

Fiche explicative pour l'analyse d'échantillons en transcriptomique par microarray Agilent

Responsables de l'activité / Référents transcriptomique :

- Gaëlle Angenard (gaelle.angenard@inserm.fr)

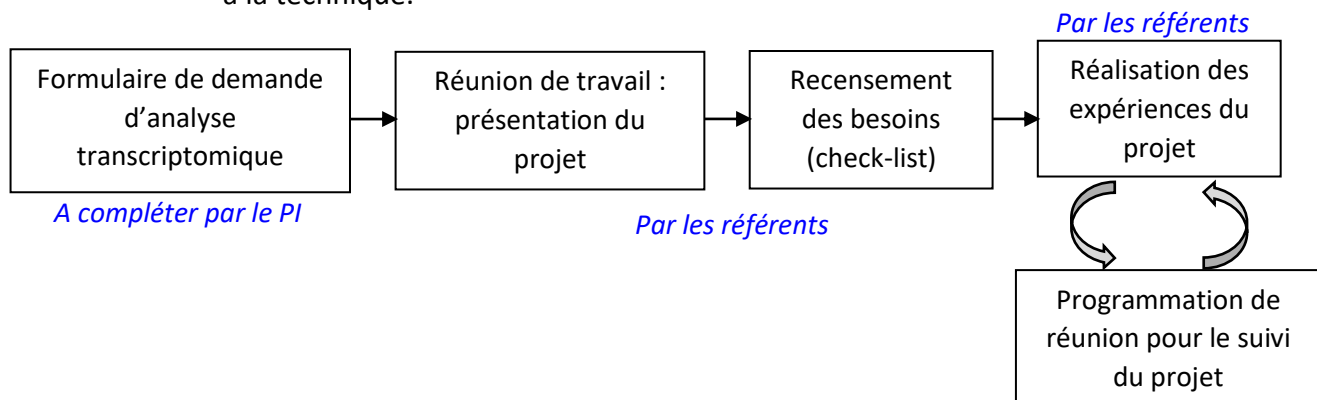
- Grégory Pinon (gregory.pinon@inserm.fr)

Objectifs :

Recenser les besoins pour organiser et réaliser l'analyse transcriptomique des échantillons.

1/ Organisation du travail pour l'analyse des échantillons

- Le porteur de projet (PI) remplit le formulaire de demande d'analyse d'échantillons en transcriptomique par microarray Agilent.
- Les référents organisent une réunion de travail avec le PI et les personnes impliquées afin que le projet scientifique leur soit présenté, et de définir les besoins nécessaires à la réalisation de l'analyse.
- Le porteur de projet doit créer dans le cahier de laboratoire électronique (CLE - Labguru) un dossier spécifique « transcriptomique » affilié au projet auquel les expérimentateurs auront accès.
- Les collaborateurs du projet sont invités à accompagner les référents pour être initiés à la technique.



2/ Plateforme de génomique du CHU de Rennes (Marie Dominique Galibert et Christelle Dubourg)

- Les référents sont en charge d'effectuer la réservation des équipements (four à hybridation et scanner).
- Concernant l'utilisation du scanner, le coût s'élève à 184 euros HT par heure + 8% de frais de gestion, selon la convention établie entre l'Institut NuMeCan et la plateforme de génomique du CHU de Rennes.
- La facture sera émise par les responsables de la plateforme et le service financier du CHU et adressée au responsable du projet.

3/ Rendu des résultats

- L'expérience (le protocole et les résultats) est accessible sur le CLE avec l'ensemble des fichiers : donnée brutes (fichiers txt., QC-Report (contrôle qualité des échantillons), images de la lame hybridée, plan de dépôt des échantillons sur la lame).
- L'analyse des résultats est à la charge du porteur de projet et de ses collaborateurs.