

Les nouvelles technologies de séquençage de l'ADN permettent aujourd'hui d'analyser tous les gènes d'une personne en quelques jours. C'est une véritable révolution.

Le séquençage de génomes entiers est réalisé par des machines baptisées NGS pour Next Generation Sequencing : **c'est le séquençage nouvelle génération.**

26

laboratoires
pour les analyses
quotidiennes



Au quotidien, pour l'étude des gènes de prédisposition au cancer en France, les 26 laboratoires d'analyses génétiques répartis sur l'ensemble du territoire travaillant auprès des patients étudient les panels de gènes dont les altérations sont associées à des risques accrus de cancer. Ces tests sont réalisés sur prescription médicale et de manière très encadrée.

Des plateformes haut débit pour tous nos gènes

Deux plateformes de séquençage haut débit seront prochainement mises en place dans le cadre du plan **France Médecine Génomique 2025** pour décrypter les 23 000 gènes humains (le génome) dans des délais de plus en plus courts.

Ces plateformes, baptisées AURAGEN et SEQOIA, seront sollicitées par les équipes médicales pour le diagnostic de maladies génétiques. Elles permettront à terme de réduire les coûts de réalisation et les délais d'attente, facilitant ainsi l'accès de tous à ces tests.

Des nouvelles questions soulevées par ces NGS

De nombreuses questions éthiques liées à l'interprétation des variations identifiées de l'ADN lors du séquençage complet du génome ou à la gestion des données génétiques recueillies restent posées. **Que faire par exemple de résultats non recherchés, découverts « par hasard », pour lesquels aucun traitement n'est disponible ou que l'on ne sait pas encore interpréter ?**

Si les avancées récentes en matière de lecture de génome ouvrent de nouveaux espoirs pour les familles concernées, les défis à relever, à la fois économiques, scientifiques et éthiques, sont immenses.

LE SÉQUENÇAGE

séquence inconnue



fragmentation



séquençage



EN CHIFFRES

Avec les techniques actuelles, les capacités de séquençage ont été multipliées par 100 000 depuis 2003, ce qui rend possible des analyses de génomes complets en quelques jours.