même le métabarcodage.

Les procédures actuelles d'analyse des courbes de fusion s'appuient pour l'essentiel sur des méthodes non supervisées, principalement via des courbes de soustraction par rapport à un échantillon contrôlé connu, et moins fréquemment sur des méthodes supervisées via des analyses de discrimination comme l'analyse linéaire discriminante. Si ces procédures se sont révélées utiles pour discriminer un petit nombre de variants, elles sont encore limitées pour l'analyse de grands jeux de données HRM et ne fournissent pas d'informations précises à l'utilisateur. Dans ce contexte, une méthode innovante qui permet la

discrimination simultanée d'un grand nombre de variants à partir de leur profil HRM a été développée.

BÉNÉFICES

L'innovation permet d'augmenter significativement le nombre de marqueurs et ainsi réduire les coûts d'analyses tout en maintenant une sensibilité égale aux tests moléculaires existants pour des applications de diagnostic.

La méthode permet d'assigner un profil de fusion donné à un groupe existant inclus dans une banque de référence (assorti d'un indice de confiance utile à l'utilisateur) ou de rejeter toute affectation dans le cas d'un profil inconnu (ce qui est le plus souvent impossible avec des analyses supervisées).

La banque de référence peut évoluer dès qu'un nouveau variant est caractérisé, ce qui permet de maintenir un test à jour très facilement.

APPLICATIONS

De manière générale, l'invention est applicable sur n'importe quel échantillon biologique, notamment humain, animal, végétal, viral, bactérien, etc. Le logiciel est particulièrement bien adapté à des applications de diagnostic.

CONTACT

Business Development
Nathalie.Raymond@axlr.com
+33 (0)4 48 19 30 01