

# Capture de gènes

Le développement d'une approche originale de capture par hybridation de très grands fragments d'acides nucléiques permet d'accéder à des gènes ne pouvant pas être caractérisés par les approches actuelles de PCR et de séquençage massif direct.

Cette technique innovante est applicable sur tous types d'organismes depuis les micro-organismes isolés ou en mélanges (échantillons métagénomiques et métatranscriptomiques) jusqu'à l'humain en passant par les plantes.

Par son approche exploratoire, la technique permet d'identifier de nouveaux variants géniques, d'accéder à de nouveaux gènes, de résoudre de nouvelles organisations génomiques même de faibles complexités présentant de nombreuses répétitions, de décrire précisément les structures et fonctions des communautés microbiennes, de reconstruire des génomes complets de façon ciblée en accédant aux régions manquantes, de piéger des plasmides et des ADNc complets.

## Contact

**Pr. Pierre Peyret**

Tel. : 04 73 17 83 08

[Courriel](#)