



IDENTIFIER ET CARACTERISER DES AGENTS MICROBIENS

QUI SOMMES NOUS ?

Nous sommes une société française, spécialisée en Génomique et en Bioinformatique.

Nous développons et proposons des solutions innovantes pour décrypter l'ADN et l'ARN afin d'en exploiter les propriétés à l'aide de plateformes de séquençage de dernières générations.

Nos projets de R&D nous permettent de renforcer continuellement notre compétitivité pour répondre au mieux aux attentes de nos clients et de nos partenaires.

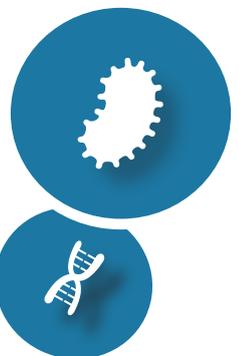
Depuis 2001, notre société se développe en adoptant, dès leur apparition, les innovations et les progrès biotechnologiques du secteur.

Notre expérience en microbiologie moléculaire nous classe parmi les acteurs innovants du domaine, notamment en analyse des microbiotes.

Notre savoir-faire nous permet de répondre aux nouvelles exigences en identification et en caractérisation des microorganismes.

VOUS SOUHAITEZ :

- **Identifier des microorganismes** (bactéries, champignons, levures...),
- **Caractériser** de nouvelles espèces, des pathogènes ou des contaminants,
- **Vérifier la fonction de souches d'intérêt industriel** (pour comparer l'expression de gènes dans différentes conditions ou étudier la stabilité génétique d'une souche...),
- **Comparer des microorganismes** (pour réaliser des études de phylogénie ou rechercher des SNP...),
- **Rechercher des biomarqueurs d'intérêt** et identifier des applications potentielles.



Identification génétique

Identification de souches d'intérêt par séquençage d'ADNr (16S, 18S, 28S et ITS1/2). Une solution complète, de la matrice primaire bactérienne (cultures, géloses...) à l'analyse de données. Vos résultats sous 3 jours ouvrés.

10 identifications gratuites pour toute première commande

Typage moléculaire

Traçage et comparaison de souches d'intérêt. Mise en œuvre de méthodes de génotypage standardisées et validées (MLST, MLVA), ou de schémas personnalisés.

Whole-genome sequencing

Séquençage complet de génomes de microorganismes : de l'extraction de l'ADNg aux données analysées pour obtenir une caractérisation plus fine.

L'utilisation des approches « long read » et/ou « ultra deep sequencing » permet d'optimiser les résultats.

Transcriptomique

Comparaison du transcriptome de souches par séquençage haut débit RNA-seq : construction d'un catalogue de gènes exprimés, études d'expression différentielle, description de nouveaux transcrits...

Complex *Mycobacterium tuberculosis*

Traçage et caractérisation des germes de la tuberculose avec 2 produits exclusifs :

- Le kit MIRU-VNTR, pour réaliser des analyses épidémiologiques,
- Le test Deeplex® Myc-TB, pour prédire les résistances aux antibiotiques.

(Disponible en versions RUO et CE-IVD)

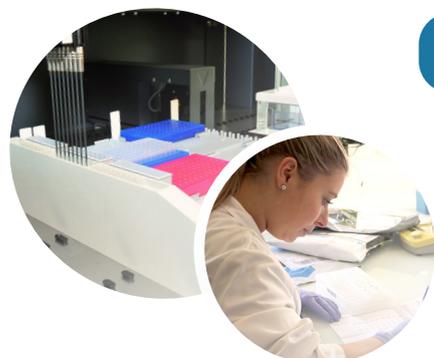
Bioinformatique

Analyse de données génomiques (assemblage, annotation, détection de variants, comparaison de génomes).

Bénéficiez de l'expérience de nos bioinformaticiens.

EN TRAVAILLANT AVEC GENOSCREEN, VOUS BÉNÉFICIEZ :

- de solutions ajustées à vos besoins et à vos attentes
- d'interactions avec des experts hautement qualifiés
- de 18 années d'expérience et de savoir-faire



SERVICE COMMERCIAL
commercial.dept@genoscreen.com
+33(0) 362 263 776