



DOCUMENT D'INFORMATION

Concours 2015 : Innovation de rupture en génomique Résultats de la Phase 2 (série 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).

Cinq projets ont été choisis en vue d'un financement dans le cadre de la Phase 2 et Génome Canada y investira environ 4,1 millions de dollars, et d'autres sources, dont les provinces, le secteur privé, des organismes sans but lucratif et d'autres encore, assureront le cofinancement à hauteur de 9,2 millions de dollars (les projets de la Phase 1 sont énumérés dans un [document d'information](#) distinct).

COLOMBIE-BRITANNIQUE

Remplacement des immunoanalyses par la technologie basée sur la spectrométrie de masse : trousse de protéomique quantitative permettant le phénotypage moléculaire approfondie de la souris

Directeur de projet : Christoph Borchers, Université de Victoria

Codirecteur : Albert Sickmann, Département de la bioanalyse, Leibniz-Institut für Analytische Wissenschaften Dortmund

Centre de génomique administrateur : Genome BC

Financement total : 3 865 231 \$

Les souris sont les mammifères les plus souvent utilisés en recherche sur la santé et elles jouent un rôle clé dans la mise au point des médicaments et la recherche biomédicale. La détermination de la concentration d'une grande variété de protéines dans les fluides et les tissus biologiques des souris est un moyen important d'évaluer ces modèles. M. Christoph Borchers, Ph. D., de l'Université de Victoria, en collaboration avec son partenaire, M. Albert Sickmann, Ph. D., en Allemagne (ISAS), mettra au point une nouvelle technologie basée sur la spectrométrie de masse pour l'analyse rapide de 3 000 protéines murines, soit environ 20 % du nombre total de protéines, dans 20 tissus différents. La technologie sera fournie à titre de service et formatée dans une trousse facile d'utilisation à l'intention des chercheurs de partout dans le monde. L'équipe publiera également des fourchettes de référence qui aideront les chercheurs à interpréter les données obtenues à l'aide des trousse. Une société canadienne de biotechnologie, MRM Proteomics Inc., commercialisera la technologie.

Technologie de profilage du système immunitaire de nouvelle génération, basée sur l'analyse de cellules individuelles sur plateforme microfluidique

Directeur de projet : Carl Hansen, Université de la Colombie-Britannique

Centre de génomique administrateur : Genome BC

Financement total : 2 993 509 \$

Les anticorps sont des molécules fabriquées par le système immunitaire pour lutter contre les infections et la maladie. Il existe une immense variété d'anticorps différents, chacun se liant à une molécule cible spécifique. C'est cette spécificité qui rend les anticorps très efficaces comme thérapies ciblées, si l'on réussit à trouver les meilleurs candidats parmi les milliards d'anticorps que produit le corps. Les méthodes actuelles ne permettent d'échantillonner que moins de 0,001 % de tous les anticorps, elles coûtent cher et nécessitent beaucoup de temps. M. Carl Hansen, Ph. D., de l'Université de la Colombie-Britannique, concevra et produira une technologie de rupture qui permet de mesurer et d'isoler des anticorps directement dans des cellules individuelles du système immunitaire et qui est capable de cribler des millions de cellules en une seule journée pour trouver celles qui peuvent devenir des produits thérapeutiques. Les résultats des travaux seront commercialisés au Canada, favoriseront la

croissance économique et créeront de nouveaux emplois en haute technologie en Colombie-Britannique.

Pathologie tumorale automatisée

Directeur de projet : Marco Marra, BC Cancer Agency

Codirecteur de projet : Robin Coope, BC Cancer Agency

Centre de génomique administrateur : Genome BC

Financement total : 409 858 \$

Le séquençage de l'ADN est de plus en plus utilisé pour des applications médicales. Dans le domaine du cancer, il peut déterminer les facteurs de risque héréditaires et orienter la prise de décisions. Cette analyse nécessite de l'ADN de la tumeur proprement dite, habituellement obtenu par biopsie. Comme les tissus biopsiés contiennent d'habitude des cellules normales et des cellules tumorales, ce mélange peut rendre l'échantillon inutile aux fins de l'analyse de la séquence d'ADN. MM. Marco Marra, Ph. D., et Robin Coope, Ph. D., du BC Cancer Agency mettront en œuvre une méthode automatisée pour identifier et enrichir les cellules tumorales dans des biopsies, ce qui facilitera le séquençage de l'ADN des cellules tumorales. De plus, l'analyse à grande échelle des cellules tumorales archivées, en corrélation avec les données sur les traitements et les résultats pourraient orienter les options de traitement actuelles.

ONTARIO

Inhibiteurs synthétiques des cibles cancéreuses liant l'ubiquitine

Directeur de projet : Sachdev Sidhu, Université de Toronto

Centre de génomique administrateur : Ontario Genomics

Financement total : 3 009 018 \$

Nos cellules se débarrassent des protéines endommagées ou non fonctionnelles par l'action d'une petite protéine appelée ubiquitine, qui se lie aux protéines cibles et signale leur destruction. Dans de nombreuses maladies, l'ubiquitine ne fonctionne pas comme elle le devrait. Sachdev Sidhu, Ph. D., de l'Université de Toronto utilise une plateforme à haut rendement de génie génétique et moléculaire novatrice, unique dans le monde. Elle a d'ailleurs suscité beaucoup d'intérêt dans l'industrie et les milieux universitaires parce qu'elle permet la mise au point rapide et économique de molécules très spécifiques et puissantes, semblables à l'ubiquitine, pour se fixer à des enzymes clés liées au cancer, de façon à bloquer ou à améliorer leur fonction. Le projet facilitera la découverte de nouvelles cibles médicamenteuses, accélérera la mise au point des médicaments et produira des médicaments anticancéreux efficaces ayant peu d'effets secondaires, des résultats qui dans leur ensemble devraient être très bénéfiques pour la population canadienne, sur le double plan social et économique.

Test double hybride de membranes de mammifères (MaMTH) – Une technologique protéomique de pointe pour la recherche biomédicale

Directeur de projet : Igor Stagljär, Université de Toronto

Centre de génomique administrateur : Ontario Genomics

Financement total : 3 000 000 \$

Les protéines membranaires intégrales jouent un rôle dans de nombreuses maladies humaines, mais elles sont depuis toujours difficiles à étudier en raison de leurs caractéristiques biochimiques exceptionnelles. M. Igor Stagljär, Ph. D., et son équipe de l'Université de Toronto, ont récemment mis au point une nouvelle technologie puissante appelée Test double hybride de membranes de mammifères (MaMTH), qui peut cartographier les IPP de protéines membranaires intégrales directement dans le contexte naturel d'une cellule. Ils proposent maintenant de perfectionner la technologie MaMTH en la transformant en une plateforme qui peut cartographier ces IPP des protéines membranaires intégrales à une échelle extrêmement grande. Ces travaux permettront aux chercheurs de développer plus rapidement des thérapies mieux ciblées pour les maladies humaines. Cette technologie sera le fondement d'une entreprise ontarienne appelée Protein Network Sciences qui facilitera l'accès à cette nouvelle technologie de rupture MaMTH, ce qui fera progresser la recherche biomédicale et la découverte de produits thérapeutiques, tout en améliorant l'infrastructure sociale et économique canadienne.