



HAL
open science

Utilisation du pyroséquençage pour des analyses de méthylation tout génome

Sophie Leroux, Florence Plisson-Petit, Dominique Hazard, Laurence
Drouilhet, Frederique Pitel

► **To cite this version:**

Sophie Leroux, Florence Plisson-Petit, Dominique Hazard, Laurence Drouilhet, Frederique Pitel. Utilisation du pyroséquençage pour des analyses de méthylation tout génome. 1. Journée de Séminaires du Département Phase sur l'Épigénétique EpiPhase, 2018, 2018. hal-02785724

HAL Id: hal-02785724

<https://hal.inrae.fr/hal-02785724>

Submitted on 4 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

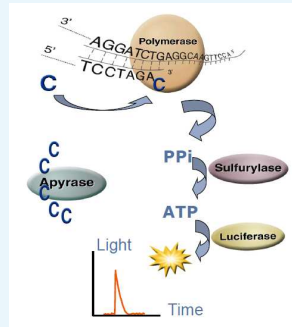
L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



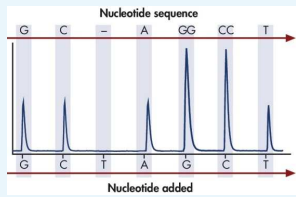
SOPHIE LEROUX, FLORENCE PLISSON-PETIT, DOMINIQUE HAZARD, LAURENCE DROUILHET, FRÉDÉRIQUE PITEL
UMR1388, INRA-ENSAT-ENVY, GENPHYSE, 31326 CASTANET-TOLOSAN

Principe du pyroséquençage

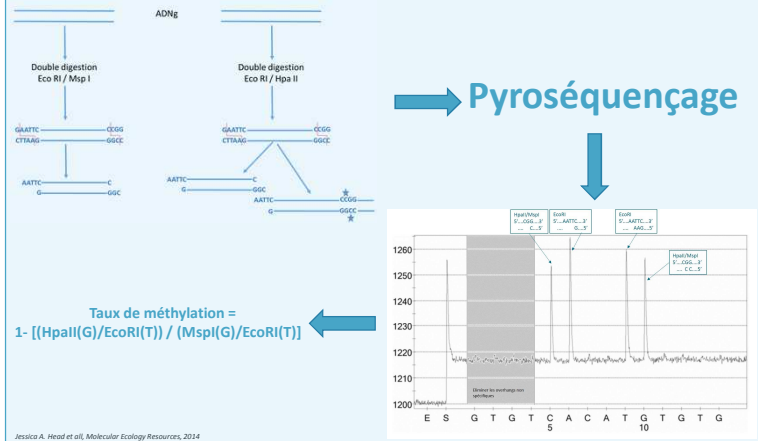
Technologie de séquençage direct par incorporation des bases les unes après les autres.



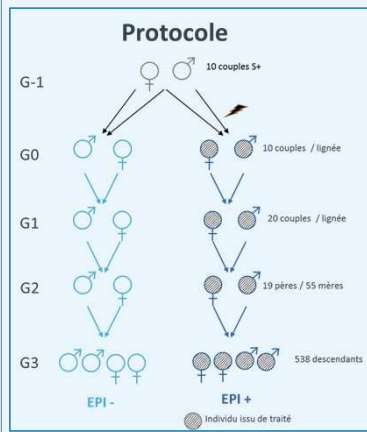
Si base = OK →
 Si base ≠ OK →
 Si 2 bases = OK →



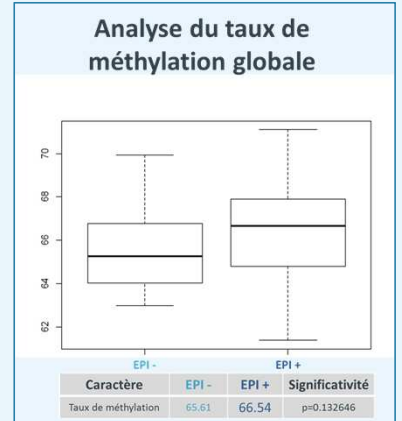
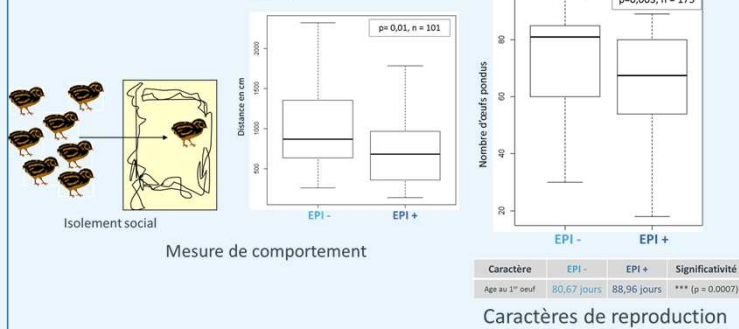
LUMA : LUminometric Methylation Assay



Projet EpiBird : observer des différences de méthylation de l'ADN potentiellement dues à des phénomènes épigénétiques transgénérationnels.

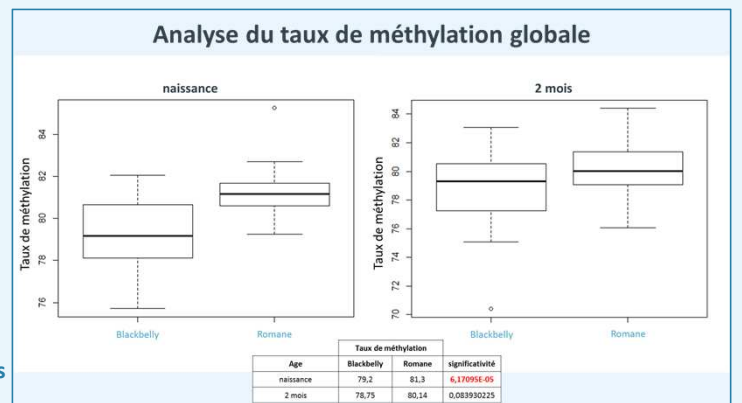
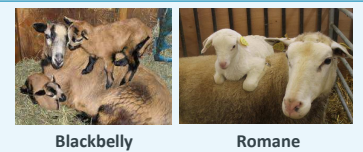
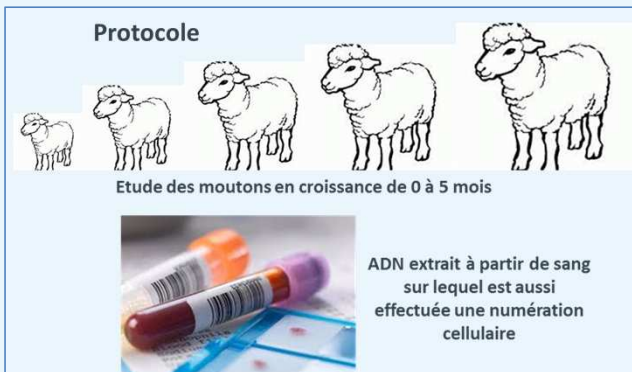


Mesures phénotypiques



Différences significatives entre les 2 lignées sur des caractères de reproduction et de comportement, mais pas de différence significative du taux de méthylation globale.

Projet GenEpiGen : étudier le déterminisme génétique du taux de méthylation globale de l'ADN chez les moutons.



Il existe une différence significative du taux de méthylation entre les Blackbelly et les Romane à la naissance. Mais, les corrélations entre les taux successifs sont très faibles.