

BIOLOGIE HOSPITALIÈRE

BIOLOGIE PRIVÉE

CLINICIENS

DIAGNOSTIC MOLÉCULAIRE

EPISEQ® SARS-COV-2, L'APPLICATION QUI DÉMOCRATISE LE SÉQUENÇAGE

GRUPE
**Oriade
noviale**



Alexandre Vignola,
Biologiste au sein du groupe
Oriade Noviale

Paru le 19 juin 2021, un arrêté autorise désormais les laboratoires privés à réaliser le séquençage des tests COVID positifs.

Les biologistes du laboratoire Oriade Noviale avaient misé sur cette démocratisation du séquençage et conclu un partenariat avec bioMérieux pour se préparer, tant technologiquement que du point de vue du flux de travail, en s'appuyant sur la nouvelle application EPISEQ® SARS-COV-2.

Jusqu'à ce jour, le séquençage était une expertise développée par les laboratoires hospitaliers à la pointe de la technologie. L'épidémie de COVID-19 a sans aucun doute été un levier permettant d'étendre le recours au séquençage aux laboratoires privés. Une vraie complémentarité s'installe désormais.

« Ce sont des activités complémentaires, précise Alexandre Vignola, biologiste au sein du groupe Oriade Noviale. Les CHU ont un devoir de recherche, ils sont précieux pour leur expertise. Nous, on fait de la routine et du volume, notre rôle consiste à rendre le séquençage accessible, à la portée de tous. »

Désormais, les laboratoires privés pourront donc réaliser deux types d'opérations de séquençage : un séquençage « classique » pour les résultats SARS-CoV-2 positifs et un séquençage interventionnel, déclenché par l'Agence Régionale de Santé (ARS) en cas de cluster. Dans ce cadre, le laboratoire Oriade Noviale est conventionné auprès de l'ARS Auvergne-Rhône-Alpes depuis le 29 juin 2021.



Les laboratoires de biologie médicale en quête d'outils « clés en main »

Alexandre Vignola insiste sur cette différence avec les laboratoires hospitaliers. « Il nous faut des applications clés en main, nous ne sommes pas des CHU ! Nous avons besoin d'apporter la technologie à nos cliniciens et à nos patients le plus facilement possible et avec une exigence de qualité. »

L'équipe du laboratoire avait déjà entamé une réflexion pour se doter d'une plateforme de séquençage avant la crise sanitaire liée à la pandémie de COVID-19.

« Dans la stratégie de développement du laboratoire, le séquençage est important, confirme Alexandre Vignola. Le COVID-19 a représenté une opportunité pour accéder à cette technologie. Avec l'apparition des variants, on a rapidement réalisé que le séquençage était l'outil ultime. On voulait s'équiper pour participer à l'effort de santé publique au côté du Centre national de référence, et ainsi renforcer les capacités de séquençage en France. »

Il faut rappeler qu'à ce jour, si les tests RT-PCR de criblage permettent de détecter des variants déjà connus, seul le séquençage génomique permet de les confirmer, de détecter de nouveaux variants émergents et d'en préciser les mutations qui les caractérisent.

bioMérieux partenaire de la mise en place du séquençage

Le laboratoire s'est tourné vers les fournisseurs de plateformes de séquençage les plus répandues. « Nous avons vite compris nos limites en matière de bio-informatique », se souvient le biologiste.

Travaillant avec bioMérieux depuis longtemps, les biologistes d'Oriade Noviale ont conclu un partenariat avec l'entreprise, impliquant l'équipe dédiée au séquençage.

« L'accompagnement de bioMérieux a été un outil formidable et un point clé pour nous mettre le pied à l'étrier », souligne Alexandre Vignola.

Les équipes de bioMérieux ont aidé le laboratoire Oriade Noviale à chaque étape, notamment pour le choix de la plateforme de séquençage et pour la prise en main de l'application EPISEQ® SARS-COV-2 pour l'identification des variants.

Dans ce contexte, « ce n'est pas compliqué d'intégrer le séquençage », souligne Alexandre Vignola. EPISEQ® SARS-COV-2 est une application « plug and play ». On a un seul outil et on est sûrs qu'il est bien géré par une équipe qui a une expérience en infectieux. On ne s'occupe que de la partie biologique et bioMérieux fait le reste. »

Les interlocuteurs des biologistes ont également été présents pour le choix et l'achat des réactifs, la mise en place du protocole ARTIC dédié au COVID-19 et du flux de travail qui en découle. Enfin, les équipes responsables de l'activité de séquençage ont bénéficié d'astuces de paillasse, un atout non négligeable.

« C'est rassurant de travailler avec une personne qui a déjà travaillé, qui fait un retour d'expérience et conseille », ajoute Alexandre Vignola.

EPISEQ® SARS-COV-2, une application experte en bio-informatique et facile d'utilisation

Nouvelle application de traitement de données génomiques sur le cloud, EPISEQ® SARS-COV-2 aide les laboratoires à exploiter les données brutes de séquençage issues des plateformes Illumina, Oxford Nanopore ou Thermo Fischer, et à interpréter leurs résultats. Elle est mise à jour chaque semaine sur la base des nomenclatures internationales Nextstrain et Pango, intégrant notamment les nouveaux variants préoccupants définis par l'Organisation mondiale de la santé et les Centers for Disease Control and Prevention (CDC) américains.

En accord avec la nouvelle stratégie de criblage de mutations d'intérêt, l'application permet aussi d'identifier toutes les mutations dont les mutations d'intérêt E484K, E484Q et L452R, associées à un possible échappement immunitaire.

« Son gros atout, c'est sa facilité d'utilisation, estime Alexandre Vignola. En discutant avec des confrères, je m'aperçois qu'une des différences majeures par rapport à d'autres applications, c'est aussi la puissance de calcul derrière la plateforme. Quand on dépose une séquence, les résultats sont disponibles en quelques minutes ou une heure alors que mes confrères attendent 14 heures. »

« L'après-séquençage » simplifié

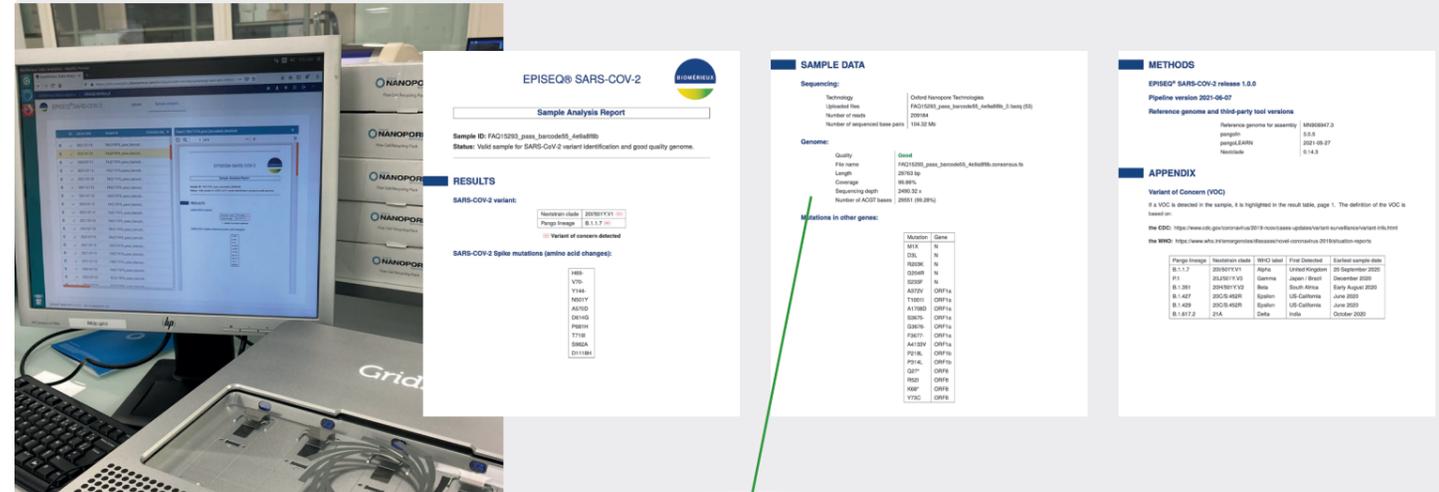
L'application fournit aux biologistes un rapport PDF ou Excel séquence par séquence indiquant le lignage du variant, les mutations identifiées sur la protéine Spike ou d'autres protéines, les insertions et délétions, la longueur de la séquence, sa profondeur, le taux de couverture ...

Reste aux biologistes à transmettre les données recueillies et l'assemblage du génome réalisé par EPISEQ SARS-COV-2 à trois canaux : l'ARS, le consortium Emergen et l'outil SI-DEP.

Maintenant que le séquençage et l'exploitation des données qui en sont issues sont mises en place au sein du laboratoire Oriade Noviale, Alexandre Vignola souhaite explorer davantage les possibilités de cette technologie.

« bioMérieux a une vision globale de la biologie, analyse-t-il. Et peut nous emmener notamment vers la résistance aux antibiotiques, le microbiote, il y a beaucoup de sujets ! »

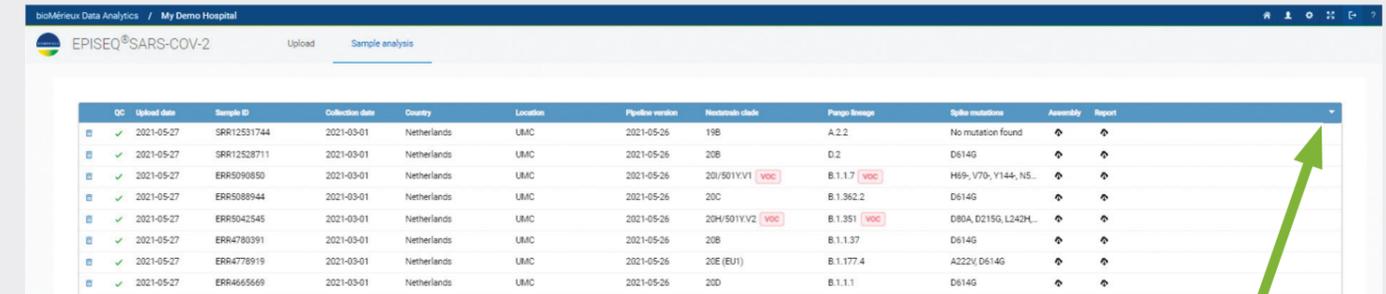
RAPPORT D'ANALYSE DES ÉCHANTILLONS



Genome:

Quality	Good
File name	FAQ15293_pass_barcode55_4e9a8f8b.consensus.fa
Length	29763 bp
Coverage	99.86%
Sequencing depth	2490.32 x
Number of ACGT bases	29551 (99.28%)

EXTRACTION DES DONNÉES



EXTRACTION DES DONNÉES

	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
1	QC	Upload date	Sample ID	Collection date	Country	Location	Pipeline version	Nextstrain clade	Pango lineage	Spike mutations
2	Valid sample for SARS-COV-2 variant identification and good quality genome.	2021-05-27	SRR12531744	2021-03-01	Netherlands	UMC	2021-05-26	19B	A.2.2	No mutation found
3	Valid sample for SARS-COV-2 variant identification and good quality genome.	2021-05-27	SRR12528711	2021-03-01	Netherlands	UMC	2021-05-26	20B	D.2	D614G
4	Valid sample for SARS-COV-2 variant identification and good quality genome.	2021-05-27	ERR5090850	2021-03-01	Netherlands	UMC	2021-05-26	20I/501Y.V1	B.1.1.7	H69-, V70-, Y144-, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H
5	Valid sample for SARS-COV-2 variant identification and good quality genome.	2021-05-27	ERR5088944	2021-03-01	Netherlands	UMC	2021-05-26	20C	B.1.362.2	D614G
6	Valid sample for SARS-COV-2 variant identification and good quality genome.	2021-05-27	ERR5042545	2021-03-01	Netherlands	UMC	2021-05-26	20H/501Y.V2	B.1.351	D80A, D215G, L242H, A243-, L244-, H245-, K417N, E484K, D614G, A701V



COVID-19

LA BIOLOGIE MOLÉCULAIRE AU SEIN DU LABORATOIRE

- ➔ 60 000 tests réalisés par an
(majoritairement pour le diagnostic de l'infection à *Chlamydia trachomatis* avant le COVID-19)
- ➔ 40 000 tests PCR réalisés par mois à juin 2021
- ➔ L'effectif est passé de 3 à 12 personnes pour réaliser les tests de biologie moléculaire
- ➔ Activité 24/24, 7/7



EN BREF

- 55 LABORATOIRES EN RÉGION AUVERGNE-RHÔNE-ALPES
- 800 COLLABORATEURS DONT 60 BIOLOGISTES
- 95 MILLIONS D'EUROS DE CHIFFRE D'AFFAIRES

*Pour en savoir plus,
consultez l'intégralité de l'arrêté du 19 juin 2021.*

BIOLOGIE HOSPITALIÈRE

BIOLOGIE PRIVÉE

DIAGNOSTIC MOLÉCULAIRE

CLINICIENS

Découvrez d'autres articles de la biologie médicale sur le blog <https://diag-innov.biomerieux.fr/>



Lire attentivement les instructions figurant sur l'étiquetage et/ou la notice d'utilisation des produits.
Pour plus d'information, contactez votre représentant bioMérieux.