



## DOCUMENT D'INFORMATION

### Financement de cinq projets du Programme de partenariats pour les applications de la génomique

Génome Canada est fier d'annoncer le lancement de cinq projets dans le cadre de son Programme de partenariats pour les applications de la génomique (PPAG). Le PPAG finance des projets de recherche translationnelle et de développement qui portent sur les défis et les possibilités du monde réel cernés par l'industrie, le gouvernement, les organismes sans but lucratif et d'autres récepteurs des connaissances et des technologies génomiques.

Les projets de collaboration en génomique axés sur la demande aident le Canada à tirer parti de la puissance et du potentiel de la bio-innovation pour créer des collectivités plus saines, plus durables et plus prospères. Des investissements ciblés appuient des partenariats axés sur les résultats entre les universités, les entreprises, les organisations à but non lucratif et le secteur de la santé publique afin de produire des solutions dirigées par le Canada.

Ensemble, les cinq projets dans le cadre du PPAG (tous de la ronde 19) représentent un investissement total de 26,4 millions de dollars en fonds de recherche, dont 8,6 millions de dollars en provenance de Génome Canada et 17,8 millions de dollars en provenance de partenaires de cofinancement, dont les gouvernements provinciaux, le secteur privé et les organisations à but non lucratif.

---

**Titre : Réseau métabolique des Prairies canadiennes**

**Responsable/établissement universitaire :** Cheryl Rockman-Greenberg (University of Manitoba)

**Responsable/organismes récepteurs :** Petr Kresta (Shared Health)

**Centres génomiques :** Genome Prairie et Genome Alberta

**Financement total :** 6,1 M\$

S'inscrit dans le cadre de l'[initiative de santé de précision Tous pour un](#)

Les erreurs innées du métabolisme (EIM) sont des maladies génétiques causées par des mutations du génome nucléaire ou mitochondrial. Bien qu'il existe plus de 600 EIM, et que chacune d'elle soit rare; ensemble, elles touchent plus de 6 400 patients dans les Prairies, principalement des enfants. À l'échelle des provinces des Prairies, les capacités régionales en matière de séquençage à haut débit sont limitées, entraînant ainsi des retards qui réduisent les avantages d'un diagnostic et d'un traitement précoces ainsi que l'amélioration des résultats. Ces retards ont des conséquences néfastes pour les patients. Le présent projet combinera des approches cliniques et de laboratoire afin de garantir aux patients un accès rapide à de nouveaux diagnostics, de nouvelles thérapies et des



GenomeCanada  
**20 YEARS**  
**ANNÉES**

mesures de soutien cliniques et spécialisées. Le Réseau métabolique des Prairies canadiennes (RMCP) donnera accès à une gamme complète de compétences multidisciplinaires, élaborera des approches en matière de pratiques exemplaires et fournira, au besoin, une couverture clinique spécialisée à l'intention des omnipraticiens et de leurs patients. Il permettra également de fournir en temps utile et de manière plus rentable des tests génomiques novateurs et pertinents dans les Prairies, notamment des tests d'ADN mitochondrial rapides et peu coûteux qui ne sont pas disponibles ailleurs; de générer des données génomiques qui demeureront au Canada; et d'accroître les connaissances et l'expertise au Canada dans de nombreuses disciplines et spécialités. Ainsi, les patients atteints d'EIM auront accès à un traitement rapide et profiteront de meilleurs résultats.

---

**Titre : Traduction des biomarqueurs vasculaires Équipe 2 – Fibrillation atriale**

**Responsable/établissement universitaire :** Peter Liu (Université d'Ottawa)

**Responsable/organismes récepteurs :** André Ziegler (Roche Diagnostics Internationale Ltée)

**Centre de génomique responsable :** Ontario Genomics

**Financement total :** 6,0 M\$

La détection et le traitement précoces de la fibrillation atriale sont une priorité pour les patients et les médecins. La fibrillation atriale est l'arythmie cardiaque la plus courante à l'échelle mondiale, touchant plus de 25 % de la population de plus de 70 ans. Les patients atteints de fibrillation atriale sont exposés à un risque accru de complications, notamment d'accident vasculaire cérébral, de troubles cognitifs, de démence, de paralysie et d'insuffisance cardiaque. À l'heure actuelle, il n'existe aucun biomarqueur établi pour orienter la prise en charge clinique des patients atteints de fibrillation atriale. Le présent projet permettra d'établir et de valider un panel de biomarqueurs diagnostiques lié à la fibrillation atriale, permettant ainsi de détecter de manière précoce la fibrillation atriale et de prédire le risque de complications. Il permettra également d'améliorer les soins aux patients atteints de cette maladie en prédisant les meilleurs traitements et résultats. Les résultats de l'amélioration de la prise de décision dans le domaine de la fibrillation atriale devraient permettre de réduire les coûts liés aux soins de santé de plus de 200 millions de dollars par année, au Canada seulement.

---

**Titre : Initiative liée à la maladie complexe des branchies**

**Responsable/établissement universitaire :** Mark Fast (University of Prince Edward Island)

**Responsable/organismes récepteurs :** Kathleen Frisch (Cermaq Canada) et Tim Hewison (Grieg Seafood)

**Centres génomiques :** Génome Atlantique et Genome BC

**Financement total :** 4,7 M\$

La production de saumon au Canada est de plus en plus menacée par les maladies infectieuses et non infectieuses comme la maladie complexe des branchies. Au cours de la dernière décennie, la santé



GenomeCanada  
**20 YEARS**  
**ANNÉES**

des branchies et les maladies connexes ont constitué un défi croissant au sein des exploitations salmonicoles du Pacifique et de l'Atlantique Nord. La maladie complexe des branchies est une maladie multifactorielle découlant de l'interaction des conditions environnementales et d'élevage ainsi que de l'infection par des agents pathogènes et des parasites créant des lésions à évolution chronique, en particulier pendant les mois d'été et d'automne. Le présent projet permettra de valider les biomarqueurs des branchies saines et compromises du saumon de l'Atlantique et de les utiliser pour mettre au point un système d'alerte précoce lié à l'apparition de la maladie des branchies dans les sites de production de saumon de l'Atlantique, à l'échelle du Canada. Les outils génomiques liés à la santé des poissons qui en résulteront orienteront les stratégies de gestion et d'intervention visant la maladie complexe des branchies chez le saumon de l'Atlantique.

---

**Titre : Développement et mise en œuvre d'une boîte à outils pour la sélection assistée par la génomique du soja**

**Responsable/établissement universitaire :** François Belzile (Université Laval)

**Responsable/organismes récepteurs :** Josh Cowan (Grain Farmers of Ontario et Alliance de recherche sur les cultures commerciales du Canada)

**Centre génomique :** Génome Québec

**Financement total :** 7 M\$

Le soja est la troisième culture en importance au Canada, avec environ 6 millions d'acres ensemencés en 2018. Le facteur limitant l'expansion continue de la culture du soja concerne le développement de nouvelles variétés à maturité précoce qui offrent également un bon rendement pour les producteurs et l'industrie du soja. La boîte à outils qui sera élaborée dans le cadre de ce projet comprendra une plateforme de génotypage à très faible coût appelée NanoGBS+ ainsi qu'un outil de prédiction génomique qui guidera les sélectionneurs dans le choix des croisements les plus prometteurs, dans le but de développer des variétés à maturité précoce et à haut rendement en moins de temps et à un coût réduit. La mise en œuvre de ces outils permettra aux sélectionneurs d'accélérer les progrès génétiques et de développer des variétés rentables à maturation très précoce qui prospéreront lors des courts étés canadiens et continueront à stimuler l'expansion de la culture du soja dans tout le Canada.

---

**Titre : Développement d'un outil de profilage épigénomique pour faciliter la médecine de précision liée au cancer du sein au stade précoce**

**Responsable/établissement universitaire :** John Bartlett (Institut ontarien de recherche sur le cancer)

**Responsable/organismes récepteurs :** Seth Sadis (Thermo Fisher Scientific)

**Centre de génomique responsable :** Ontario Genomics

**Financement total :** 2,4 M\$



GenomeCanada  
**20 YEARS**  
**ANNÉES**

Le cancer est responsable de 30 % de l'ensemble des décès au Canada. Au cours des deux dernières décennies, les maladies autrefois jugées homogènes d'un tissu (par exemple, le cancer du sein) sont maintenant connues pour être hétérogènes, même au sein de sous-types cliniques bien établis. Pour mieux comprendre la nature individuelle du cancer du sein chez les patientes, la mise en œuvre de solutions « omique » intégrées est requise pour comprendre les effets combinés des changements génomiques et épigénomiques dans la progression du cancer et tenir les promesses de la médecine de précision. Les nouvelles recherches sur le cancer du sein mettent en jeu l'épigénomique dans la régulation de multiples processus cancéreux, notamment la réparation de l'ADN et la réponse au traitement. Les données épigénomiques disponibles sur les gènes moteurs du cancer de différents groupes ethniques, en particulier des femmes d'origine africaine, soulignent encore l'importance des caractéristiques épigénomiques sur le plan diagnostique dans les soins aux patients. Cela est essentiel pour fournir de soins de santé équitables aux patientes, car une proportion importante de patientes peut ne pas être traitée de manière convenable en raison de processus moléculaires influencés par les différences liées à l'ethnicité. Le présent projet permettra de développer et de valider de nouvelles approches ciblées fondées sur des panels pour l'évaluation des modifications épigénétiques dans le cancer du sein, afin de répondre à deux besoins importants : l'amélioration des tests prédictifs et pronostiques pour toutes les patientes atteintes d'un cancer du sein et une étude ciblée comparant les profils de méthylation entre les cancers chez les minorités ethniques noires et asiatiques et chez d'autres groupes ethniques.