PROGRAMME XPLORER™

Biomarker Xplorer™

Trouver les marqueurs qui séparent deux groupes, et les confirmer avant de bâtir dessus.

Biomarker Xplorer™ lit l'ADN, l'ARN et les protéines face à la même question, de l'isolement des biomolécules à une courte liste de candidats confirmés par quantification ciblée. Conçu par GENXMAP et réalisé dans nos laboratoires de Marseille. La transcriptomique en cellule unique et spatiale est proposée via Transcriptomics 360.

3
niveaux d'analyse : ADN, ARN, protéines

>95 %
d'alignement au transcriptome de référence

20k+
gènes profilés par échantillon

CE QUE LE PROGRAMME RÉSOUT — Les questions auxquelles il répond

Une seule couche de données, génomique, transcriptomique ou protéomique, ne saisit qu'une partie d'un mécanisme biologique. Biomarker Xplorer les combine, pour qu'un candidat soit soutenu par plus d'une mesure avant d'être confirmé seul.

01 Découverte
Quelles variables moléculaires séparent vos groupes : patients et témoins, répondeurs et non-répondeurs, traités et non traités ?

02 Mécanisme
Quelles voies et quels programmes cellulaires se trouvent derrière la signature, et l'ADN, l'ARN et la protéine vont-ils dans le même sens ?

03 Confirmation
Quels candidats tiennent quand on les mesure par un test ciblé sur plus d'échantillons, ou sur une cohorte dont ils ne sont pas issus ?

04 Décision
Quelle courte liste mérite d'être développée, et quels candidats abandonner dès maintenant, preuves à l'appui ?

OÙ IL S'APPLIQUE

Oncologie et cancer · Maladies rares et génétiques · Immunologie et inflammation · Pharmacogénomique et réponse au traitement · Modèles expérimentaux et validation CRISPR · Recherche translationnelle et médecine de précision · Neurologie et neurodégénérescence · Environnement et microbiote · Toxicologie moléculaire

COUCHES OMIQUES — Des couches combinées selon la question

Génomique (ADN)
Variants somatiques et constitutionnels, nombre de copies et signatures mutationnelles, résumés par échantillon et par groupe.

- **WGS · WES** génome, exome
- **Panels ciblés** amplicons
- **Nombre de copies** signatures

Transcriptomique (ARN)
Le RNA-seq bulk profile plus de 20 000 gènes par échantillon, avec plus de 95 % des lectures alignées sur le transcriptome de référence.

- **RNA-seq bulk** chez nous
- **Cellule unique et spatial** via Transcriptomics 360

Protéomique
Quantification au niveau protéique par LC-MS/MS sans marquage, réalisée sur site sur un timsTOF Pro 2 (Bruker), mise en regard du résultat transcriptomique.

- **timsTOF Pro 2** sur site
- **Accord ARN–protéine** par candidat

Confirmation ciblée
Les candidats retenus sont mesurés par des tests ciblés sur l'ensemble des échantillons, selon les recommandations MIQE et dMIQE.

- **RT-qPCR** expression
- **PCR digitale** quantification absolue
- **Panels d'amplicons** marqueurs ADN

La transcriptomique en cellule unique et spatiale est proposée via Transcriptomics 360.

DÉROULÉ Comment se déroule un programme

01
Question et plan d'étude
Groupes, effectifs et partage entre découverte et confirmation sont fixés avant le premier échantillon.

02
Isolement et QC
ADN, ARN et protéines extraits de tissus, de sang, de cellules ou de biofilms ; pureté, concentration et intégrité (RIN, RQN) vérifiées avant tout séquençage.

03
Découverte
RNA-seq bulk dans nos laboratoires pour les profils d'expression globaux, avec la génomique et la protéomique quand la question le demande.

04
Bio-informatique et intégration
Pipelines versionnés, analyse différentielle, enrichissement GO, KEGG et Reactome et intégration multi-omique ramènent des milliers de variables à quelques candidats testables.

05
Confirmation ciblée
La courte liste est mesurée en qPCR ou en dPCR sur l'ensemble des échantillons, et lue face à la question de départ.

LIVRABLES Ce que vous recevez

Données	FASTQ, alignements, matrices de variants et d'expression, contrôlés et documentés.
Analyse	Résultats d'analyse différentielle, d'enrichissement et d'intégration, avec versions des outils, paramètres et seuils pour chaque étape.
Candidats	Une courte liste classée, chaque candidat associé à un test de confirmation, et un abandon documenté pour ceux qui n'ont pas tenu.
Rapport	Une interprétation rédigée face à votre question, des figures prêtes à publier, livrées en PDF signé et horodaté.

CONDITIONS PRATIQUES

Signature	PDF signé et horodaté
Données	Les données sont hébergées dans l'UE, avec des sauvegardes en France, espace cloisonné par équipe
Confidentialité	Accord de confidentialité mutuel (NDA) possible avant tout partage de détail, sans frais
IA	Modèles sur nos serveurs, aucune donnée vers une IA externe

DÉLAIS Des délais en jours ouvrés, à partir du GO

PROJET STANDARD
4–6 semaines
Le rythme habituel d'un projet, confirmé au devis.

PRIORITAIRE
2–4 semaines
Quand votre calendrier l'exige, convenu au cadrage et confirmé au devis.

Décomptés en jours ouvrés à partir du GO, donné une fois les échantillons validés au contrôle visuel à réception. Les programmes plus larges sont planifiés par jalons, chacun avec sa date.

ÉTUDE DE CAS ILLUSTRÉE Le programme à l'œuvre

ÉTUDE DE CAS · IMMUNO-ONCOLOGIE
Identifier, et confirmer, les marqueurs de réponse aux inhibiteurs de points de contrôle immunitaire
Résultat clé 7 marqueurs confirmés réunis dans un score verrouillé ; AUC 0,78 sur les patients tenus à l'écart, contre 0,62 pour l'IHC PD-L1 seule.

Cas d'illustration, hors projet client

genxmap.com/fr/resources/biomarker-xplorer-immuno-oncology.html

DEVIS ET PROJETS
sales@genxmap.com
+33 7 69 44 16 18

ÉCHANTILLONS, PROTOCOLES, QC
lab@genxmap.com
+33 4 13 73 24 81

LABORATOIRE
GENXMAP, IHU Méditerranée Infection
19-21 boulevard Jean Moulin
13005 Marseille, France