



## DOCUMENT D'INFORMATION

### Concours 2015 : Innovation de rupture en génomique Résultats de la phase 1

En juin 2015, Génome Canada a lancé le Concours 2015 : Innovation de rupture en génomique (IRG). Ce concours a pour principal objectif d'appuyer des projets axés sur la mise au point d'une **innovation de rupture** dans le domaine de la génomique. Dans ce contexte, ce type d'innovation désigne *une nouvelle technologie génomique ou une technologie d'un autre domaine, mais appliquée à celui de la génomique, qui possède un véritable pouvoir de transformation parce qu'elle peut soit supplanter une technologie existante, soit perturber un marché existant, soit créer un nouveau marché. Une innovation de rupture permet de faire quelque chose qui n'était pas possible auparavant et se distingue d'une amélioration marginale d'une technologie existante.*

Pour que la communauté des chercheurs en génomique en bénéficie le plus possible, le programme IRG se déroulera en deux phases :

La **phase 1** appuie les activités qui prouveront la faisabilité d'une « idée » – cette technologie fonctionne-t-elle et que peut-elle faire? Cette phase vise à attirer des *idées* d'innovations de rupture possibles de la part de personnes qui ont un besoin à combler (c.-à-d. les utilisateurs), des concepteurs de technologies ou d'autres qui ont de bonnes idées.

La **phase 2** appuie la mise au point d'un prototype (procédé, produit et/ou méthode) qui fera progresser « l'idée ». Deux séries de financement de la phase 2 sont prévues (la deuxième série ne sera offerte qu'aux projets de la phase 1 jugés admissibles).

Vingt projets ont été choisis en vue d'un financement dans le cadre de la phase 1 et Génome Canada y investira environ cinq (5) millions de dollars. Aucune autre source de cofinancement n'a été exigée pour ces projets. (La première série des projets de la phase 2 figure dans un [document d'information](#) distinct.)

## COLOMBIE-BRITANNIQUE

### **Trousse d'outils de chimioaffinité pour la protéomique de la méthylation**

**Directeur de projet** : Fraser Hof, Université de Victoria

**Centre de génomique administrateur** : Genome British Columbia

**Financement total** : 238 800 \$

Les cellules humaines contiennent des dizaines de milliers de protéines qui, pour la plupart, sont contrôlées par des modifications qui peuvent être aussi infimes qu'un seul atome de carbone (« groupement méthyle ») ajouté de diverses manières subtiles. Partout dans le monde, les chercheurs et les centres d'essai clinique n'ont pas de méthode générale, fiable et universellement acceptée pour effectuer cette analyse du méthyle. Le marché de la recherche et des diagnostics ciblés du méthyle croît rapidement et se prête à l'innovation de rupture. M. Fraser Hof, Ph. D., et son équipe de l'Université de Victoria adapteront une famille de ces éléments chimiques pouvant se lier à des protéines méthylées. Par ces travaux de validation de principe, l'équipe transformera la recherche sur la méthylation, mènera à de nouveaux médicaments et à de nouveaux diagnostics, et stimulera les ventes, la création d'emplois et de nouvelles connaissances scientifiques dans des douzaines de laboratoires de recherche et des milliers de centres de diagnostics.

### **Réimaginer l'exploration du génome pour l'ère de la génomique à l'échelle de la cellule unique**

**Directeur de projet** : Sohrab Shah, Université de la Colombie-Britannique

**Codirecteur du projet** : Cydney B. Nielsen, Université de la Colombie-Britannique

**Centre de génomique administrateur** : Genome British Columbia

**Financement total** : 250 000 \$

La diversité génétique dans les tumeurs cancéreuses contribue à la résistance aux médicaments, de même qu'à la propagation et à la progression de la maladie. Même si les chercheurs peuvent séquencer des cellules individuelles, il n'existe aucun outil pour visualiser efficacement les millions de génomes qui existent dans une seule tumeur. Sohrab Shah, Ph. D., de l'Université de la Colombie-Britannique propose une technologie de moteur de recherche hautement évolutive, appelé Elasticsearch, dans le domaine de la génomique à l'échelle de la cellule unique. Cette technologie aura des effets immédiats dans la communauté internationale des chercheurs sur le cancer et aidera à mieux comprendre l'influence des génomes de cellules tumorales individuelles sur les réactions au traitement, ce qui révélera les mécanismes de résistance et de nouvelles cibles thérapeutiques.

### **GNOmics : Graphs 'N' Omics**

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

**Centre de génomique administrateur** : Genome British Columbia

**Financement total** : 250 000 \$

Le séquençage de génomes humains individuels peut faire diminuer les coûts des soins de santé et améliorer les résultats grâce à la personnalisation avancée des traitements et à la médecine préventive. Les génomes humains individuels doivent être analysés par rapport à un génome de référence qui équivaldrait à l'image d'un casse-tête une fois terminé – il accélérerait le placement des pièces. Wyeth Wasserman, Ph. D., de l'Université de la Colombie-Britannique mettra en œuvre un nouveau modèle graphique, le GNOmics (acronyme pour graphique et « omique ») Genome Model (GGM), qui fournira un nouveau cadre informatique robuste pour l'analyse des variations génétiques qui contiendra une base de données de référence unifiées et des données génétiques publiques. Le GGM intègre beaucoup plus d'information lorsqu'il représente des données génomiques, ce qui pourrait améliorer l'exactitude sans pour autant compromettre la rapidité ou accroître considérablement le poids sur les ressources informatiques.

## **ONTARIO**

### **Technologie AbSyn pour l'identification de produits thérapeutiques anticancéreux synergiques**

**Directeur de projet** : Charles Boone, Université de Toronto

**Codirecteur du projet** : Jason Moffat, Université de Toronto

**Centre de génomique administrateur** : Ontario Genomics

**Financement total** : 249 389 \$

Le séquençage génomique a révolutionné notre compréhension des changements génétiques qui engendrent le cancer. Malheureusement, les traitements demeurent plutôt archaïques, car les traitements généralisés datent de décennies, peuvent être hautement toxiques et ne tiennent pas compte des différences génétiques subtiles de la maladie d'un patient à l'autre. Charles Boone et son équipe de l'Université de Toronto mettent au point AbSyn, une nouvelle technologie qui déterminera des polythérapies adaptées à des cancers individuels. AbSyn veut dire production d'anticorps (Ab) dont le potentiel de traitement du cancer a été largement inexploité et élucidation des réseaux génétiques afin de produire des polythérapies ou thérapies synergiques (Syn) contre le cancer, basées sur ces anticorps. AbSyn changera la façon dont nous établissons les priorités et découvrons de nouveaux médicaments anticancéreux, bâtissant un nouveau pont entre les lacunes de la compréhension biologique et le processus commercial de découverte des médicaments.

### **Séquençage de l'ARN dans des modèles ex-vivo provenant de patients : diagnostics génétiques au-delà d'exomes entiers**

**Directeur de projet** : James Dowling, Hôpital pour enfants malades de Toronto

**Codirecteur du projet** : Michael Brudno, Hôpital pour enfants malades de Toronto

**Centre de génomique administrateur** : Ontario Genomics

**Financement total** : 250 000 \$

Il existe plus de 6 000 maladies rares causées par des mutations d'un seul gène; collectivement, elles touchent plus de 500 000 enfants canadiens. Dans plus de la moitié des cas, on ne connaît pas exactement le gène à l'origine de la maladie. Le séquençage de l'ARN peut offrir une stratégie pour découvrir les nouvelles mutations génétiques à l'origine de maladies rares, mais il ne peut être utilisé sans tissus précis dans lesquels la maladie est présente. D<sup>r</sup> James Dowling et Michael Brudno, Ph. D., de l'Hôpital pour enfants malades de Toronto (SickKids) utiliseront des modèles de maladie *ex vivo* créés par Sickkids au lieu des biopsies de tissus pour effectuer le séquençage de l'ARN et découvrir des mutations génétiques. En combinant les progrès récents en biologie cellulaire, en génomique et en bio-informatique, le laboratoire pourra développer une nouvelle méthodologie diagnostique, transformant ainsi fondamentalement le processus de diagnostic clinique.

### **Séquençage massivement parallèle d'une seule molécule protéique *in situ***

**Directeur de projet :** Andrew Emili, Université de Toronto

**Centre de génomique administrateur :** Ontario Genomics

**Financement total :** 250 000 \$

Les protéines sont les molécules primaires de la cellule qui effectuent à peu près tous les processus biologiques. Lorsqu'elles ne fonctionnent pas comme elles le devraient, elles peuvent engendrer des maladies humaines telles que le cancer, l'Alzheimer, le diabète et les cardiopathies. M. Andrew Emili, Ph. D., de l'Université de Toronto, élaborera une nouvelle technologie d'imagerie submicroscopique révolutionnaire qui permettra aux chercheurs d'identifier et de quantifier à un niveau de détail sans précédent chacune des molécules protéiques différentes présentes par millions dans les cellules et les tissus humains. Les sondes chimiques exclusives et les « trousseaux d'outils » que lui et son équipe mettent au point s'appliqueront à une grande diversité de spécimens biomédicaux, remplaceront les technologies existantes et finiront par transformer l'étude de la biologie cellulaire humaine et la médecine.

### **RapidAIM : une analyse à haut rendement du microbiome individuel**

**Directeur de projet :** Daniel Figey, Université d'Ottawa

**Codirecteur du projet :** Alain Stintzi, Université d'Ottawa

**Centre de génomique administrateur :** Ontario Genomics

**Financement total :** 250 000 \$

Les quelque 1 000 espèces différentes de bactéries qui colonisent notre tube digestif, sont collectivement appelées le microbiome. M. Daniel Figey, Ph. D., et Alain Stintzi, Ph. D., de l'Université d'Ottawa, mettent au point Rapid AIM pour déterminer comment les médicaments influencent le microbiome et vice-versa. L'équipe mettra également au point un programme génomique qui combinera et analysera ces résultats afin de mieux prévoir l'efficacité des médicaments et les résultats cliniques. RapidAIM permettrait le criblage rapide de médicaments candidats ou existants pour en déterminer les effets néfastes possibles sur le

microbiome. Les avantages économiques prendront la forme d'une analyse commercialisable et d'une plateforme génomique pour le criblage des microbiomes humains.

### **Mise au point d'une trousse d'outils génétiques perfectionnés visant la bactérie *Sinorhizobium meliloti* pour permettre l'ingénierie à l'échelle génomique**

**Directeur de projet :** Turlough Finan, Université McMaster

**Centre de génomique administrateur :** Ontario Genomics

**Financement total :** 250 000 \$

Le génie génétique vise à améliorer les résultats en agriculture par l'amélioration de traits tels que la résistance à la maladie, la tolérance à la sécheresse ou des niveaux de production supérieurs. Pour ce faire, cependant, il faut un hôte dans lequel les gènes peuvent être implantés et des chercheurs qui effectuent des manipulations génétiques, un processus appelé biologie synthétique. MM. Turlough Finan, Bogumil Karas et Trevor Charles, Ph. D., mettent au point un système d'hôtes bactériens substitués (*Sinorhizobium meliloti*) qui permet de reproduire et de créer de larges fragments d'ADN et de les transférer efficacement dans l'organisme initial. En plus de son application générale en ingénierie des génomes, la technologie de l'hôte substitut *S. meliloti* peut être utilisée pour mettre au point à brèves échéances des technologies, notamment la production de grandes bibliothèques d'ADN métagénomiques pour la bioprospection.

### **Biocapteurs cellulaires pour le dépistage rapide des attractifs pour insectes**

**Directeur de projet :** Peter J. Krell, Université de Guelph

**Codirecteur du projet :** Daniel Doucet, Ressources naturelles Canada

**Centre de génomique administrateur :** Ontario Genomics

**Financement total :** 233 901 \$

La foresterie et l'agriculture sont des secteurs clés de l'activité économique au Canada et représentent près de 8 % du PIB. Les insectes ravageurs menacent toutefois continuellement la vitalité de ces secteurs. La génomique fonctionnelle promet depuis longtemps d'offrir de nouvelles solutions aux problèmes récurrents et nouveaux des ravageurs. Peter J. Krell, Ph. D., de l'Université de Guelph, en collaboration avec MM. Daniel Doucet, Ph. D., et Jeremy Allison, Ph. D. (RNCAN), crée des systèmes de surveillance et d'atténuation très sensibles qui cibleront les insectes, à l'aide d'une famille de gènes des insectes appelée récepteurs olfactifs (RO). Cette innovation devrait non seulement transformer la discipline de la génomique fonctionnelle, mais également le domaine de la gestion des ravageurs. Cette dernière, qui engendre des coûts énormes (on prévoit notamment qu'il faudra consacrer 890 millions de dollars à la lutte contre l'agrile du frêne), serait beaucoup plus réalisable et rapide. Donc, tant en principe qu'en pratique, cette innovation de rupture contribuerait à préserver la position du Canada en tant qu'exportateur important de produits forestiers et agricoles et à mettre au point des outils sensibles de surveillance des insectes.

## **Assemblage pangénomique *de novo* économique et à haut rendement**

**Directeur de projet** : Stephen Scherer, Hôpital pour enfants malades de Toronto

**Codirecteur du projet** : Si Lok, Hôpital pour enfants malades de Toronto

**Centre de génomique administrateur** : Ontario Genomics

**Financement total** : 241 467 \$

Le séquençage « *de novo* » ou la construction du génome d'une personne à partir de ses propres données seulement (par opposition à la comparaison avec un génome de référence) – est une tâche colossale qui s'apparente à l'assemblage d'un casse-tête composé de centaines de millions de petites pièces blanches. Les D<sup>rs</sup> Si Lok, Stephen Scherer et leurs collègues de l'Hôpital pour enfants malades de Toronto développent une nouvelle technologie dite en « mate pair » qui éliminerait les obstacles à la fois financiers et logistiques du séquençage *de novo* en reliant les séquences à une ou plusieurs autres lectures dans des orientations et à des distances précises connues. La technologie du séquençage « en mate pair » est une technologie de rupture qui pourrait remplacer essentiellement toutes les méthodes actuelles du séquençage *de novo*, ce qui représenterait une grande avancée dans la façon d'utiliser la génomique dans de nombreux domaines de recherche, et un jour dans les soins de santé.

## **Mise au point de SIMPL, un nouvel essai d'interaction protéine-protéine basé sur l'intéine divisée pour la recherche biomédicale**

**Directeur de projet** : Igor Stagljär, Université de Toronto

**Centre de génomique administrateur** : Ontario Genomics

**Financement total** : 250 000 \$

Les protéines contrôlent toutes les fonctions de chaque cellule de notre corps. Les protéines n'agissent cependant jamais seules : elles interagissent plutôt avec de nombreuses autres protéines. Ces « contacts entre protéines » sont appelés interactions protéine-protéine (IPP). Le gain ou la perte d'IPP peut être l'élément déclencheur d'une maladie. Igor Stagljär, Ph. D., de l'Université de Toronto dirige une équipe qui élaborera et mettra en œuvre une nouvelle technologie de rupture en génomique qui peut détecter et surveiller les IPP dans les cellules humaines. Cette technologie peut être utilisée pour reconnaître des protéines nouvelles comme éléments de nombreux processus cellulaires essentiels, ce qui mènera à une meilleure compréhension du rôle de protéines spécifiques dans nos cellules. De plus, la technologie pourrait cibler des médicaments qui perturbent un ensemble défini d'IPP lorsque ces derniers causent des maladies humaines plutôt que de nous maintenir en santé.

## **Quantification basée sur les nanopores à l'état solide des biomarqueurs de faible abondance**

**Directeur de projet** : Vincent Tabard-Cossa, Université d'Ottawa

**Centre de génomique administrateur** : Ontario Genomics

**Financement total** : 250 000 \$

De nombreuses maladies telles que le cancer ou les maladies cardiovasculaires laissent des traces physiques dans nos corps qu'on appelle des biomarqueurs. L'observation hâtive de ces biomarqueurs nous permettrait de commencer rapidement les traitements par des thérapies personnalisées et ciblées ou même de prévenir ces maladies. Le laboratoire de M. Tabard-Cossa, Ph. D., a mis au point une technique pour fabriquer des appareils à nanopores plus rapidement et à coût beaucoup moins élevé que la technologie actuelle. Les chercheurs intègrent les appareils dans des cartouches jetables dans des plateformes compactes offrant une capacité complète de réponse instantanée. Le laboratoire est en position pour mettre au point un prototype au point de service qui pourra être utilisé en laboratoire et en clinique, procurant ainsi des avantages économiques et sociaux importants pour le Canada.

### **La génomique fonctionnelle dans les cellules humaines pour connaître les cancers humains métastatiques mortels**

**Directeur de projet** : Michael Taylor, Hôpital pour enfants malades de Toronto

**Codirecteur du projet** : Rama Khokha, Princess Margaret Cancer Centre

**Centre de génomique administrateur** : Ontario Genomics

**Financement total** : 250 000 \$

Souvent en cancer, le facteur mortel est la propagation du cancer à d'autres régions du corps, dans un processus appelé métastase. Cette observation vaut tout particulièrement dans le cas de deux types de cancer très mortels, le médulloblastome, la tumeur cérébrale maligne la plus courante chez les enfants, et l'adénocarcinome pancréatique, la quatrième cause en importance de décès attribuable au cancer dans la population canadienne. Des résultats récents du laboratoire du D<sup>r</sup> Michael Taylor de l'Hôpital pour enfants malades de Toronto ont montré que la biologie des métastases est extrêmement différente de celle de la tumeur primaire. Le D<sup>r</sup> Taylor s'est associé au D<sup>r</sup> Rama Khokha (Princess Margaret Cancer Centre) pour mettre au point et déployer des outils uniques pour la découverte des éléments qui provoquent les métastases, ce qui contribuera à améliorer les taux de survie des Canadiens et Canadiennes atteints de ces cancers mortels.

### **Création d'une plateforme numérique microfluidique pour l'identification et le ciblage de cellules individuelles d'une population cellulaire hétérogène pour les lysines en volume ultra faible**

**Directeur de projet** : Aaron Wheeler, Université de Toronto

**Codirecteur du projet** : Elena Kolomietz, Hôpital du Mont-Sinaï

**Centre de génomique administrateur** : Ontario Genomics

**Financement total** : 250 000 \$

Les anomalies génétiques sont une cause importante de décès des nouveau-nés et des bébés au Canada. Il faut de toute évidence des techniques diagnostiques prénatales moins invasives et moins coûteuses qui peuvent fournir des renseignements pertinents aux premiers stades de la grossesse. Des chercheurs et des médecins de l'hôpital Mount-Sinaï de Toronto ont mis au point une méthode de collecte et d'isolement des cellules fœtales de manière non invasive au

moyen d'une technique qui ressemble à un test PAP courant. Maintenant, le groupe de recherche du Dr Aaron Wheeler à l'Université de Toronto met au point des techniques d'analyse de ces cellules pour établir le diagnostic prénatal d'anomalies génétiques. Si elles fonctionnent, ces techniques pourraient transformer l'établissement du diagnostic prénatal, ce qui se traduira par une couverture élargie de la population, une diminution de l'anxiété chez les patientes, de meilleures options médicales pour les grossesses à risque, de même que des réductions importantes des coûts pour les soins de santé.

### **SANGRE-seq (analyse systématique de la régulation génétique dans le sang par séquençage) – utilisation du séquençage de l'ARN pour les diagnostics cliniques**

**Directeur de projet** : Michael Wilson, Hôpital pour enfants malades

**Codirecteur du projet** : Adam Shlien, Hôpital pour enfants malades

**Centre de génomique administrateur** : Ontario Genomics

**Financement total** : 249 934 \$

Les tests de diagnostic fondés sur les échantillons sanguins sont les principales méthodes utilisées par le système de santé. L'ajout du séquençage de l'ARN peut tirer plus d'information des échantillons sanguins, dont un instantané de tous les gènes actifs dans les cellules sanguines d'un patient. Cet instantané peut nous dire l'état actuel du système immunitaire du patient, révéler la présence de cellules cancéreuses dans le sang et indiquer si les cellules sanguines luttent contre une infection. Les Drs Michael Wilson et Adam Shlien de l'Hôpital pour enfants malades de Toronto mettent au point un test clinique fondé sur l'ARN appelé SANGRE (analyse systématique de la régulation génétique dans le sang) qui fournira une puissance inédite d'utilisation de l'expression de l'ARN dans un test courant et de prix abordable grâce auquel il sera possible de mieux diagnostiquer la maladie, bouleversera la pratique clinique et améliorera la santé des Canadiennes et des Canadiens.

## **QUÉBEC**

### **Génomique ciblée cellule par cellule assistée par laser**

**Directeur de projet** : Santiago Costantino, Hôpital Maisonneuve-Rosemont

**Codirecteur du projet** : Claudia L. Kleinman, Université McGill

**Centre de génomique administrateur** : Génome Québec

**Financement total** : 250 000 \$

La génomique ciblée cellule par cellule repose sur une nouvelle génération de technologies qui promettent de transformer notre compréhension des maladies dans lesquelles des cellules uniques jouent un rôle majeur. Les analyses de cellules uniques permettent aux chercheurs de comprendre les variations qui existent d'une cellule à l'autre et d'étudier des cellules précises qui sont responsables de la progression des maladies. Cependant, il n'existe à l'heure actuelle aucune technologie polyvalente efficace et non effractive qui permet d'identifier et de prélever de telles cellules. Santiago Costantino, Ph. D., affilié à l'Hôpital Maisonneuve-Rosemont, travaille actuellement à la mise au point d'une méthode de marquage instantané et spécifique des cellules



vivantes au moyen d'un appareil utilisé en imagerie. L'approche développée avec son équipe permet de marquer les cellules avec un laser. Elle est simple et peu coûteuse. L'équipe de M. Costantino démontrera le potentiel de cette technologie en menant une étude inédite dont le but est d'identifier les signaux micro-environnementaux produits par les cellules hépatiques qui favorisent la progression du cancer du sein au stade métastatique.

### **Analyse multiomique d'exosomes uniques**

**Directeur de projet** : David Junker, Université McGill

**Centre de génomique administrateur** : Génome Québec

**Financement total** : 249 999 \$

Les exosomes sont des nanovésicules remplies de liquide (« bulles ») qui sont sécrétées en grand nombre par les cellules cancéreuses et qu'on peut extraire du sang. Les exosomes contiennent des molécules caractéristiques de leurs cellules parentales et ils pourraient donc être utilisés pour identifier différents types de cellules cancéreuses. David Juncker, Ph. D., et l'équipe de son laboratoire de l'Université McGill ont réalisé des avancées majeures dans le domaine de la nanotechnologie et ils exploiteront ces avancées pour mettre au point un outil révolutionnaire d'analyse des exosomes qui pourrait révolutionner le traitement du cancer en offrant un outil de diagnostic et de surveillance sensible. La réussite de la recherche proposée ferait de la surveillance des exosomes un puissant outil venant s'ajouter à l'arsenal dont on dispose déjà pour suivre la progression du cancer et en guider le traitement.

### **Pipeline de découvertes sur le code postal de l'ARN : de nouveaux outils pour cibler les molécules thérapeutiques à l'échelle intracellulaire**

**Directeur de projet** : Éric Léculyer, Institut de recherches cliniques de Montréal (IRCM)

**Codirecteur du projet 1** : Mathieu Blanchette, Université McGill

**Codirecteur du projet 2** : Jérôme Waldispühl, Université McGill

**Centre de génomique administrateur** : Génome Québec

**Financement total** : 250 000 \$

Chaque être humain se développe à partir d'une seule cellule. Cette cellule unique se différencie toutefois en mille milliards de cellules, dont chacune a un rôle particulier à jouer. Pour remplir son rôle, chaque cellule doit organiser ses composantes internes de façon bien précise. Lorsque l'organisation est défectueuse, elle peut favoriser l'apparition de maladies, comme des troubles neuromusculaires ou des cancers. Tout comme les codes postaux permettent aux bureaux de poste d'envoyer le courrier au bon endroit, il existe des « codes postaux » propres aux constituants cellulaires qui les aident à se rendre à la bonne destination. Dans cette étude, Éric Léculyer, Ph. D., et son équipe se penchent sur les « codes postaux » de différents types de molécules d'ARN. Les connaissances qui en découleront leur permettront d'utiliser ces molécules d'ARN pour manipuler le comportement cellulaire et mettre au point des traitements innovants contre de nombreuses maladies liées à des défaillances de l'organisation cellulaire, notamment certains troubles génétiques pour lesquels il n'existe actuellement aucun traitement.

## **PCR plasmonique : un diagnostic rapide grâce à la plasmonique**

**Directeur de projet** : Mark Trifiro, Hôpital général juif

**Codirecteur du projet** : Andrew G. Kirk, Université McGill

**Centre de génomique administrateur** : Génome Québec

**Financement total** : 249 976 \$

Une éclosion d'infections dans un hôpital ou une communauté agricole/forestière peut entraîner de graves conséquences pour les personnes et les organisations touchées. À l'Hôpital général juif de Montréal, le Dr Mark Trifiro et son équipe ont mis au point une plateforme technologique d'analyse PCR plasmonique reposant sur la lumière et la nanotechnologie qui permet d'identifier quasi-instantanément les agents infectieux par l'analyse de l'ADN. Cette information permettra de prendre des décisions éclairées concernant le traitement et le confinement des infections, ce qui en réduira les coûts humains et économiques.

## **Plateforme de micro-usine cellulaire pour la biosynthèse et la libération *in vivo* de produits naturels et d'anticorps synthétiques codés génétiquement**

**Directeur de projet** : Michael Tyers, Université de Montréal

**Codirecteur du projet** : Gerard Wright, Université McMaster

**Centre de génomique administrateur** : Génome Québec

**Centre de génomique coresponsable** : Génome Québec

**Financement total** : 249 358 \$

La fabrication, l'entreposage et l'acheminement des antibiotiques, des médicaments et des agents biologiques coûtent cher, qu'il s'agisse des humaines ou des animaux. En outre, les antibiotiques peuvent contaminer l'environnement, entraînant une résistance aux antibiotiques. Michael Tyers, Ph. D., de l'Université de Montréal, et Gerard Wright, Ph. D., de l'Université McMaster, proposent de créer une micro-usine et un système de libération cellulaires qui transformeront de façon radicale la façon dont les médicaments sont utilisés. Ils concevront une levure non toxique qui sera biocompatible avec le tractus gastro-intestinal et qui produira n'importe quel agent bioactif voulu. L'introduction de la levure dans l'organisme du patient humain ou de l'animal engendrera la production de l'agent biologique. La quantité d'antibiotique produite et libérée localement dans l'intestin sera beaucoup plus faible que la quantité généralement nécessaire pour le traitement par voie générale, ce qui contribuera à réduire le problème de la résistance aux antimicrobiens.