

Le flux de travail d'Illumina Genomics Architecture permet le séquençage de 100 000 génomes à Singapour

NovogeneAIT fournit des services de séquençage pour créer la base de données la plus complète à ce jour couvrant les génomes de populations asiatiques



SHEANNE SOH

CHEF D'ÉQUIPE
ÉQUIPE DE PRÉPARATION DE
LIBRAIRIES DE SNG NOVOGENEAIT

Le séquençage du génome humain a entraîné de nombreuses améliorations pour la santé humaine et la prise en charge de maladies. Cependant, nos connaissances sur le génome humain sont orientées vers les populations qui ont accès à ces études génomiques et ne comprennent pas les caractéristiques des populations sous-représentées. Cela peut entraîner des différences régionales dans nos renseignements génétiques qui masquent des variants importants pertinents pour la santé humaine. Les gouvernements et les organisations du monde entier s'attaquent à cette lacune grâce à des études génétiques de populations à grande échelle. [NovogeneAIT Genomics Pte Ltd](#) à Singapour est l'une des organisations prenant en charge une étude de santé de populations à grande échelle. NovogeneAIT est une coentreprise du groupe Novogene et d'AIT Biotech.

NovogeneAIT soutient actuellement le programme National Precision Medicine (NPM). Singapour a désigné NovogeneAIT pour séquencer 100 000 génomes humains dans le cadre du projet SG100K. Cette initiative recueillera les données génétiques détaillées de 100 000 participants consentants à Singapour, y compris les populations locales d'origine chinoise, malaise et indienne. Le projet vise également à surveiller les résultats cliniques à long terme des participants afin de fournir un aperçu des résultats sur la diversité génomique asiatique et les facteurs de maladies génétiques spécifiques à l'Asie. NovogeneAIT déploie Illumina Genomic Architecture (IGA) pour tirer parti des flux de travail efficaces, de l'analyse intuitive et des fonctionnalités sécurisées de suivi des données nécessaires pour répondre aux exigences d'efficacité et de précision de ce projet à grande échelle. Nous nous sommes entretenus avec Sheanne Soh, qui dirige l'équipe de séquençage de nouvelle génération (SNG) chez NovogeneAIT, pour en savoir plus sur leur processus.

« Pour terminer le séquençage de 100 000 génomes en trois ans, nous savions que nous devions améliorer considérablement notre productivité et notre efficacité. [...] nous avons constaté que le flux de travail IGA était le mieux adapté à nos besoins... »

Comment NovogeneAIT contribue-t-elle au programme National Precision Medicine et au projet SG100K?

Sheanne Soh (SS) : NovogeneAIT agit en tant que fournisseur de services de séquençage pour le programme NPM à Singapour, une initiative historique visant à transformer les soins de santé en tirant parti des avancées en génomique. En tant que fournisseur de services de séquençage pour ce projet, nous sommes responsables de la préparation des échantillons et des librairies à l'aide du flux de travail IGA, du séquençage et du transfert sécurisé des données vers PRECISE* pour examen.

Nous allons séquencer les génomes de 100 000 Singapouriens. La diversité ethnique de Singapour représentant plus de 80 % de la diversité globale de l'Asie, cela nous permettra d'établir la principale base de données de génomes de référence d'Asie. Ces données amélioreront notre compréhension du génome asiatique sous-représenté et des maladies génétiques importantes pour les Asiatiques.

Pourquoi avez-vous choisi d'utiliser le flux de travail IGA pour ce projet?

SS : NovogeneAIT a effectué le séquençage de 10 000 génomes humains dans le cadre de la première phase de la National Precision Medicine Initiative, le projet SG10K. Il nous a fallu environ trois ans pour mener à bien ce projet à l'aide de la plateforme HiSeq^{MC} X d'Illumina. Pour terminer le séquençage de 100 000 génomes en trois ans, nous savions que nous devions améliorer considérablement notre productivité et notre efficacité. Après avoir évalué les différents flux de travail de séquençage sur le marché, nous avons constaté que le flux de travail IGA était le mieux adapté à nos besoins et avons pris la décision d'adopter ce flux de travail bien conçu pour ce projet important.

Quelle a été votre expérience du flux de travail IGA?

SS : Le flux de travail IGA est très intuitif, il comprend de nombreuses invites pour guider mon équipe à chaque étape. Cela nous permet d'analyser plus d'échantillons plus efficacement qu'avec les autres flux de travail, notamment celui qui a été utilisé pour le projet SG10K. De plus, le flux de travail IGA est hautement rationalisé avec une durée de manipulation limitée, permettant ainsi à mon équipe de se concentrer sur d'autres tâches administratives ou de prendre des pauses dîner entre les différentes tâches.

* Precision Health Research, Singapour (PRECISE) est l'entité centrale qui met en œuvre la stratégie National Precision Medicine (NPM) de Singapour.

Combien de temps a-t-il fallu pour que le flux de travail IGA soit opérationnel?

SS : La prise en main était relativement rapide. La configuration d'IGA, la formation et la validation n'ont pris que trois mois. Nous disposons actuellement de cinq NovaSeq^{MC} 6000 System dédiés que nous utilisons sept jours sur sept et traitons jusqu'à 840 échantillons par semaine. L'équipe d'Illumina nous a également suffisamment formés pour nous familiariser avec le flux de travail IGA, une formation qui a duré environ un mois.

Combien d'échantillons prévoyez-vous de traiter?

SS : Nous sommes convaincus que nous serons en mesure de séquencer plus de 33 000 échantillons par an pour atteindre notre objectif de 100 000 échantillons d'ici 2025.

Que pensez-vous du flux de travail IGA?

SS : Les membres de mon équipe qui étaient précédemment impliqués dans le projet SG10K et dans d'autres grands projets étaient très enthousiastes à l'idée d'utiliser le flux de travail IGA. Ils ont apprécié la facilité d'utilisation et la durée de manipulation minimale du flux de travail IGA par rapport aux flux de travail précédents qui nécessitaient jusqu'à huit heures de manipulation par jour et une journée et demie pour traiter manuellement 96 échantillons. Contrairement à d'autres flux de travail, le flux de travail IGA n'implique aucune étape compliquée de préparation de bibliothèques. Il est intuitif et facile à comprendre, en particulier pour une personne qui connaît déjà les flux de travail d'Illumina.

Pour le projet SG10K, il nous fallait entre un et un jour et demi pour terminer l'étape de préparation de bibliothèques pour 192 échantillons. Après quoi, nous devions attendre le jour suivant pour les séquencer. L'ensemble du processus de préparation nécessitait au moins trois à quatre jours avant de pouvoir commencer le séquençage. Avec le flux de travail IGA, nous pouvons terminer la préparation de bibliothèques pour 192 échantillons et commencer l'analyse de séquençage le même jour. Le flux de travail IGA est beaucoup plus rapide.

De plus, avant de commencer à utiliser le flux de travail IGA, nous devions quantifier et qualifier manuellement et individuellement les bibliothèques d'échantillons avant de les combiner dans un groupement de séquençage pour une Flow Cell NovaSeq. C'était beaucoup de travail et d'efforts. Le flux de travail IGA rationalise ce processus. Pour les échantillons préparés ensemble dans la même plaque, vous pouvez simplement les analyser sur la même Flow Cell sans devoir les quantifier séparément.

« Contrairement à d'autres flux de travail, le flux de travail IGA n'implique aucune étape compliquée de préparation de bibliothèques. Il est intuitif et facile à comprendre, en particulier pour une personne qui connaît déjà les flux de travail d'Illumina. »

Comment le flux de travail IGA vous aide-t-il à atteindre vos objectifs?

SS : NovogeneAIT est l'un des fournisseurs de services de SNG les plus importants et les plus fiables de cette région et un partenaire de confiance en génomique de la communauté des sciences de la vie. Notre mission est de faire progresser la génomique et d'améliorer les conditions de vie en aidant les chercheurs à atteindre des objectifs scientifiques clés. C'est ce qui compte pour nous et ce flux de travail efficace et éprouvé nous permettra de fournir le meilleur service à nos partenaires. Le flux de travail IGA est adapté pour atteindre notre objectif de séquencer 100 000 génomes et nous sommes très heureux de participer à cette initiative nationale de santé de la population.

En savoir plus

Illumina Genomics Architecture, <http://support-docs.illumina.com/SHARE/IlluminaGenomicsArchitecture/Content/SHARE/FrontPages/IGA.htm>

Projet SG100K, <https://www.npm.sg/collaborate/partners/sg100k/>



Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809-4566 | Téléphone : + (1) 858 202-4566 | techsupport@illumina.com
| www.illumina.com

© 2023 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs.
Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-01045 FRA v1.0