



DOCUMENT D'INFORMATION

Programme de partenariats pour les applications de la génomique Projets financés dans le cadre de la 10^e série

Le Programme de partenariats pour les applications de la génomique (PPAG) finance des projets de recherche-développement translationnelle sur des difficultés et des possibilités tangibles reconnues par l'industrie, les pouvoirs publics, les organismes sans but lucratif et d'autres « récepteurs » des connaissances et des technologies de la génomique. Les quatre projets suivants ont été choisis en vue d'un financement dans le cadre de la 10^e série du PPAG et représentent un financement total de 13,8 millions de dollars (4,8 millions de dollars de Génome Canada et 9 millions de dollars de partenaires de cofinancement, dont les gouvernements provinciaux, le secteur privé et des organismes sans but lucratif).

Évaluation, basée sur la participation de groupes communautaires, de la salubrité de l'eau douce par métacodage à barres de l'ADN environnemental

Directeurs de projet : Elizabeth Hendriks, Fonds mondial pour la nature (WWF-Canada); Laura Maclean, Environnement et Changement climatique Canada; Mehrdad Hajibabaei, Université de Guelph

Centre de génomique responsable : Ontario Genomics

Financement total : 2,5 millions de dollars

Compte tenu de la croissance économique, d'une population grandissante et des changements climatiques, les pressions sur une ressource précieuse du Canada – l'eau douce (20 % de l'eau douce du monde) – se font de plus en plus considérables. Les méthodes actuelles de surveillance de la salubrité de nos bassins versants demeurent lentes, laborieuses, coûteuses et imprécises. La diversité géographique et la faible densité de population de notre pays rendent difficiles la surveillance des réseaux hydrographiques. Nous avons besoin d'outils de surveillance plus efficaces, plus exhaustifs pour mieux faire connaître aux gouvernements, aux collectivités et aux industries les conséquences véritables du développement économique sur la qualité de l'eau douce, afin de favoriser une protection rapide et efficace des écosystèmes vulnérables.

WWF-Canada et Environnement et Changement climatique Canada (ECCC) collaborent avec Mehrdad Hajibabaei, Ph. D., de l'Université Guelph, afin de valider et de mettre en œuvre une nouvelle technique appelée métacodage de l'ADN environnemental. Cette technique utilise des échantillons environnementaux en vrac pour identifier les espèces selon leurs séquences génomiques particulières (« codes à barres » de l'ADN), obtenues au moyen des technologies de séquençage à haut débit. Le projet produira des données sur la biodiversité relativement aux macroinvertébrés benthiques

dulcicoles, ces petits animaux qui vivent au fond des cours d'eau, des rivières. La technique servira à analyser les échantillons en vrac recueillis grâce aux efforts de surveillance des collectivités vivant à proximité d'un grand nombre des bassins versants du Canada. WWW-Canada et ses organisations partenaires telles que Living Lakes Canada coordonneront l'échantillonnage par des groupes communautaires.

Une mise en œuvre d'une telle ampleur sera une première mondiale et favorisera l'adoption élargie de ces technologies dans les applications existantes de surveillance et d'évaluation environnementales, entre autres le Réseau canadien de biosurveillance aquatique d'ECCC qui compte plus de 1 400 utilisateurs, dont des organismes gouvernementaux fédéraux, provinciaux et territoriaux, les Premières Nations, des universités, l'industrie, des ONG et des firmes d'experts en environnement.

Un grand nombre de ces organisations utilisent déjà la biosurveillance pour comprendre et gérer les répercussions des projets d'exploitation des ressources dont les mines, les barrages d'hydro-électricité et les projets énergétiques. En donnant accès à cette nouvelle technique génomique et en montrant sa fiabilité pour l'évaluation de la salubrité de nos cours d'eau, nous pourrions accroître la portée et l'incidence des programmes communautaires de surveillance existants, ce qui, au bout du compte, mènera à des décisions mieux éclairées.

Utilisation de la génomique et du test High Immune Response (HIR^{MC}) pour améliorer la santé et le bien-être des bovins de boucherie

Directeurs de projet : Michael Lohuis, The Semex Alliance; Bonnie Mallard, Université de Guelph

Centre de génomique responsable : Ontario Genomics

Financement total : 1,6 million de dollars

Partenariat avec Mitacs

Le test High Immune Response (HIR^{MC}) est un test breveté, mis au point par Bonnie Mallard, Ph. D., et des collègues de l'Université de Guelph pour déterminer les animaux qui possèdent une immunité naturellement supérieure. D'abord utilisé avec succès pour les bovins laitiers, le test est maintenant adapté pour la lutte contre la grippe bovine, la maladie des bovins de boucherie la plus coûteuse dans les parcs d'engraissement. La grippe bovine entraîne la mort de quelque 53 000 bovins de boucherie par année au Canada, ce qui représente une perte économique de plus de 100 millions de dollars. Selon les estimations, le coût total de la grippe bovine dépasse annuellement le milliard de dollars pour l'ensemble de l'Amérique du Nord.

M^{me} Mallard collabore avec Semex Alliance et par son entremise, avec la Canadian Angus Association (CAA) et l'American Angus Association (AAA), à la mise au point d'un test génomique-HIR^{MC} pour les bovins de boucherie. L'utilisation de ce test pourrait considérablement réduire la mort chez les veaux (de 20 à 50 %), de la naissance à l'âge du sevrage, et diminuer aussi le recours aux antibiotiques tout au long de la vie des bovins. Tous les taureaux Angus vendus au Canada et aux États-Unis pourront passer le test génomique-HIR^{MC}, ce qui permettra aux éleveurs de bovins de boucherie de sélectionner, aux fins de la reproduction, des taureaux mieux équipés pour améliorer la santé et le bien-être des animaux.

Le nouveau test montrera le leadership dont Semex, la CAA et l'AAA font preuve en génomique des bovins de boucherie. L'intégration de la technologie HIR^{MC} et la reproduction sélective pour améliorer l'immunité dans la population nord-américaine de bœufs Angus devraient accroître cumulativement la résistance à la grippe bovine des bovins de boucherie sur plusieurs générations, ce qui, si le test est pleinement utilisé, pourrait au bout du compte réduire les coûts de la grippe bovine en Amérique du

Nord de 500 millions de dollars par année, dont 65 millions de dollars au Canada. Une diminution de l'utilisation des antibiotiques procurera d'autres avantages pour les consommateurs et les détaillants.

Appareils de détection et d'identification de la contamination microbienne des surfaces dans les établissements à risque élevé

Directeurs de projet : Mark McInnes, Charlotte Products Ltd.; Shana Kelley, Université de Toronto

Centre de génomique responsable : Ontario Genomics

Financement total : 4,5 millions de dollars

Les infections nosocomiales viennent au quatrième rang des principales causes de décès au Canada et elles pourraient passer au deuxième rang d'ici 2050. L'attention à la propreté et à la désinfection des surfaces joue un rôle important dans la réduction des infections nosocomiales. Il a toujours été cependant difficile de mesurer l'efficacité du nettoyage et d'améliorer vraiment les pratiques. Il faut de toute évidence un système capable d'identifier les bactéries et les virus à l'origine de maladies infectieuses sur les surfaces.

Charlotte Products Ltd. (CPL), une entreprise familiale canadienne, a mis au point un système de surveillance environnementale et une technologie de capteur optique appelée Optisolve Pathfinder^{®MC} pour compléter sa gamme de produits de nettoyage novateurs et primés. Shana Kelley, Ph. D., collabore avec l'entreprise pour perfectionner encore plus l'offre d'OptiSolve afin que l'appareil puisse reconnaître et identifier des agents pathogènes spécifiques.

M^{me} Kelley et son équipe combineront des nanomatériaux nouveaux et une approche génomique pour identifier avec précision des agents pathogènes à l'origine d'infections nosocomiales. La technologie qui en résultera, Optisolve *Insight*, permettra aux centres hospitaliers de soins de longue durée et autres établissements de détecter et d'identifier plus rapidement des agents infectieux tels que le *staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM), la bactérie *C. difficile* et l'influenza, ce qui améliorera par conséquent la prévention proactive et la rapidité des interventions.

Le service et la technologie réduiront considérablement les infections nosocomiales tout en permettant aux services de protection de l'environnement et aux gestionnaires de PCI Canada d'éviter d'adopter l'approche du « pire des scénarios » lorsqu'il y a des flambées d'infections, ce qui peut comprendre des fermetures de lits et l'annulation d'interventions. Il en résultera une meilleure santé des patients, des résidents, du personnel et des visiteurs, de même que des économies dans les soins de santé. Cette technologie, la première du genre sur le marché, contribuera à la croissance économique et à l'emploi de personnel hautement qualifié.

Développement d'un test complet de cytogénomique et de génétique moléculaire, en utilisant une approche combinée de séquençage de l'exome et de séquençage à bas débit du génome entier

Directeurs de projet : Harry Gao, Fulgent Genetics; Régen Drouin, Université Laval

Centre de génomique responsable : Génome Québec

Financement total : 5,1 millions de dollars

Chez l'humain, la variation du nombre de copies (VNC – nombre de régions répétitives au sein du génome qui varie d'un individu à l'autre) joue un rôle dans une gamme de maladies et de handicaps, notamment le cancer, les handicaps intellectuels et les anomalies congénitales. Les méthodes actuelles

de détection de la VNC sont coûteuses et longues. En outre, leur précision et leur utilité cliniques sont limitées, ce qui réduit la probabilité de trouver un traitement approprié et fait peser un fardeau inutile sur le système de soins de santé ainsi que sur la santé et le bien-être des patients.

Fulgent Genetics, établi à Québec, collabore avec le Dr Régen Drouin de l'Université Laval afin de développer un test de détection de la VNC plus efficace et plus rentable. Leur technologie, appelée NOVA^{CNV+}, remplacera trois méthodes d'analyse cytogénétique par une technologie de nouvelle génération basée sur le séquençage. Les résultats permettront d'améliorer la résolution des épreuves, la précision, le rapport coût-efficacité et l'intégration à la médecine génomique.

L'équipe de recherche estime que 50 000 tests NOVA^{CNV+} pourraient remplacer environ 100 000 tests requis chaque année avec les méthodes actuelles, ce qui se traduirait par des économies d'au moins 12,5 millions de dollars par an pour le système de santé canadien. Le développement, la validation clinique et la mise en œuvre de ce test offriront un rendement du capital investi attrayant à long terme pour l'économie canadienne et la santé de la population au pays. L'établissement d'une industrie du diagnostic génomique clinique et commercial au Canada contribuera également à placer le pays au premier plan de la médecine génomique personnalisée.