



Un autre projet mis de l'avant par **GenomeCanada**

Plateformes protéomiques intégrées à haut débit pour la découverte et la validation des biomarqueurs

État	En cours
Concours	Développement de nouvelles technologies
Secteur	Développement de nouvelles technologies
Centre de génomique	Génomique Québec
Chef de projet	Maryam Tabrizian

Description du projet

Les énormes progrès réalisés en génomique au cours des dernières années ont permis de cartographier le génome humain (ADN), le « plan détaillé » de l'organisme humain. Les gènes, les « unités d'information » que contient le génome, sont des instructions pour produire des protéines, les outils de travail moléculaires des systèmes biologiques. Les progrès récents en protéomique (étude des protéines) ont permis de découvrir et d'analyser de grands nombres de protéines individuelles. Cependant, à de nombreux égards, la protéomique soulève des défis technologiques et analytiques plus difficiles à relever que la génomique, à la fois en raison des grands volumes (de 20 000 à 25 000 gènes comparativement à environ un million de protéines chez les humains) et de la fragilité beaucoup plus grande des molécules des protéines que de l'ADN. Il s'est avéré très difficile de traiter en parallèle un grand nombre de protéines en vue d'applications médicales en raison des possibilités combinatoires qui découlent des affinités croisées dans un grand nombre de molécules candidates et leur propension à la liaison non spécifique. Voilà pourquoi les progrès technologiques en protéomique se sont faits à un rythme assez lent (comparativement à la génomique) et que des progrès importants dans les soins de santé tardent également à se produire.

Malgré de nombreuses tentatives de groupes partout dans le monde, la réussite jusqu'à maintenant dans ce domaine a été au mieux modeste, en raison de la difficulté du défi à relever. Le présent projet réunit une équipe interdisciplinaire très solide qui propose une solution technologique très novatrice à ce défi. L'équipe se fonde sur les travaux éprouvés récents de ses membres.

Il est proposé, dans le présent projet, de développer une technologie pour dépister avec efficacité et fiabilité un grand nombre de candidats pour l'identification de biomarqueurs protéiques de chacune des maladies et de miniaturiser la technologie pour en permettre un usage répandu. Le projet comprend une approche en deux volets pour relever ce défi difficile. Premièrement, en se basant sur la technologie récemment mise au point à McGill et à l'Université de Sherbrooke pour cibler de grands nombres de protéines candidates basés sur les réseaux de colocalisation et la détection multimodale, l'équipe élaborera une plateforme capable d'analyser en parallèle de grands volumes de molécules candidates – avec une très

haute spécificité et sensibilité. Cette plateforme sera au service des chercheurs de Génome Québec et de Génome Canada. Deuxièmement, en se basant sur la technologie récemment mise au point à McGill et à l'IMI, une version miniaturisée très facile à transporter de la technologie basée sur des microfluides numériques et des instruments optiques intégrés sera mise à la disposition de groupes de recherche partenaires pour l'analyse sur place de protéines candidates dans des applications ciblées.

À court terme, la plateforme influencera la découverte de biomarqueurs, car elle comblera l'écart entre la découverte de biomarqueurs par spectrométrie de masse et les diagnostics cliniques. La plateforme visée, qui permettra d'analyser en parallèle 100 segments, pourrait révolutionner les biomarqueurs et leur validation parce qu'elle pourra facilement être utilisée en laboratoire.

Cette plateforme protéomique intégrée est très largement axée sur la technologie, plus précisément sur l'élaboration et l'intégration de plateformes habilitantes. Au cours de ce projet, nous prévoyons qu'il n'y aura pas de grands enjeux en GE³DS (enjeux de la recherche en génomique liés à l'éthique, à l'environnement, à l'économie, au droit et à la société) dont il faudrait tenir compte et ne différeront pas de ceux que font naître les pratiques de recherche habituelles en sciences biomédicales.

Notre système, qui permettra le criblage à haut débit et de haute sensibilité de biomarqueurs protéiques multiples, constituerait une percée importante en médecine parce que les protéines sont les machines moléculaires de la vie et des indicateurs auxiliaires puissants des maladies.