

13 septembre 2016

DOCUMENT D'INFORMATION

Résultat du Concours de 2015 en bio-informatique et en génématique

Génome Canada, en partenariat avec les Instituts de recherche en santé du Canada (IRSC), est heureux d'annoncer les 16 projets retenus en vue d'un financement, à la suite de son Concours 2015 en bio-informatique et en génématique. Au total, quatre millions de dollars sont investis dans ces projets qui mettront au point la nouvelle génération d'outils et de méthodologies nécessaires au traitement des gros volumes de données produits par les technologies modernes de la génomique et fourniront à la communauté des chercheurs un large accès à ces outils.

COLOMBIE-BRITANNIQUE

Une nouvelle bio-informatique pour de nouvelles technologies de séquençage : la caractérisation du génome et la détection des variations à l'aide des lectures longues

Directeur de projet : Inanc Birol, British Columbia Cancer Agency

Centre de génomique administrateur : Genome British Columbia

Financement total : 250 000 \$

Le séquençage des gènes est devenu une méthode courante et économique de faire de la recherche dans de nombreux domaines des sciences de la vie. La technologie de séquençage la plus utilisée produit toutefois aujourd'hui des millions de séquences courtes, composées de 100 à 300 bases (les éléments constitutifs de l'ADN). Ces « lectures » courtes doivent être assemblées dans le bon ordre pour interpréter les données – à la manière d'une boîte de pièces de casse-tête qui promet un tableau, mais seulement lorsque les morceaux seront assemblés dans le bon ordre. Les lectures longues sont possibles, mais elles ont des taux d'erreur supérieurs et beaucoup de « bruit », ce qui oblige les chercheurs à choisir entre les lectures courtes de haute qualité comportant des lacunes et les lectures longues, mais bruitées.

Inanc Birol, Ph. D., du British Columbia Cancer Agency, est un chef de file mondial de l'assemblage des génomes. Il propose maintenant de développer un logiciel spécialisé qui assemblera et analysera rapidement, fidèlement et efficacement les lectures de séquences longues. Les

nouveaux outils, qui seront publiés gratuitement en ligne, permettront à des équipes, partout dans le monde, de progresser rapidement dans divers projets.

Analyse automatisée des mégadonnées de la cytométrie en flux

Directeurs de projet : Ryan Brinkman, British Columbia Cancer Agency; Cedric Chauve, Université Simon Fraser; Sara Mostafavi, Université de la Colombie-Britannique

Centre de génomique administrateur : Genome British Columbia

Financement total : 249 994 \$

La cytométrie en flux consiste en des cellules en suspension dans un fluide qui est ensuite passé dans le faisceau d'un laser. Les essais basés sur la cytométrie en flux sont maintenant largement utilisés en recherche en santé et sont importants pour le diagnostic des cancers du sang, la surveillance des infections virales (p. ex., le VIH), la mise au point de vaccins et la recherche sur les cellules souches. La technologie de cytométrie en flux s'étant améliorée au fil des ans, le volume de données qu'elle produit par cellule a plus que quintuplé, à tel point qu'il est à peu près impossible d'analyser manuellement ces données, sans passer à côté d'une grande partie de l'information contenue dans ces cellules. Pour exploiter la puissance des mégadonnées de la cytométrie en flux, il faut mettre au point et diffuser largement des outils d'analyse et des méthodes statistiques.

Ryan Brinkman, Ph. D. (BC Cancer Agency), Cedric Chauve, Ph. D. (Université Simon Fraser), et Sara Mostafavi, Ph. D. (UBC) mettent au point une approche sous forme de graphiques faciles à utiliser pour représenter l'information produite par la cytométrie en flux, de même que de nouvelles approches pour l'identification des populations cellulaires supervisées et non supervisées. Les utilisateurs pourront, entre autres avantages, cibler de nouveaux groupes de patients, par exemple ceux qui ne réagissent pas à certains médicaments, ce qui permettra d'offrir une médecine véritablement personnalisée.

PathOGIST : une analyse multicritères calibrée en microbiologie de la santé publique

Directeurs de projet : Leonid Chindelevitch, Université Simon Fraser; William Hsiao, Université de la Colombie-Britannique; Cedric Chauve, Université Simon Fraser

Centre de génomique administrateur : Genome British Columbia

Financement total : 250 000 \$

Les agences de santé publique protègent la population contre les maladies infectieuses en surveillant les agents responsables de ces maladies (pathogènes) et en intervenant lorsque surviennent des éclosions de maladie. Sans ces efforts concertés, la santé de notre population serait menacée. Aujourd'hui, les travailleurs en santé publique peuvent effectuer le séquençage pangénomique d'agents pathogènes pour étudier les risques et déterminer la source des éclosions. Il demeure toutefois difficile de transformer ces données en interventions concrètes.

Leonid Chindelevitch, Ph. D., Cedric Chauve, Ph. D. (Université Simon Fraser), et William Hsiao, Ph. D. (UBC) élaborent un cadre informatique solide et statistiquement fiable appelé PathOGIST pour que les travailleurs en santé publique et d'autres puissent rapidement classer les agents pathogènes en groupes apparentés sur le plan épidémiologique, en se fondant sur les données de séquençage, et produire des rapports de génomique interprétés qui orienteront leurs interventions. PathOGIST révolutionnera la gestion des éclosions de maladies, assurera des réactions plus rapides qui réduiront considérablement l'incidence à la fois sanitaire et économique de ces éclosions.

OnTarget : logiciel fondé sur les mégadonnées pour l'illustration des régions cis-régulatrices contrôlant l'expression des gènes humains

Directeur de projet : Wyeth Wasserman, Université de la Colombie-Britannique

Centre de génomique administrateur : Genome British Columbia

Financement total : 250 000 \$

Quelque deux millions de Canadiens vivent avec une maladie génétique. Un grand nombre de ces maladies ne sont pas bien comprises et il est difficile de traiter et de soigner les patients. Les traitements existants sont souvent d'un prix exorbitant et imposent des coûts qui dépassent la capacité du système de santé. La thérapie génique peut traiter de nombreuses maladies génétiques. Le concept est simple : la thérapie génique place et active un gène pour remplacer un gène au fonctionnement anormal, ce qui en restaure la fonction. Son application est plus compliquée, en partie parce que les thérapies les plus récentes ne restreignent pas l'activation du gène placé aux cellules touchées seulement, ce qui peut engendrer des effets indésirables.

Wyeth Wasserman, Ph. D., de l'Université de la Colombie-Britannique, dirige une équipe qui mettra au point OnTarget, un logiciel qui permettra aux chercheurs de concevoir des séquences d'ADN court pour activer spécifiquement les gènes placés dans les cellules ciblées seulement. Par une interface Web conviviale, les chercheurs pourront choisir et optimiser les séquences d'ADN humain pour cibler l'expression thérapeutique des gènes aux bonnes cellules, en fonction de la maladie à traiter. OnTarget réduira les coûts de la conception des traitements de thérapie génique et pourrait en améliorer la sécurité et l'efficacité. Les bénéficiaires ultimes seront les patients atteints d'une maladie génétique qui ont besoin de traitement.

Genomic Epidemiology Application Ontology (GenEpiO)

Directeurs de projet : William Hsiao, Université de la Colombie-Britannique; Andrew G. McArthur, Université McMaster; Fiona S.L. Brinkman, Université Simon Fraser

Centre de génomique administrateur : Genome British Columbia

Centre de génomique coresponsable : Ontario Genomics

Financement total : 250 000 \$

Les éclosions de maladies infectieuses ont d'importantes répercussions sur la santé humaine, la production agroalimentaire, la santé animale et l'économie. Des interventions inefficaces en santé

publique peuvent donner lieu à des éclosions qui propagent les maladies comme le virus Zika et les maladies d'origine alimentaire, ce qui peut avoir d'énormes conséquences sur la santé et des coûts économiques élevés. Le séquençage de l'ADN fournit l'« empreinte » complète d'un microbe, ce qui permet un suivi sans précédent de la propagation des maladies infectieuses. Lorsque les éclosions prennent une ampleur mondiale toutefois (il suffit de penser au SRAS ou aux microbes résistant aux antimicrobiens), il faut partager les données en toute sécurité et avec efficacité entre les organismes de santé publique. Malheureusement, les données sont souvent gardées dans des formats particuliers aux établissements, ce qui rend ces partages difficiles, coûteux et chronophages.

William Hsiao, Ph. D. (UBC), Andrew G. McArthur, Ph. D. (Université McMaster), et Fiona Brinkman, Ph. D. (Université Simon Fraser) amélioreront l'intégration et le partage des données sur les maladies infectieuses et la résistance antimicrobienne entre les organismes en santé publique, grâce à la plateforme Genomic Epidemiology Application Ontology (GenOpIO). Celle-ci permettra aux travailleurs en santé publique de partager des données sur les éclosions plus rapidement et d'effectuer des analyses plus poussées, ce qui aidera à atténuer les effets néfastes des éclosions de maladies sur la santé et l'économie.

ONTARIO

Visualisation améliorée et automatisée de données complexes

Directeur de projet : Paul C. Boutros, Institut ontarien de recherche sur le cancer

Centre de génomique administrateur : Ontario Genomics

Financement total : 250 000 \$

La recherche moderne en génomique produit des volumes impressionnants de données. Ces ensembles de données sont cependant trop volumineux et complexes pour être utiles par eux-mêmes. Les chercheurs doivent d'abord analyser et interpréter les données biologiques pour mieux les comprendre et les transformer en une information utile. Celle-ci peut ensuite être utilisée pour aider à résoudre des problèmes concrets, par exemple élaborer de nouveaux outils ou de nouvelles stratégies pour mieux diagnostiquer et traiter les patients, accroître les rendements des cultures ou surveiller l'environnement. De plus en plus, la capacité de l'utilisateur final d'interpréter les données est le principal facteur qui empêche les chercheurs de découvrir plus rapidement des solutions indispensables.

Paul C. Boutros, Ph. D., de l'Institut ontarien de recherche sur le cancer dirige une équipe qui cherche des moyens de rendre les résultats des « mégadonnées » plus faciles à comprendre en améliorant la visualisation et l'interprétation. L'équipe créera des outils interactifs de visualisation qui s'intégreront étroitement aux bases de données que les chercheurs ont déjà l'habitude d'utiliser. L'équipe utilisera l'externalisation ouverte pour obtenir les meilleures idées de visualisation auprès d'une large communauté de chercheurs, de graphistes et de citoyens scientifiques. Le projet mettra à profit la capacité du cerveau humain d'interpréter les images, afin

de rendre les conclusions des données biologiques plus immédiatement accessibles et accélérer le taux de découverte et d'innovation en biologie.

Paysage épigénétique unifié pour les troubles congénitaux, les troubles de développement et les troubles d'enfance

Directeurs de projet : Michael Brudno, Rosanna Weksberg, Hôpital pour enfants malades de Toronto

Centre de génomique administrateur : Ontario Genomics

Financement total : 249 900 \$

L'épigénétique désigne l'étude des facteurs génétiques et externes, par exemple l'exposition dans l'environnement ou les choix de modes de vie des parents et des grands-parents, qui influencent l'expression des gènes. Les perturbations épigénétiques jouent un rôle clé dans les maladies. La découverte des biomarqueurs épigénétiques est cependant compliquée par la complexité de la signalisation épigénétique dans les cellules ou les tissus, et par le fait que de nombreux troubles génétiques différents, par exemple les troubles de développement chez les enfants, peuvent avoir des symptômes cliniques semblables. Malgré le grand volume de données produites par les nouvelles technologies, il existe peu d'outils diagnostiques qui peuvent regrouper les données épigénétiques recueillies par les divers groupes aux plateformes expérimentales différentes. Ces outils sont essentiels pour établir des liens entre les motifs moléculaires et la présentation clinique.

Michael Brudno, Ph. D., et Rosanna Weksberg, Ph. D., de l'Hôpital pour enfants malades de Toronto mettent au point une nouvelle ressource dans le Web pour analyser les ensembles de données épigénétiques associés à des données cliniques complètes, et se concentrent sur les troubles du développement tels que la déficience intellectuelle et l'autisme. Leur système fournira un contexte riche pour l'exploration de la dysrégulation épigénétique dans un nombre grandissant de maladies épigénétiques infantiles.

Dockstore : une plateforme de partage des outils indépendants d'informatique en nuage avec la communauté des chercheurs

Directeur de projet : Vincent Ferretti, Lincoln Stein, Institut ontarien de recherche sur le cancer

Centre de génomique administrateur : Ontario Genomics

Financement total : 250 000 \$

Une conséquence inattendue de l'essor de la génomique a été la prolifération des grands ensembles de données, ce qui rend l'analyse de plus en plus difficile. Un autre problème est l'absence de normalisation dans la présentation, la description et l'exécution des outils d'analyse dans les différents environnements informatiques. Vincent Ferretti, Ph. D., et Lincoln Stein, Ph. D., de l'Institut ontarien de recherche sur le cancer, en collaboration avec Brian O'Connor, Ph. D., de l'Université de Californie, à Santa Cruz, ont mis au point une application Web appelée Dockstore qui vise à résoudre le problème d'encapsulation et de partage des outils de bio-informatique pour qu'ils puissent passer d'un environnement à un autre.

Les chercheurs ajoutent maintenant des caractéristiques importantes à la plateforme Dockstore pour continuer de l'améliorer et de la faire évoluer. Ils intégreront également les outils bio-informatiques et les flux de production de la Global Alliance for Genomics and Health (GA4GH) en vue de les redistribuer à la grande communauté des chercheurs et ils travailleront avec des collaborateurs pour faciliter l'enregistrement de leurs outils de haute qualité dans Dockstore. En dernier lieu, les chercheurs collaboreront avec d'autres projets pour faciliter le partage des outils entre des services d'archives génomiques. Ces activités stimuleront l'utilisation de Dockstore, ce qui accroîtra le partage des outils entre les chercheurs dans des domaines aussi diversifiés que l'agriculture, l'énergie et la santé humaine.

Kamphir : un cadre polyvalent pour l'adaptation des modèles aux formes des arbres phylogénétiques

Directeur de projet : Art F.Y. Poon, Université Western

Centre de génomique administrateur : Ontario Genomics

Financement total : 205 365 \$

La phylodynamique est un domaine émergent et en croissance rapide qui allie l'épidémiologie à la génématique pour lutter contre les éclosions de maladies infectieuses. Ce champ d'études vient du concept de la phylogénie dans lequel un arbre représente comment différentes populations – d'infections virales, par exemple – sont reliées par une série d'ancêtres communs. Les similitudes génétiques dans les populations sont utilisées pour reconstruire ces liens ancestraux dans le temps.

Ce domaine est particulièrement important dans le cas des virus qui évoluent si rapidement que chaque infection devient génétiquement unique dans les semaines ou les mois qui suivent la transmission de l'hôte antérieur. La phylogénie des virus peut donc servir à estimer comment les infections se propagent dans la population hôte. La phylodynamique a déjà beaucoup influencé notre compréhension des éclosions, dont celles du VIH, de l'hépatite C et du virus Ebola. La simplicité des modèles qui ne peuvent pas prendre en compte de grands ensembles de données entrave cependant les progrès.

Art F.Y. Poon, Ph. D., de l'Université Western en Ontario élabore une toute nouvelle approche de la phylodynamique et cherche à adapter une méthode de reconnaissance des tracés pour que les ordinateurs « voient » les caractéristiques communes de différents arbres. Cette approche inédite permettra d'intégrer des modèles plus réalistes et de plus grands ensembles de données, ce qui améliorera les initiatives mondiales de gestion et d'éradication des maladies infectieuses en santé publique.

Pipeline et navigateur ePlant pour l'accès et l'intégration des données multiniveaux des sciences dites « omiques » sur 15 espèces importantes sur le plan agronomique pour l'établissement d'hypothèses

Directeur de projet : Nicholas Provar, Université de Toronto

Centre de génomique administrateur : Ontario Genomics

Financement total : 250 000 \$

Au cours des cinq dernières années seulement, des immenses volumes de données ont été produits sur 15 espèces végétales importantes pour le Canada dont le peuplier, le maïs, le riz, l'orge, le blé, le soja et les tomates. Il faudra pouvoir utiliser efficacement ces données pour améliorer et gérer ces cultures afin de nourrir et abriter un monde qui comptera neuf milliards de personnes d'ici 2050 et lui fournir de l'énergie dont il aura besoin.

L'ePlant Framework, mis au point grâce à une subvention précédente de Génome Canada, permet aux chercheurs de voir facilement où et quand un gène est « actif » et si des variantes génétiques naturelles pourraient faire en sorte qu'il fasse mieux son « travail »; ce cadre ne contient actuellement des données que sur une seule espèce et il faut maintenant des données sur d'autres espèces. Le chercheur principal, Nicholas Provar, Ph. D. (Université de Toronto), envisage de mettre au point un ePlant Pipeline pour faciliter la création de n'importe quelle ePlant, en se fondant sur des données génomiques ou des séquences exomiques. L'ePlant Navigator permettra des comparaisons entre cultivars et entre espèces, ce qui permettra d'établir des hypothèses solides. L'accès facile à ces ensembles de données permettra aux chercheurs d'explorer la diversité génétique, l'expression des gènes et d'autres données sur des gènes importants pour améliorer les cultures.

Assemblage rapide et accessible du génome, à l'aide du séquençage de lectures longues

Directeur de projet : Jared Simpson, Université de Toronto et Institut ontarien de recherche sur le cancer

Centre de génomique administrateur : Ontario Genomics

Financement total : 250 000 \$

La technologie de séquençage de l'ADN a progressé, passant du séquençage de génomes de référence uniques, qui coûtait cher et nécessitait un temps considérable, à l'ère actuelle du séquençage avec lectures courtes peu coûteux et à haut rendement. La « troisième génération » de la technologie de séquençage de l'ADN qui commence à émerger offre la possibilité de mettre le séquençage de lectures longues du génome aux mains d'un plus grand nombre de chercheurs, ce qui permettra de nouvelles applications, grâce aux instruments portables qui décentraliseront la technologie de séquençage.

M. Jared Simpson, Ph. D., de l'Université de Toronto, met au point un logiciel d'assemblage génomique solide et efficace, facile d'utilisation, pour faire correspondre les capacités de ces

nouveaux instruments de séquençage. Le logiciel s'adressera aux biologistes et à d'autres utilisateurs finaux du séquençage qui ne possèdent pas beaucoup d'expertise en bio-informatique.

QUÉBEC

Calculs de réseaux de régulation micro-ARN : ARNm de types cellulaires spécifiques permettant la mise au point d'agents thérapeutiques personnalisés à base d'ARN interférent

Directeurs de projet : François Major, Université de Montréal, Thomas Duchaine, Université McGill

Centre de génomique administrateur : Génome Québec

Financement total : 250 000 \$

Tout comme votre domicile est doté d'un système de sécurité pour vous protéger contre les intrus, il en va de même de votre organisme, qui lui bloque l'action de certains gènes - ce mécanisme est connu sous le nom d'extinction génique. Il permet de lutter à la fois contre les envahisseurs externes, comme les virus, et les dérèglements internes comme ceux qui causent le cancer.

L'extinction génique fait intervenir les micro-ARN, une classe d'ARN. Grâce aux avancées récentes dans les techniques de biochimie, les chercheurs peuvent aujourd'hui créer des micro-ARN artificiels et les introduire dans les cellules. François Major (Université de Montréal) et Thomas Duchaine (Université McGill) travaillent à la mise au point d'outils computationnels qui permettront d'identifier les gènes en cause dans certaines maladies, ainsi que de concevoir des traitements basés sur des micro-ARN pouvant bloquer simultanément une série de gènes prédéterminés. Une fois mis au point, ce logiciel sera mis à la disposition du milieu scientifique au moyen d'interfaces et d'applications Web faciles à utiliser.

Outil pour les études d'association pangénomiques portant sur les bactéries

Directeurs du projet : Jesse Shapiro, Université de Montréal; Luis Barreiro, CHU Sainte-Justine

Centre génomique administrateur : Génome Québec

Financement total : 250 000 \$

Il existe un besoin pressant d'améliorer le diagnostic des infections résistantes aux antibiotiques. Les analyses diagnostiques permettent aux médecins et aux vétérinaires de prescrire le bon antibiotique au bon moment. Dans bien des cas, ces analyses sont d'une importance capitale pour réduire au minimum la morbidité et la mortalité associées à une infection et diminuer les coûts liés à la résistance bactérienne, actuellement estimés à 500 millions de dollars par année. L'un des principaux problèmes réside dans le fait qu'il faut un certain temps avant de connaître les résultats d'une culture bactérienne.

Les outils de diagnostic moléculaire pourraient offrir la possibilité d'obtenir plus rapidement les résultats au point de service, mais leur utilisation nécessite de connaître les gènes ou les mutations à rechercher, alors que les gènes responsables de la résistance bactérienne demeurent inconnus à ce jour. Jesse Shapiro (Université de Montréal) et Luis Barreiro (CHU Sainte-Justine) travaillent à la mise au point d'un logiciel permettant de cibler les gènes bactériens ou les mutations associées à la résistance aux antibiotiques (ou à tout autre caractère bactérien d'intérêt), et ce, à l'aide d'études d'association pangénomiques. Ce logiciel devrait fournir le chaînon manquant entre le séquençage du génome bactérien et le développement d'outils de diagnostic moléculaire rapides et fiables. Les chercheurs, les cliniciens et les vétérinaires seront alors en mesure de prendre des décisions thérapeutiques éclairées, ce qui réduira le recours aux traitements inutiles et coûteux et améliorera la santé humaine et animale.

Méthodes génomatiques et bases de données permettant d'identifier les petites molécules de liaison à l'ARN qui régulent l'expression génétique

Chefs de projet : Jérôme Waldispühl, Nicolas Moitessier, Université McGill

Centre génomique administrateur : Génome Québec

Financement total : 249 999 \$

L'ARN messager (ARNm) désigne des molécules d'ARN qui transportent les messages de l'ADN dans le cadre de l'expression génétique. Les riborégulateurs, qui n'ont été découverts qu'en 2002, semblent être une classe ancienne, mais répandue, d'éléments de l'ARNm. L'un de ces riborégulateurs, le riborégulateur activé par la flavine mononucléotide (FMN), offre une cible prometteuse pour les antibiotiques. Ce riborégulateur joue un rôle essentiel dans la production de la riboflavine (ou vitamine B₂) chez les bactéries, mais non chez les humains. L'activation du riborégulateur FMN bactérien pourrait donc interrompre cette voie biosynthétique et empêcher la croissance des bactéries, sans avoir d'incidence sur la santé humaine. Il est très probable que plusieurs autres riborégulateurs pourraient être des cibles potentielles pour de nouvelles petites molécules thérapeutiques. Il reste toutefois à les découvrir, ainsi qu'à découvrir les petites molécules qui s'y fixent.

Cependant, la recherche de petites molécules peut être un processus long et fastidieux. Le criblage virtuel à haut débit est un procédé à la fois plus rapide et moins coûteux que toute autre approche expérimentale. Les professeurs Jérôme Waldispühl et Nicolas Moitessier, tous deux de l'Université McGill, sont à mettre au point l'infrastructure et la technologie computationnelles nécessaires pour le criblage du génome entier des éléments des riborégulateurs et pour l'identification de petites molécules nouvelles qui les activent.

Externalisation ouverte des bases de données génomiques

Directeurs de projet : Jérôme Waldispühl, Université McGill; Olivier Tremblay-Savard, Université du Manitoba

Centre de génomique administrateur : Génome Québec

Centre de génomique coresponsable : Genome Prairie

Financement total : 250 000 \$

Les vastes ensembles de données génomiques, les annotations et les connaissances approfondies en biologie, qui sont accessibles en ligne, représentent une source d'information essentielle ayant grandement contribué à l'expansion rapide de ce domaine. Afin qu'elles demeurent pertinentes pour la recherche d'aujourd'hui, ces ressources exigent une maintenance continue et doivent être constamment mises à jour avec de nouveaux renseignements biologiques. Malgré leur contribution fondamentale au pipeline de découvertes, on observe une baisse du soutien pour les principales bases de données génomiques.

Jérôme Waldispühl (Université McGill) et Olivier Tremblay-Savard (Université du Manitoba) travaillent à l'intégration des bases de données génomiques dans les réseaux sociaux en développant une plateforme d'externalisation ouverte Web et mobile pour la gestion, la maintenance et l'actualisation de ces bases de données. Le système sera adapté aux étudiants et aux enseignants des écoles secondaires et des universités. La mise en œuvre de ce projet permettra de démontrer les vastes répercussions de l'externalisation ouverte sur la résolution des défis financiers ou techniques considérables auxquels on fait face en ce qui a trait au maintien des ressources clés en recherche biologique.

ATLANTIQUE

Prédiction rapide de la résistance antimicrobienne à partir d'échantillons métagénomiques : données, modèles et méthodes

Directeurs de projets : Robert Beiko, Université Dalhousie; Andrew G. McArthur, Université McMaster

Centre de génomique administrateur : Genome Atlantic

Centre de génomique coresponsable : Ontario Genomics

Financement total : 250 000 \$

Les antimicrobiens (antibiotiques) sont des aspects fondamentaux de la lutte contre les maladies infectieuses depuis presque un siècle. Leur efficacité diminue cependant en raison de l'augmentation de la résistance antimicrobienne (RAM). Il est de plus en plus urgent d'en savoir plus sur la RAM afin de mieux comprendre ses conséquences et de surveiller sa présence dans l'environnement, dans l'industrie agroalimentaire, chez les patients et à l'échelle des populations. Il est indispensable de pouvoir analyser les génomes de microorganismes résistants, mais cette analyse coûte cher et prend beaucoup de temps. La métagénomique permet le profilage génétique des microbes en tant que communauté, mais les ensembles de données sont énormes et contiennent un grand nombre de données peu pertinentes. Il n'existe pas, à l'heure actuelle, de logiciel conçu spécifiquement pour prédire directement les profils RAM à partir de données métagénomiques, ce qui permettrait de profiler la RAM plus rapidement et faciliterait l'établissement des priorités entre des gènes candidats pour des recherches plus approfondies.

Robert Beiko, Ph. D., de l'Université Dalhousie, Andrew G. McArthur, Ph. D., de l'Université McMaster, et Fiona Brinkman, Ph. D., de l'Université Simon Fraser dirigent un projet qui vise à créer un nouveau logiciel et des outils de bases de données qui fourniront une image quasi instantanée des organismes de RAM dans un échantillon, ce qui facilitera la recherche sur la RAM et les interventions en réponse à des menaces de RAM qui se répercutent à la fois sur la production agroalimentaire et la santé publique.