



18 avril 2023

Document d'information

Les investissements de Génome Canada stimulent la recherche-développement de pointe en santé, la viabilité de l'environnement et la résilience en agriculture

Cet investissement important marque le financement du 100^e projet dans le cadre du Programme de partenariats pour les applications de la génomique (PPAG) qui investit depuis dix ans dans des projets de recherche-développement (R-D) à un stade avancé, réalisés pour résoudre des difficultés et saisir des possibilités concrètes.

Génome Canada est fier d'annoncer le lancement de 13 nouveaux projets dans le cadre de son Programme de partenariats pour les applications de la génomique (PPAG). Ces projets mobiliseront la recherche et l'innovation de pointe en génomique pour assurer des retombées concrètes à la population canadienne. Le PPAG met à profit une expertise de calibre mondial et des partenariats diversifiés pour accélérer la transformation des connaissances scientifiques en vastes avantages économiques et sociétaux pour le Canada.

Ces 13 projets de recherche appliquée en génomique obtiennent, par le truchement de Génome Canada, un soutien fédéral de 18,1 millions de dollars qui vise à assurer des avantages concrets à la population canadienne. En collaboration avec l'industrie, des organisations de soins de santé, les provinces et d'autres partenaires fédéraux qui collectivement versent un cofinancement évalué à 38,6 millions de dollars, portent à 56,7 millions de dollars l'investissement total.

Les projets décrits dans le présent document sont présentés par centre de génomique régional qui dirige les travaux et dans chacun de ces groupes, par ordre alphabétique du nom du projet.

PROJETS FINANCÉS

GENOME BC

Titre : Analyse génomique tenant compte du parent d'origine

Responsable/établissement universitaire : Steven Jones et Peter Lansdorp (The University of British Columbia)

Responsable/organisme récepteur : Kasmintan Schrader (BC Cancer)

Centre de génomique : Genome BC

Financement total : 6 102 150 \$

Environ 300 000 Canadiens non identifiés présentent un risque élevé de développer des cancers héréditaires. C'est une occasion manquée de prévenir ou de détecter le cancer à un stade précoce. Bien que les tests génétiques actuels puissent fournir de l'information sur le risque héréditaire de maladie d'un patient, ils ne permettent pas de prédire de quel côté de la famille provient une variante autosomique. Cette limite peut conduire à une consultation génétique coûteuse et inefficace et à des tests sur plusieurs membres de la famille des deux côtés (appelés dépistage génétique en cascade). Ce projet permettra de valider une nouvelle technologie, l'analyse génomique tenant compte du parent d'origine (agPO), dans des échantillons réels de patients atteints de cancer héréditaire en Colombie-Britannique et au Yukon. Les données préliminaires démontrent que cette technologie offre une prédiction précise à 99 % de l'origine du parent, en utilisant uniquement l'échantillon de sang de l'enfant. Lorsqu'elle est intégrée à l'utilisation clinique, les avantages attendus de l'agPO comprennent une augmentation de 50 % de l'efficacité des dépistages génétiques en cascade, du nombre de porteurs identifiés et des taux de détection des mutations, ainsi que des avantages émotionnels et des coûts réduits pour les patients et leurs familles. La réussite de ce projet fera de BC Cancer un centre d'excellence mondial pour l'agPO. Cette technologie pourra ensuite être étendue à d'autres syndromes cancéreux héréditaires et à des maladies génétiques non liées au cancer.

Titre : RapidOmics 2.0 : Séquençage génomique à lecture longue pour le diagnostic urgent des maladies génétiques

Responsable/établissement universitaire : Jan Friedman (The University of British Columbia)

Responsable/organisme récepteur : Craig Ivany (Provincial Health Services Authority)

Centre de génomique : Genome BC

Financement total : 3 645 141 \$

Les troubles génétiques sont une des principales causes de maladies graves et de décès dans la petite enfance. Bien qu'un diagnostic précis soit nécessaire, l'accès au séquençage du génome est limité en Colombie-Britannique. Il s'agit d'un problème particulier dans la période fœtale et néonatale, où l'établissement d'un diagnostic génétique peut influencer profondément la gestion clinique et avoir des conséquences tout au long de la vie. Le séquençage du génome à lecture longue par nanopore offre la promesse d'une plus grande sensibilité diagnostique et d'un temps d'exécution plus court pour le diagnostic urgent des maladies génétiques. Au cours d'une période de trois ans, RapidOmics utilisera le séquençage rapide à lecture longue pour dépister 100 patients, soit des nourrissons gravement malades, soit des femmes enceintes dont le fœtus présente un risque très élevé de maladie génétique, dans les hôpitaux de la Colombie-Britannique. Le projet évaluera la valeur clinique, les limites, les coûts et les avantages de ce type de séquençage en tant que test de diagnostic. En cas de succès, il pourrait aboutir à la création d'un laboratoire de référence clinique financé par la province pour le séquençage rapide à lecture longue. Ce genre de laboratoire permettrait également d'établir un environnement rigoureux pour la formation d'étudiants diplômés et de professionnels de la santé ainsi que de boursiers postdoctoraux. La recherche permettra à terme d'améliorer la qualité des soins de santé génétiques fournis aux bébés atteints de maladies génétiques et à leurs familles. S'il était offert dans tout le Canada, ce service pourrait être étendu à plus de 3 000 grossesses ou nourrissons par an.

GENOME ALBERTA

Titre : Analyse génomique des eaux usées pour promouvoir la santé publique et préserver le rendement économique

Responsable/établissement universitaire : Casey Hubert (University of Calgary)

Responsable/organismes récepteur : Alex Alexander (Alberta Health)

Centre de génomique : Genome Alberta

Financement total : 6 000 001 \$

La pandémie de COVID-19 a mis en avant le besoin urgent d'établir des systèmes de surveillance et d'alerte précoce capables de fournir des renseignements aux autorités de santé publique sur les nouveaux variants et d'autres maladies et affections de type grippal. L'épidémiologie basée sur les eaux usées (EEU) est un système d'alerte précoce non invasif, complet et rentable qui permet une surveillance objective à l'échelle de la population, indépendamment des dépistages cliniques. L'équipe de recherche a déjà créé une plateforme innovante pour l'échantillonnage des eaux usées sur le terrain, suivi d'une purification optimisée des acides nucléiques en laboratoire. Les membres se sont associés au ministère de la Santé de l'Alberta et à des utilisateurs finaux municipaux dans le but de démontrer que le nombre de cas cliniques peut être prévu avec un délai de six jours, ce qui reflète les résultats obtenus par d'autres équipes dans le monde. Ce projet intensifiera l'application de cette plateforme, en exploitant dans un premier temps des études de cas de COVID-19 issus des municipalités de l'Alberta et des communautés des Premières Nations. La plateforme sera ensuite modifiée pour analyser d'autres cibles pathologiques hautement prioritaires. L'étape finale consistera à rendre opérationnelle une société de surveillance de l'EEU pour déployer et interpréter les échantillons génomiques des eaux usées. Outre l'atténuation de la transmission des infections et la prévention des épidémies grâce à l'élaboration de politiques de santé publique rentables, l'EEU pourrait créer des avantages économiques en minimisant les effets indirects sur l'emploi, la structure familiale, la santé mentale et l'éducation.

Titre : Événements transcriptionnels et épigénétiques sous-tendant la formation et l'expansion des cellules TR1 induites par Navacims

Responsable/établissement universitaire : Pere Santamaria (University of Calgary)

Responsable/organisme récepteur : Jord Cowan (Parvus Therapeutics)

Centre de génomique : Genome Alberta

Financement total : 2 880 000 \$

Plus de 100 maladies auto-immunes présentent des réponses immunitaires complexes aux auto-antigènes. Les nanoparticules enrobées de peptides utilisés pour les maladies auto-immunes (Navacims) sont capables de stopper et de guérir les maladies auto-immunes en restaurant la tolérance immunitaire sans compromettre l'immunité systémique. Elles constituent actuellement la seule technologie capable d'activer la génération interne de cellules régulatrices de type TR1 propres à une maladie. Ce projet vise à comprendre les régulations de la transcription qui orchestrent cette formation cellulaire afin d'étendre le potentiel commercial et clinique de la plateforme propriétaire de Parvus Therapeutics. Il vise à définir le statut phénotypique, transcriptionnel et épigénétique des cellules TR1 induites par Navacims afin de pouvoir comprendre l'identité cellulaire des types de cellules T et de déterminer des biomarqueurs de manière à surveiller l'efficacité du traitement. Ces renseignements seront ensuite utilisés pour définir, valider et élaborer une stratégie clinique et de mise en œuvre de biomarqueurs pour les essais de phase 2 et de phase 3, ce qui pourrait révolutionner le

traitement des maladies auto-immunes, dont beaucoup sont des marchés de plusieurs milliards de dollars par an.

GENOME PRAIRIE

Titre : Mise en œuvre clinique des tests oncogénomiques et des rapports synoptiques pour améliorer les soins aux patientes atteintes du cancer de l’ovaire en Saskatchewan

Responsable/établissement universitaire : John DeCoteau (University of Saskatchewan)

Responsable/organisme récepteur : Marilyn Kinloch (Saskatchewan Health Authority)

Centre de génomique : Genome Prairie

Financement total : 3 921 377 \$

Le taux de survie global des femmes atteintes d’un cancer de l’ovaire est de seulement six ans, la première des multiples récurrences survenant entre 12 et 18 mois après le dépistage. En effet, le cancer de l’ovaire se manifeste généralement à un stade avancé et présente une résistance biologique aux traitements traditionnels. Le dépistage précoce se heurte actuellement à un manque de sensibilité et de spécificité. Il est urgent de mieux déterminer les options de traitement pour chaque patient, en fonction des caractéristiques uniques de sa tumeur, une fois son cancer détecté. Ce projet pilote de mise en œuvre utilisera un ensemble de tests génomiques – le profil génomique complet – pour déterminer plus efficacement les patients atteints de tumeurs présentant un déficit de recombinaison homologue et susceptibles de bénéficier du traitement par inhibiteurs de la poly(ADP-ribose) polymérase (PARP) récemment mis au point. Il intégrera les tests à une solution améliorée de rapports cliniques et diagnostiques pour le profilage génétique des renseignements sur les tumeurs des patients. Outre l’amélioration de la capacité de test, la mise en œuvre clinique améliorera le traitement des patients atteints de cancer, optimisera leurs soins et permettra une utilisation plus efficace des ressources dans le système de santé de la Saskatchewan.

Titre : Développement et mise en œuvre clinique d’une épreuve dérivée de la génomique pour le diagnostic et le traitement de l’infection à *Helicobacter pylori*

Responsable/établissement universitaire : David Alexander (University of Manitoba)

Responsables/organisme récepteur : Sara Christianson et Aleisha Reimer (Laboratoire national de microbiologie, Agence de la santé publique du Canada)

Centre de génomique : Genome Prairie

Financement total : 1 715 276 \$

L’infection à *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) est la principale cause de l’ulcère gastrique et constitue un facteur de risque majeur de cancer gastrique —le seul cancer pouvant être prévenu par des antimicrobiens ciblés contre l’infection à *H. pylori*. *H. pylori* est présente chez environ 13 millions de Canadiens. Cette maladie clinique se manifeste chez 10 % d’entre eux. Les infections à *H. pylori* et les cancers gastriques qu’elle provoque touchent de manière disproportionnée les populations autochtones. Malgré une normalisation relative, le traitement est complexe (trithérapie ou quadrithérapie) et l’épreuve de sensibilité aux antimicrobiens (ESA) de la bactérie *H. pylori* est difficile à réaliser. Il est donc urgent de trouver une solution de rechange efficace pour diagnostiquer les infections à *H. pylori* et déterminer la résistance aux antimicrobiens (RAM). Ce projet permettra d’établir un prototype de pipeline de bout en bout d’analyse métagénomique pour la détermination, la détection de la RAM ainsi que le profilage de la virulence de la bactérie *H. pylori* directement à partir de spécimens cliniques. Il créera également une base de données de référence sur la RAM de *H. pylori*. L’équipe élaborera des rapports nationaux sur l’ESA (sous la forme d’un antibiogramme) à partir de ces

données. Parmi les avantages potentiels, citons la possibilité d'avoir des tests plus rapides et plus précis, un meilleur traitement grâce aux données des antibiogrammes individuels et locaux, ainsi qu'une réduction du risque de cancer gastrique après un diagnostic et un traitement réussi. Les données du projet alimenteront un système national de surveillance de la bactérie *H. pylori*, permettant aux communautés cliniques, de santé publique et scientifiques de mieux comprendre sa diversité au Canada. L'objectif final constituera à réduire le poids social et économique des infections à *H. pylori* qui pèse sur les Canadiens.

ONTARIO GENOMICS

Titre : Biopesticide avec de nouveaux modes d'action pour lutter contre les acariens ravageurs agricoles hautement polyphages

Responsable/établissement universitaire : Vojislava Grbic (Western University)

Responsables/organismes récepteurs : Ken Narva (Greenlight Biosciences, Inc.), Niki Bennett (Ontario Greenhouse Vegetable Growers)

Centre de génomique : Ontario Genomics

Financement total : 4 087 687 \$

La lutte antiparasitaire est une priorité absolue pour le secteur canadien de l'horticulture en serre (dont la valeur à la ferme est de 3,9 milliards de dollars), qui fournit aux Canadiens des produits frais toute l'année. Le tétranyque à deux points (TSSM) représente une menace particulière pour la sécurité des cultures en raison de sa résistance bien documentée aux pesticides. Ce projet permettra de développer, d'homologuer et de commercialiser un acaricide biologique à ARN interférent (biopesticides à ARN double brin pour les acariens) contre le TSSM afin de gérer efficacement ses épidémies. Les chercheurs du projet – les premiers à avoir démontré que l'élimination grâce à l'ARN interférent fonctionne contre le TSSM – ont déjà mis en place des protocoles pour l'évaluation à haut débit des cibles de l'ARN interférent, ont fourni la démonstration de principe que l'ARN interférent pulvérisable fonctionne contre le TSSM, et ont déterminé des cibles de l'ARN interférent efficace contre le TSSM. Le projet bénéficie de l'expérience de Greenlight Biosciences en matière de commercialisation et de production de biopesticides à base d'ARN interférent et de la connaissance de première main des besoins des horticulteurs de serre du Canada par l'Ontario Greenhouse Vegetable Growers. L'acaricide biologique à ARN interférent, qui pourrait changer la donne dans la lutte contre les acariens, ne procurera pas seulement au secteur des avantages économiques potentiels de l'ordre de 600 millions de dollars par an. Il offrira également aux cultivateurs une solution de rechange aux insecticides chimiques de synthèse, réduisant ainsi leur empreinte écologique.

Titre : Développement d'un nouveau procédé de biolixiviation pour la récupération du nickel dans les flux de pyrrhotite

Responsable/établissement universitaire : Krishna Mahadevan (University of Toronto)

Responsable/organisme récepteur : Jan Van Niekerk (Metso-Outotec)

Centre de génomique : Ontario Genomics

Financement total : 6 054 674 \$

Les méthodes actuelles d'extraction et de traitement des minerais et de récupération des métaux consomment beaucoup d'énergie. Ils génèrent d'importants flux de déchets ainsi que des émissions de gaz à effet de serre liées à l'énergie, aggravant ainsi la crise climatique. En outre, l'électrification du secteur des transports est un élément clé de la stratégie climatique du Canada. Nous avons donc besoin de méthodes efficaces sur le plan énergétique et respectueuses de l'environnement pour l'extraction et la récupération des éléments essentiels,

tels que le nickel, qui sont des composants clés des batteries et des véhicules électriques. Le projet utilisera la génomique et les technologies de biolixiviation pour caractériser et concevoir des populations microbiennes afin de traiter les résidus de pyrrhotite et les flux de déchets découlant des pratiques minières actuelles, aux fins d'extraction du nickel. Les technologies de biolixiviation sont déjà utilisées commercialement dans le secteur minier, principalement pour l'extraction de métaux à prix élevé (notamment l'or et le cuivre) à partir de minerais sulfurés. L'équipe utilisera des solutions génomiques pour permettre l'application généralisée de la technologie de biolixiviation, notamment en répondant aux besoins d'une cinétique de biolixiviation plus rapide, d'une meilleure sélectivité et de méthodes de surveillance. Metso-Outotec travaillera avec les producteurs et propriétaires pour mettre en œuvre la technologie sur les résidus de pyrrhotite provenant des mines du bassin de Sudbury. L'extraction du nickel des résidus de pyrrhotite au Canada a une valeur potentielle de 26 milliards de dollars. Elle peut fournir une source de minéraux critiques pour la production de batteries de véhicules électriques et permet une réduction significative (> 75 %) de la production de déchets issus des procédés miniers.

Titre : Permettre la génomique personnalisée en santé grâce au refuge de données CanPath
Responsable/établissement universitaire : Phillip Awadalla (Institut ontarien de recherche sur le cancer)
Responsables/organisme récepteur : John McLaughlin et Trevor Dummer (Partenariat canadien pour la santé de demain)
Centre de génomique responsable : Ontario Genomics
Financement total : 6 149 537 \$

Les programmes de soins de santé personnalisés destinés aux Canadiens exigent la collecte et l'intégration de données et d'échantillons biologiques de haute qualité provenant d'un grand nombre de personnes afin de saisir les facteurs complexes qui peuvent façonner la santé d'une personne au cours de sa vie. Les décideurs de la santé publique et commerciale doivent ensuite avoir accès à ces données. Au Canada, la diffusion et la combinaison des données entre les administrations, plutôt que la collecte des données elles-mêmes, constituent un obstacle majeur aux progrès de la médecine de précision. Le Partenariat canadien pour la santé de demain (CanPath) constitue la plus grande cohorte de santé populationnelle du Canada et une plateforme d'accès aux données du monde entier. Ce projet s'appuiera sur l'infrastructure existante de CanPath pour démocratiser l'accès à la plateforme. Il établira et mettra à l'essai un refuge de données, un environnement sécurisé dans lequel les chercheurs, les cliniciens et l'industrie au Canada peuvent accéder aux données sur la santé de la population caractérisée en profondeur et aux données des biobanques. Le refuge de données est capable de propulser le Canada à l'avant-garde de la médecine génomique à l'échelle mondiale. Il soutiendra également le développement du secteur des biotechnologies et de la recherche industrielle au Canada et permettra d'harmoniser les programmes nationaux de médecine de précision. Le résultat final sera un diagnostic plus précoce des maladies et des interventions médicales pour les Canadiens.

GÉNOME QUÉBEC

Titre : Outils génomiques pour la prédiction de la résistance aux antifongiques dans les échantillons cliniques
Responsable/établissement universitaire : Christian Landry (Université Laval)
Responsable de la réception/organisation : Philippe Dufresne (Le Laboratoire de santé publique du Québec)
Centre génomique : Génome Québec

Financement total : 3 440 067 \$

Les infections fongiques et la résistance aux antifongiques sont en augmentation dans le monde, avec 14,9 millions de cas et 1,7 million de décès chaque année. Près de 2 % des Canadiens souffrent d'infections fongiques graves et des pics de fréquence ont été associés à la COVID-19, en particulier chez les patients les plus vulnérables. Ce projet permettra de développer des outils plus rapides et plus précis pour identifier les espèces fongiques et la sensibilité aux antifongiques à partir du séquençage de l'ADN directement à partir d'échantillons cliniques. Les produits livrables comprendront une base de données sur les mutations de résistance prévalidées, une procédure pour générer un séquençage multilocus à partir d'échantillons cliniques et un pipeline bio-informatique pour l'identification des espèces et la prédiction de la résistance aux antifongiques. Le projet mettra en application les outils de diagnostic au Laboratoire de santé publique du Québec, à l'Agence de la santé publique du Canada, à Santé publique Ontario et à Alberta Precision Laboratories - Public Health Laboratory. Ces quatre organisations ont une vaste expérience dans le développement de tests de diagnostic et jouent un rôle clé dans les organisations et comités de réglementation qui établissent les normes dans ce domaine. La mise en œuvre de tests plus rapides, mieux ciblés et plus sensibles permettra de réduire le nombre de décès et la morbidité des Canadiens atteints d'infections fongiques invasives.

Titre : MutaQuant : Un puissant outil de phénotypage protéomique pour la médecine de précision

Responsable/institution universitaire : Christoph Borchers (Université McGill)

Responsable/organisme récepteur : René Zahedi (MRM Proteomics)

Centre génomique : Génome Québec

Financement total : 3 109 506 \$

En oncologie de précision, la méthode actuelle de dépistage de mutations génomiques spécifiques, même en utilisant la transcriptomique (l'ensemble complet de toutes les molécules d'ARN), ne permet de prédire que modérément le succès des thérapies ciblées contre le cancer. Au Canada, les tests génomiques d'oncologie de précision coûtent environ 40 millions de dollars par an et ont des taux de réponse d'environ 52 %. Comme les protéines sont les principales cibles des médicaments, la génomique seule ne permet souvent pas de déterminer quelles mutations sont biologiquement pertinentes dans une tumeur donnée. Il est donc important de déterminer trois éléments clés : i) comment les mutations affectent les niveaux d'expression des protéines; ii) quelles mutations s'expriment réellement au niveau des protéines en quantités pertinentes plutôt que d'être simplement codées dans le génome; et iii) dans quelle mesure ces mutations sont exprimées dans un échantillon donné. Ce projet mettra au point des kits de spectrométrie de masse permettant de déchiffrer l'impact, au niveau des protéines, de quelque 1 000 mutations cancéreuses connues, qui représentent les principaux facteurs de cancer et les principales cibles des médicaments. MRM Proteomics et Agilent Technologies commercialiseront des trousseaux « MutaQuant » innovantes et validées, fourniront une formation sur leur utilisation et offriront un service d'analyse d'échantillons. Il est possible de réaliser d'importantes économies en prévenant les traitements inefficaces du cancer et en améliorant les résultats pour les patients.

Titre : RosHAB : détection rapide des proliférations d'algues nuisibles sur le terrain

Responsable/établissement universitaire : Jérôme Comte (Institut national de la recherche scientifique), Roger C. Levesque (Université Laval)

Responsable/organismes récepteurs : Daniel Verreault (Ministère de l'Environnement, de la Lutte contre les changements climatiques, de la Faune et des Parcs, Québec; MELCCFP)

Centre génomique : Génome Québec

Financement total : 5 461 850 \$

La fréquence des phénomènes d'efflorescence de cyanobactéries nuisibles dans les milieux aquatiques du monde augmente en raison du changement climatique et de l'urbanisation croissante. L'exposition aux toxines produites par certaines cyanobactéries peut entraîner des problèmes de santé aigus et chroniques chez les humains et les animaux. Il est urgent de disposer d'outils de diagnostic rapide permettant de détecter et d'identifier efficacement ces cyanobactéries. Ce projet permettra de développer un outil métagénomique innovant aux fins de surveillance sur le terrain des cyanobactéries au Québec. Il mettra en œuvre des procédures d'échantillonnage et d'analyse sur le terrain qui permettront une détection rapide dans les plans d'eau. Une plateforme bioinformatique comprenant une base de données de séquences de cyanobactéries facile à utiliser, sera également mise en place au MELCCFP. Les municipalités de la province pourront valider et implémenter cet outil, qui pourrait réduire le temps d'identification des cyanobactéries nuisibles de quatre jours dans certains cas à moins de 24 heures. L'objectif global du projet sera d'étendre son utilisation à d'autres administrations. Un système d'information complet et rapide servant à observer et à prévoir les efflorescences de cyanobactéries nuisibles pourrait représenter une valeur d'au moins 130 millions de dollars par an pour le Canada.

Titre : Validation de l'utilisation du système de test EcoToxChip pour la prise de décision réglementaire

Responsable/établissement universitaire : Niladri Basu (Université McGill)

Responsable/organisme récepteur : Rebecca Dalton (Environnement et Changement climatique Canada)

Centre génomique : Génome Québec

Financement total : 4 739 793 \$

La pollution environnementale est une menace importante à l'échelle mondiale, mais les efforts visant à réduire les risques posés par les produits chimiques sont remis en question par le temps et le coût des essais de toxicité, ainsi que par le grand nombre de produits chimiques nécessitant des données. Il existe un besoin d'outils d'essai de toxicité améliorés qui soient plus efficaces et abordables, moins dépendants des études sur les animaux et capables d'augmenter le débit de ces essais. Ce projet vise à faire progresser le système d'essai EcoToxChip existant afin qu'il soit accessible, tout en étant cohérent et fiable pour éclairer les décisions réglementaires.

L'objectif est, en partenariat avec la Direction générale des sciences et de la technologie d'Environnement et Changement climatique Canada, de valider ces outils pour une utilisation dans une série d'activités d'établissement des priorités et d'évaluation dans le cadre du [Plan de gestion des produits chimiques](#) du Canada. Enfin, le projet fournira la version 2 des EcoToxChips pour trois espèces modèles couramment utilisées (mené à tête-de-boule, truite arc-en-ciel, poisson-zèbre) et un outil d'évaluation des données mis à jour (EcoToxXplorer.ca). Après le projet, nous prévoyons que les résultats du projet seront communiqués à la communauté réglementaire internationale par le biais du Projet d'Étude de Cas sur les Approches Intégrées pour les Essais et l'Évaluation de l'OCDE. Ce nouvel outil canadien réduira le coût et le temps des essais chimiques et renforcera le leadership canadien dans ce domaine.