

Progrès dans le domaine de la surveillance

La génomique pour renforcer la surveillance de la santé publique

28 mai, 2024

De 13 h à 14 h, heure de l'Est/12 h à 13 h, heure du Centre

Conférenciers

Dre Jennifer Gardy

Fondation Bill & Melinda Gates

Dre Linda Hoang

Centre de contrôle des maladies de la Colombie-Britannique



National Collaborating Centre
for Infectious Diseases

Centre de collaboration nationale
des maladies infectieuses



Public Health
Agency of Canada

Agence de la santé
publique du Canada



Reconnaissance du territoire : CCNMI



Le Centre de collaboration nationale des maladies infectieuses est hébergé par l'Université du Manitoba. L'Université du Manitoba et moi-même sommes situés sur le territoire du Traité 1, les terres d'origine des Anishinaabe, des Cree, des Oji-Cree, des Dakota et des Dene, et la patrie de la nation métisse. Je suis reconnaissante à ces terres sur lesquelles, descendante de colons d'origine européenne, je vis et je travaille, et dont la protection m'a été confiée en héritage.

En tant qu'organisation, le CCNMI reconnaît les inégalités systémiques et les traités appliqués dans le cadre du processus de colonisation, destinés à profiter à certains tout en nuisant à d'autres. Nous nous engageons, avec nos partenaires, à œuvrer pour la réconciliation et nous veillons, dans le cadre de notre travail, à honorer les terres et leurs gardiens ancestraux.

Questions d'ordre administratif



- L'enregistrement et les diapositives de la présentation du séminaire seront accessibles sous peu sur le site Web du CCNMI : <https://ccnmi.ca/>.
- Si vous éprouvez des difficultés techniques avec Zoom, veuillez nous envoyer un courriel à nccid@umanitoba.ca.
- Veuillez utiliser l'onglet des questions-réponses pour envoyer vos questions à nos conférenciers.
- Vous pouvez «aimer» les questions d'autres personnes pour les rendre prioritaires.



Agrément



«Progrès dans le domaine de la surveillance» est une activité de formation collective auto-approuvée agréée au titre de la section 1, conformément au programme de Maintien du certificat du **Collège royal des médecins et chirurgiens du Canada (CRMCC)**.

«Progrès dans le domaine de la surveillance» est également approuvée par le Conseil de Expérience Professionnelle pour les heures de développement professionnel des membres de **l'Institut Canadien des inspecteurs en santé publique (ICISP)**.

Si vous souhaitez obtenir une lettre de participation, veuillez répondre au sondage après le séminaire.



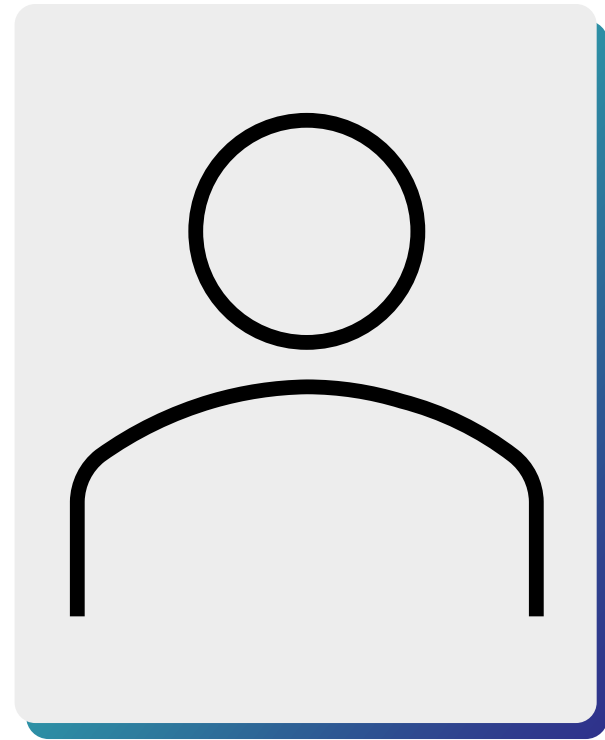
Reconnaissance territoriale : ASPC



J'aimerais prendre un moment pour souligner que le territoire sur lequel je vis et travaille est le territoire traditionnel des Wendat, des Anishnaabeg, des Haudenosaunee, des Métis et des Premières Nations des Mississaugas de Credit.

De nombreux membres des Premières Nations, des Métis et des Inuits y vivent. Je suis reconnaissant d'avoir la chance de partager leur territoire.

Conférencier d'aujourd'hui



Dre Jennifer Gardy

PhD, Bioinformatique

Deputy Director,
Surveillance, données et épidémiologie
(paludisme),
Fondation Bill & Melinda Gates

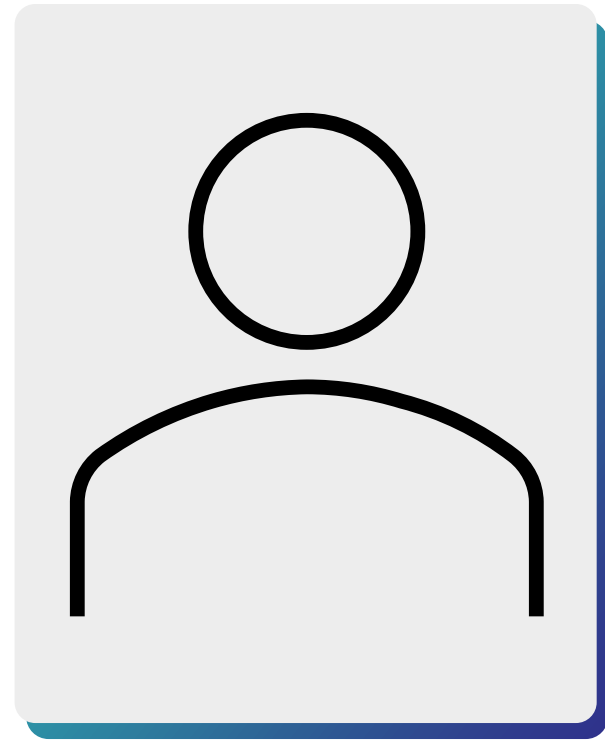


Dre Linda Hoang

MD, MSc, DTM&H, FRCPC

Directrice médicale,
Centre de contrôle des maladies de la
Colombie-Britannique

Conférencière d'aujourd'hui



Mme Jennifer Gardy,
Ph. D., Bioinformatique

- Directrice adjointe, Surveillance, Données et Épidémiologie (paludisme), Fondation Bill et Melinda Gates
- Équipe de direction et, récemment, directrice intérimaire de l'Institute for Disease Modeling (IDM) de la Fondation Bill et Melinda Gates
- Chaire de recherche du Canada en génomique de la santé publique, BC Centre for Disease Control et School of Population and Public Health de l'Université de Colombie-Britannique
- 2018 — Nommée l'une des femmes les plus influentes de la Colombie-Britannique dans le domaine des STIM, selon le BC Business Magazine, et le gouvernement du Canada la compte au nombre des 20 femmes d'influence au Canada en STIM
- 2021 — Éluë à la National Academy of Medicine (épidémiologie génomique des agents pathogènes)
- Communicatrice lauréate en sciences (The Nature of Things, Daily Planet, livres scientifiques pour enfants).

Conférencière d'aujourd'hui



Dre Linda Hoang

M. D., M. Sc., DTM&H, FRCPC

- Microbiologiste médicale, professeure de clinique et directrice médicale, Laboratoire de santé publique du Centre de contrôle des maladies de la Colombie-Britannique (CCMBC)
 - Programme de génomique des agents pathogènes pour les mesures de lutte contre la pandémie COVID-19
- Récente co-directrice médicale, Réseau provincial de contrôle des infections (PICNet), Colombie-Britannique
 - Programme de surveillance des organismes producteurs de carbapénèmases (OPC)
- Passionnée par l'opérationnalisation des méthodes de génomique des agents pathogènes destinées à fournir un outil normalisé pour la prévention des infections et les interventions en santé publique en Colombie-Britannique et au Canada.

Renforcement de la surveillance génomique du paludisme en Afrique subsaharienne

Jennifer Gardy

Ph. D.

Directrice adjointe, Surveillance, Données et épidémiologie
Fondation Bill et Melinda Gates



Conflits d'intérêts

Aucun conflit d'intérêts



Objectifs d'apprentissage



- Décrire le rôle que la génomique peut jouer dans la surveillance, la planification stratégique et l'achat de produits antipaludiques dans les pays où le paludisme est endémique.
- Comprendre les priorités stratégiques de la Fondation Bill et Melinda Gates sur la surveillance génomique du paludisme.
- Présenter certaines des difficultés liées à la mise en place de moyens de surveillance génomique en Afrique subsaharienne.



Question de sondage








Combien de génomes du SRAS-CoV-2 les laboratoires africains ont-ils séquencés et partagés au total?

- A. < 1 000**
- B. 1 000 à 10 000**
- C. 10 000 à 50 000**
- D. 50 000 à 100 000**
- E. > 100 000**



La surveillance génomique du paludisme (parasites et vecteurs) peut aider à la planification nationale et à l'acquisition et à l'allocation des ressources.

Test	Microscopie 	PCR 	Sérologie 	Séquençage d'amplicons 	Séquençage de génomes complets 
Description	<ul style="list-style-type: none"> Examen manuel visuel au microscope de frottis sanguins 	<ul style="list-style-type: none"> Test moléculaire en laboratoire pour amplifier et détecter l'ADN du parasite 	<ul style="list-style-type: none"> Test en laboratoire sur des protéines pour la détection d'anticorps antipaludiques 	<ul style="list-style-type: none"> Séquençage ciblé du génome du parasite ou du vecteur dans des régions génétiques spécifiques 	<ul style="list-style-type: none"> Séquençage à grande échelle du génome du parasite ou du vecteur pour identifier de nouveaux marqueurs
Données générées	<ul style="list-style-type: none"> Présence du parasite du paludisme 	<ul style="list-style-type: none"> Présence du parasite du paludisme Émergence de résistance 	<ul style="list-style-type: none"> Exposition antérieure au parasite du paludisme Surveillance au niveau de la population 	<ul style="list-style-type: none"> Résistance dans des régions connues et sensibles du génome 	<ul style="list-style-type: none"> Nouveaux marqueurs de résistance aux médicaments et structures de la génétique des populations

La génomique du paludisme répond à de nombreux cas d'utilisation

Résistance

- Détection et suivi de la résistance aux médicaments antipaludiques
- Détection et suivi des délétions du gène pfrp2/3
- Détection et suivi de la résistance aux insecticides
- Surveillance de l'évolution dans le temps de la résistance aux médicaments antipaludiques et aux insecticides

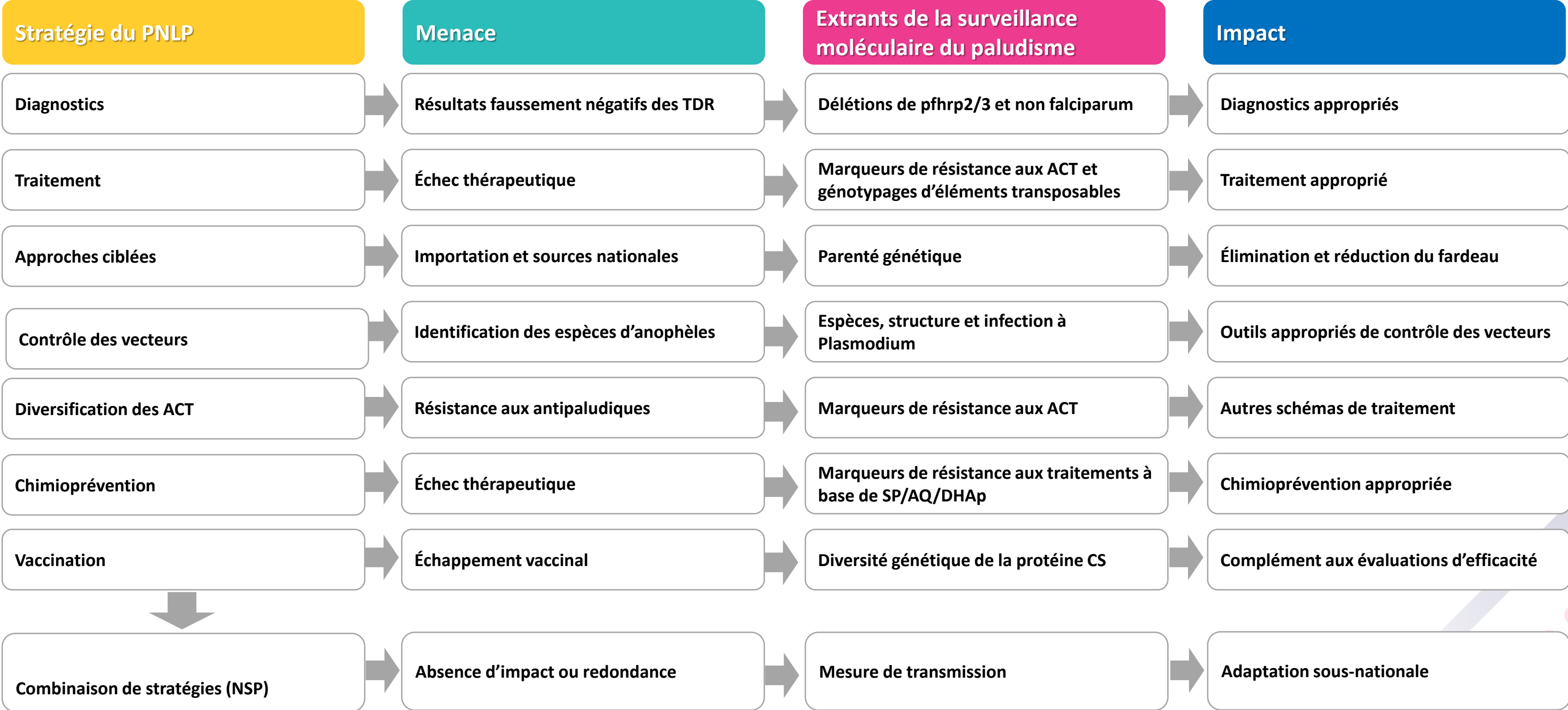
Transmission :

- Détection de transmission locale
- Distinction entre les cas locaux et les cas importés
- Identification des éclosions
- Quantification de l'intensité de la transmission et de son évolution dans le temps
- Définition de la «connectivité» des parasites

Dynamique des populations :

- Surveillance des populations de parasites de leur évolution dans le temps
- Surveillances des vecteurs de population et de leur évolution dans le temps, dont le *A. stephensi* et les dispersions de gènes
- Enquête sur les variations dans les vaccins, les anticorps monoclonaux et les sites cibles de forçage génétique

La surveillance génomique du paludisme (parasites et vecteurs) peut aider à la planification nationale et à l'acquisition et à l'allocation des ressources.



Pour parvenir à une situation future idéale, il est nécessaire d'investir dans plusieurs domaines thématiques.

La surveillance moléculaire du paludisme *aujourd'hui* :

- État embryonnaire/catalytique
- Pilotée par des partenaires universitaires
- Axée sur une seule maladie
- Largement financée par la Fondation Bill et Melinda Gates



La surveillance moléculaire du paludisme *dans l'avenir* :

- Mature/état stable
- Pilotée par la santé publique et des partenaires gouvernementaux
- Axée sur plusieurs maladies
- Financement provenant de diverses sources (nationales et développement)



Avantage comparatif de la Fondation Bill et Melinda Gates

Alignement et adhésion nécessaires d'autres parties prenantes

La génomique à l'heure de la COVID-19

Laboratoire de santé publique
BC Centre for Disease Control

Linda M. N. Hoang, M. Sc., M. D., DTM&H, FRCPC

Directrice médicale

Laboratoire de santé publique du CCMBC

Centre de contrôles des maladies de la Colombie-Britannique

Autorité provinciale des services de santé

Professeure de clinique

Département de pathologie et médecine de laboratoire,

Faculté de médecine

Université de la Colombie-Britannique



BC Centre for Disease Control



Provincial Health
Services Authority

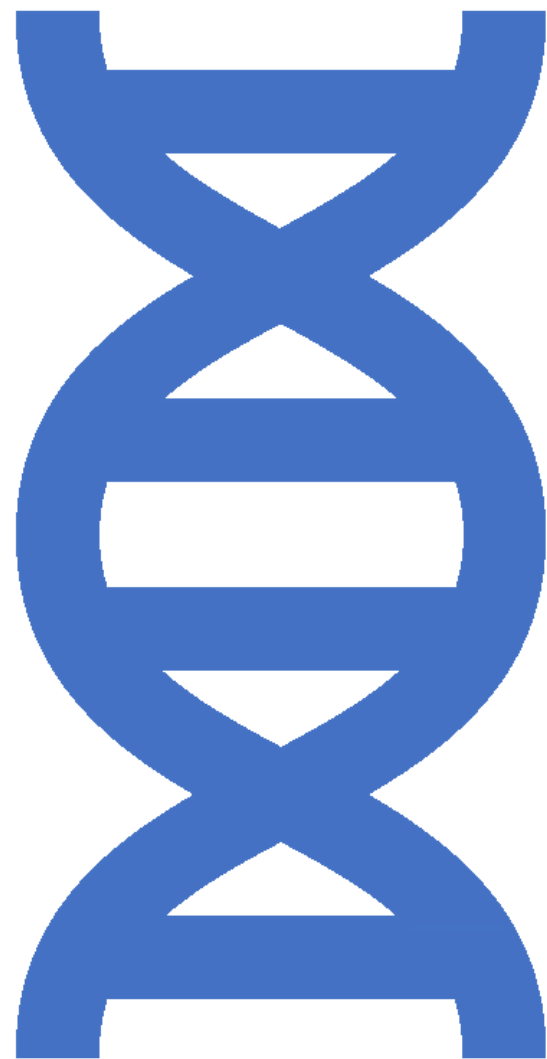
Les droits inhérents des peuples autochtones



- Les territoires des Premières Nations couvrent l'ensemble de cette province et tout le Canada
- Leurs droits inhérents, enracinés dans leurs liens à ces terres et à ces eaux, n'ont jamais été cédés ou abandonnés.
- Ces droits inhérents sont garantis par le droit international, national et provincial.
- Les lois et les systèmes autochtones traditionnels sont intrinsèquement liés aux terres et aux eaux de ces territoires.
- Pour des générations de détenteurs de droits autochtones, membres des Premières Nations, Métis, et Inuit d'ailleurs au «Canada» ces terres et ces eaux sont également leur patrie.

Nous tenons à souligner que nous vivons et travaillons sur le territoire traditionnel non cédé du peuple salish de la côte, notamment celui des Premières Nations Squamish, Musqueam et Tsleil— Waututh .

Objectifs



- Décrire les progrès des outils de microbiologie destinés à une fonction importante dans un laboratoire de santé publique.
- Décrire les principales applications de la génomique des agents pathogènes dans les soins au patient et les interventions en santé publique.
- Décrire la création d'un programme de génomique des agents pathogènes au Centre de contrôle des maladies de la Colombie-Britannique.
- Décrire les caractéristiques d'une infrastructure de génomique destinée à renseigner les soins aux patients, la santé publique et l'approche Une seule santé.

Sous-typage et empreintes digitales

Informations :

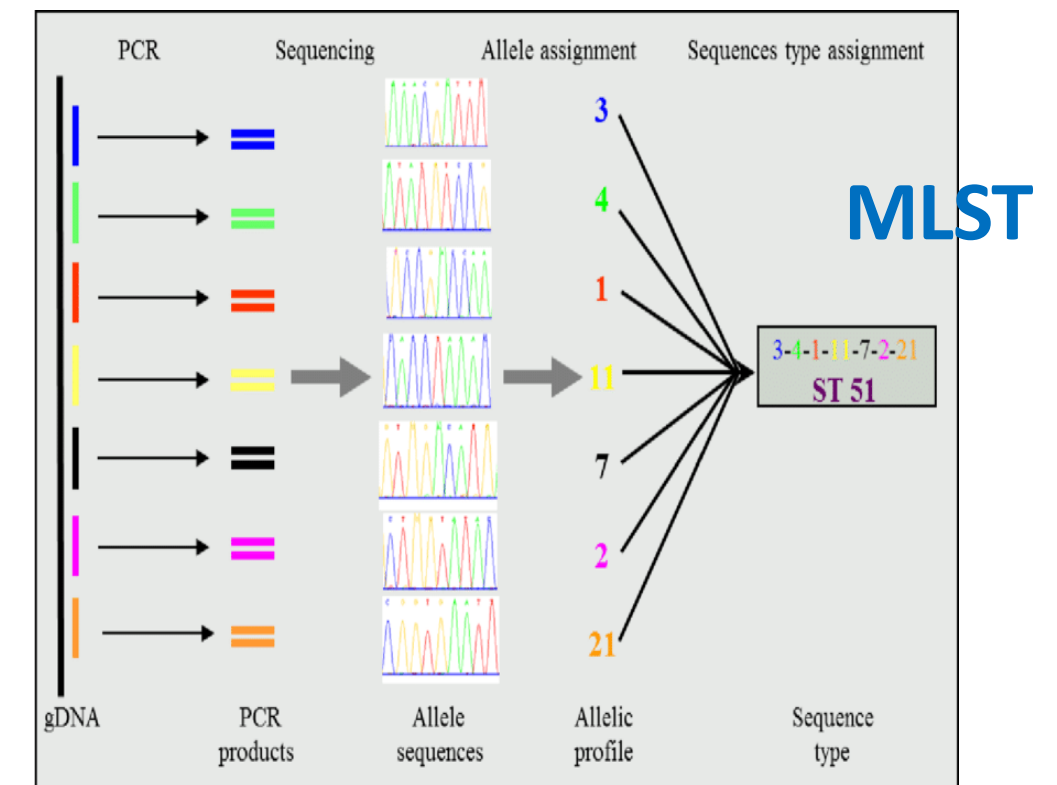
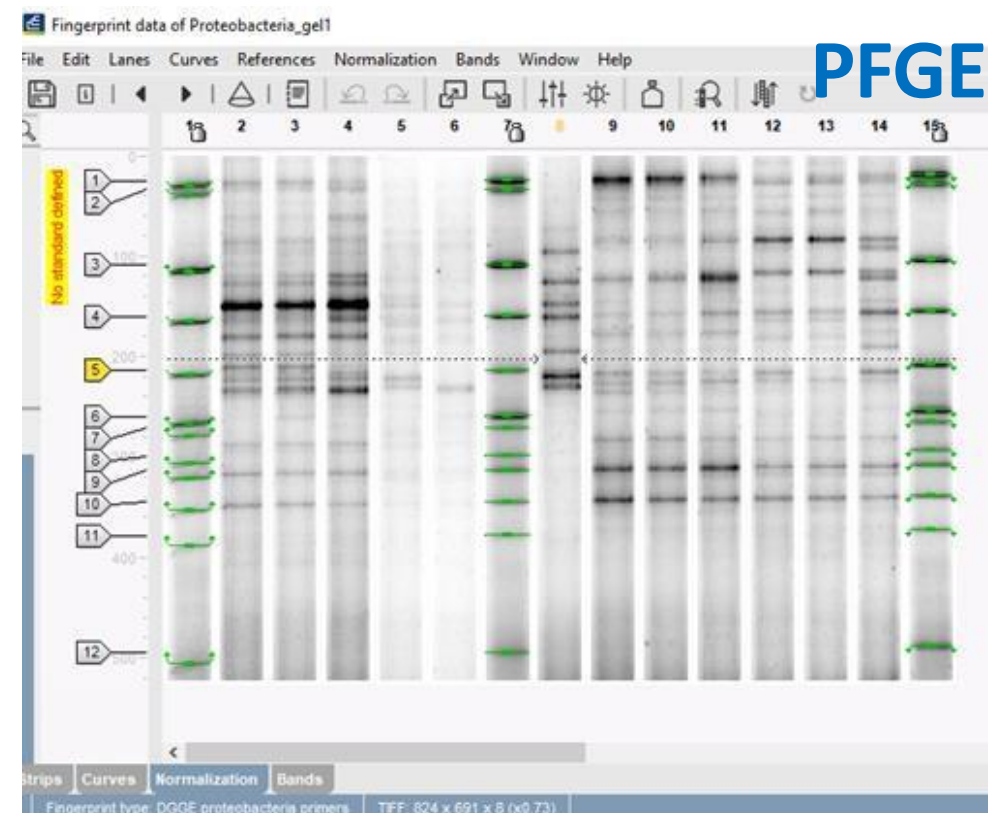
- Typage des souches
- Identification des grappes
- Caractérisation de la virulence
- Évolution des souches
- Profil de résistance

Limites :

- Peut être subjectif
- Faible nombre d'échantillons
- Test d'exécution lent, tests en série
- Faible discernement



Par exemple : Outils courants



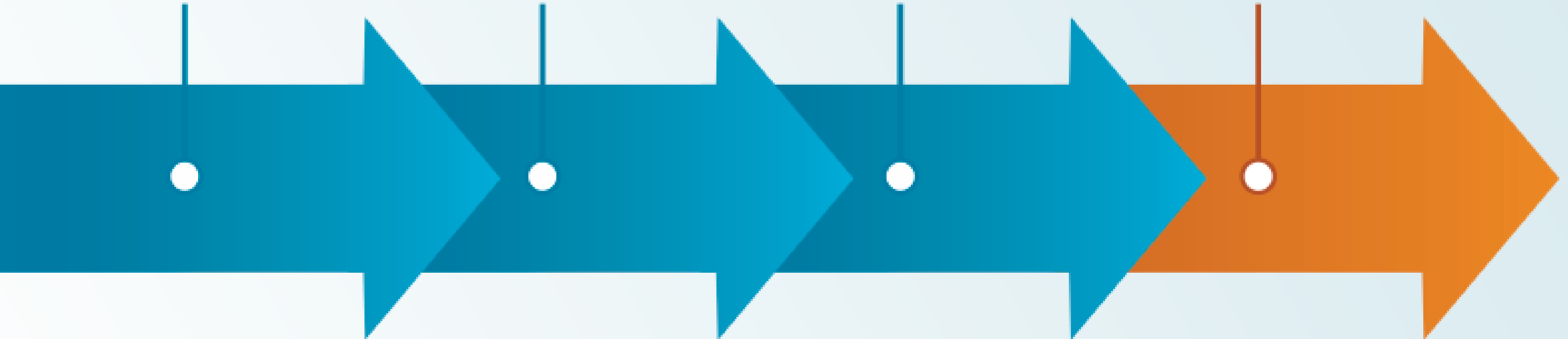
Sequençage de genomes entiers

PFGE

MLST

**cgMLST/
wgMLST**

**SNP
ANALYSIS**



HIGH RESOLUTION

Au cours des 20 à 40 dernières années

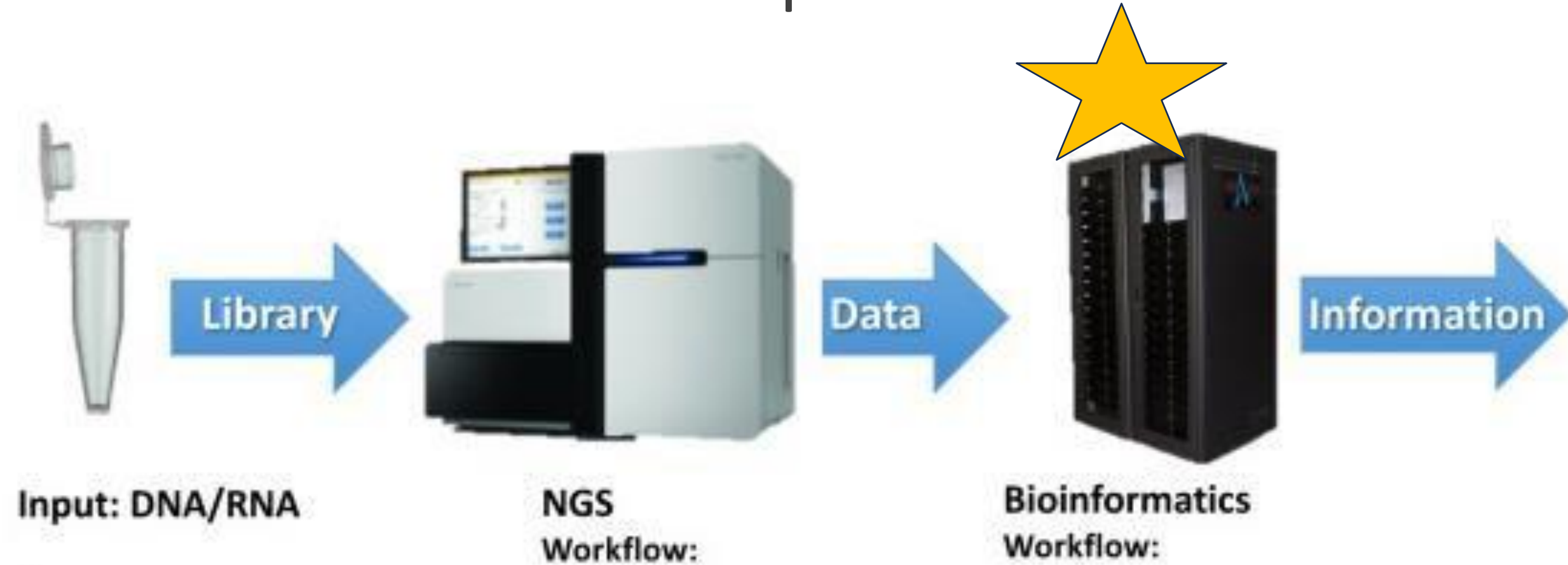
Au cours des 10 dernières années



Les progrès de la génomique au cours des dix dernières années permettent l'accès direct à la totalité du patrimoine génétique de microbes.

- Avancées techniques
- Réduction des coûts
- Délai d'exécution
- Capacité de calcul
- Mécanisme de liaison des métadonnées
- Les données sont claires et exploitables
- Normes d'agrément disponibles

Une méthode --> de nombreux types d'information possibles



Output: Information From Sequence Data

Comparative Genomics

- Identification
- High resolution strainotyping
- Cluster identification
- Molecular evolution
- Genotypic characterization
- Virulence, Antimicrobial resistance
- Functional annotation
- Diagnostic dev/validation
- Minor populations, quasispecies
- Host/pathogen expression

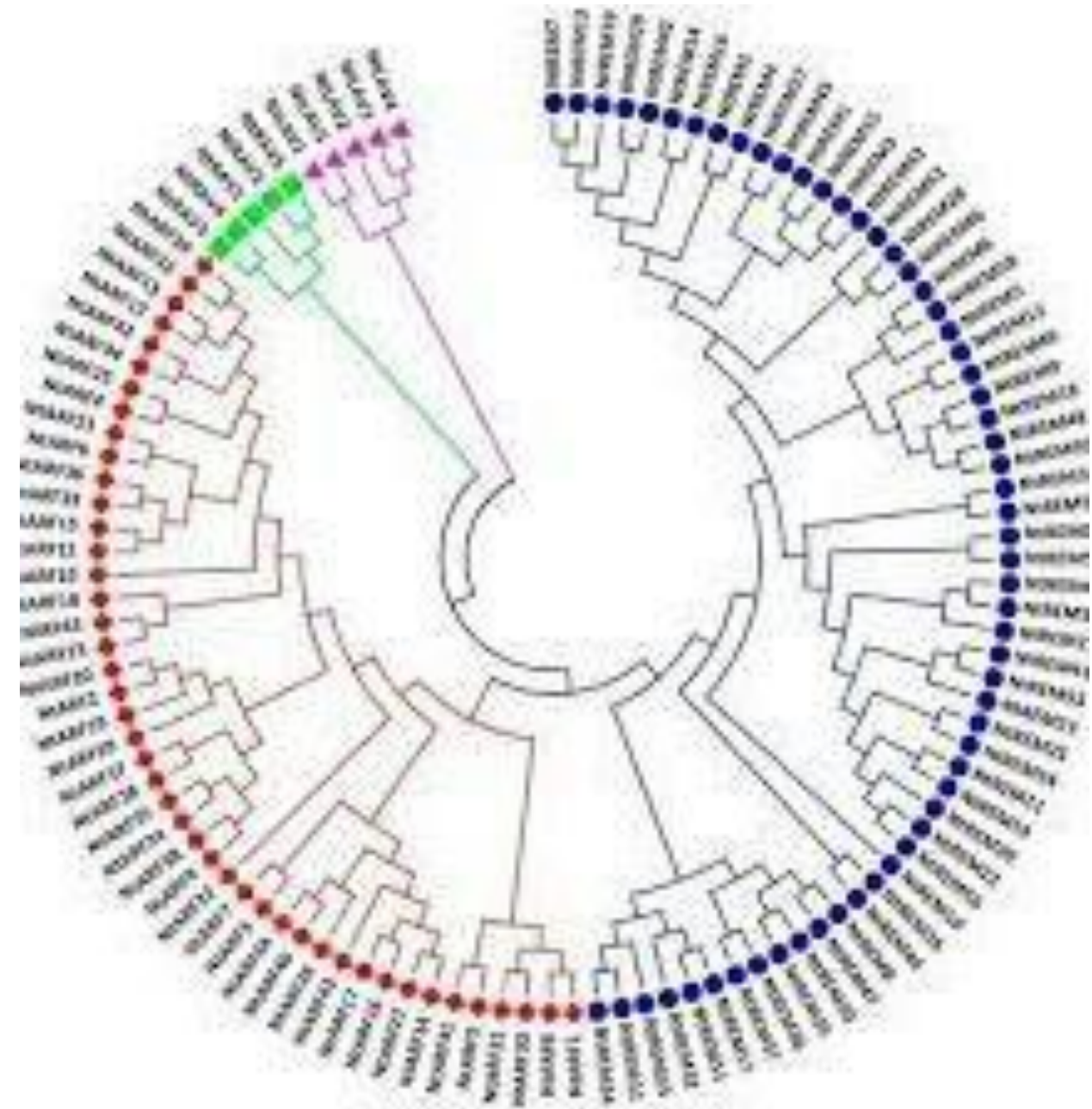
Metagenomics

- Pathogen identification/discovery
- Culture-independent diagnosis
- Microbial ecology/diversity

Many results from a single dataset
Faster and cheaper than serial

Le superpouvoir de la génomique? Sa base de données!!!

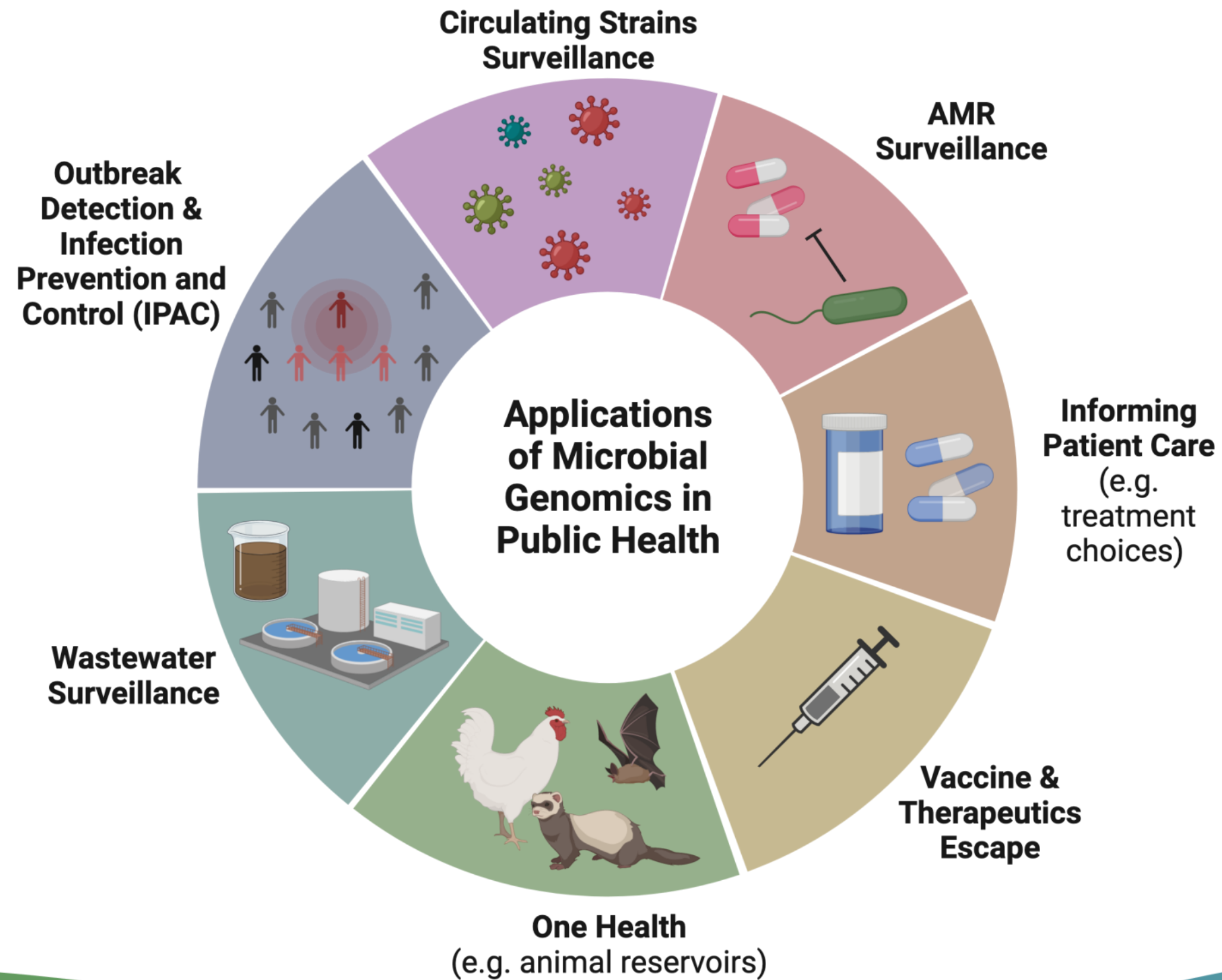
- Séquences normalisées et de qualité assurée
- Entretien, riche
- Représentation impartiale
 - Heure
 - Personne
 - Lieu
- Améliore la puissance de discernement
- Confiance dans les résultats
- Exige un entretien régulier des souches en circulation



«La génomique des agents pathogènes est l'un des outils les plus puissants dont nous disposons contre les maladies infectieuses et les risques environnementaux.»

*Professeure Susan Hopkins
Conseillère médicale en chef, Agence de sécurité
sanitaire du Royaume-Uni*





**Le programme de
génomique contribue
à la santé publique et
aux soins des
patients**

Adoption précoce de la génomique au Laboratoire de santé publique du CCMBC

Financement externe/subventions (IRSC, Genome BC, Genome Canada, LNM, etc)

- PulseNet Canada Surveillance des bactéries pathogènes d'origine alimentaire
- Surveillance génomique des organismes producteurs de carbapénémase
- Tuberculose
- Grippe aviaire

État de la génomique au CCMBC avant la pandémie (2019)

	Pathogen	Wet Lab	Bioinformatics	Reporting/ Data Viz			
RESPIRATORY	SARS-CoV-2						
	Human influenza A						
	Human influenza B						
	RSV						
	TB						
WASTEWATER	SARS-CoV-2						
AMR	CPO				<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
	Shigella						
AMR	TB				<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
	Various bacteria						
ENTERIC	Salmonella	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>			
	E. coli	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>			
	Listeria	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>			
STBBI	Hepatitis C						
	N. gonorrhoeae						
	Syphilis						
EMERGING THREATS	Avian influenza						
	Mpox						
	H. influenzae b						
	Enteroviruses						
	Group A Strep						
PARASITES	Leishmania						
METAGENOMICS	Various bacteria						

- Operational
- In Development
- Prioritized

Ressources :

- Ressources très limitées
- Opérationnalisé dans le cadre de PulseNet
- Génomique des OPC, surveillance provinciale PICNet
- Pas de personnel scientifique attitré (Ph. D.)

Rendement :

- jusqu'à 3 ou 4 semaines pour générer le séquençage d'un génome entier- mois pour produire un rapport d'éclosion
- Jusqu'à 24 échantillons par semaine

*Healthcare-associated infections (e.g. MRSA, C. difficile, Pseudomonas, Serratia)

La COVID-19 est arrivée...

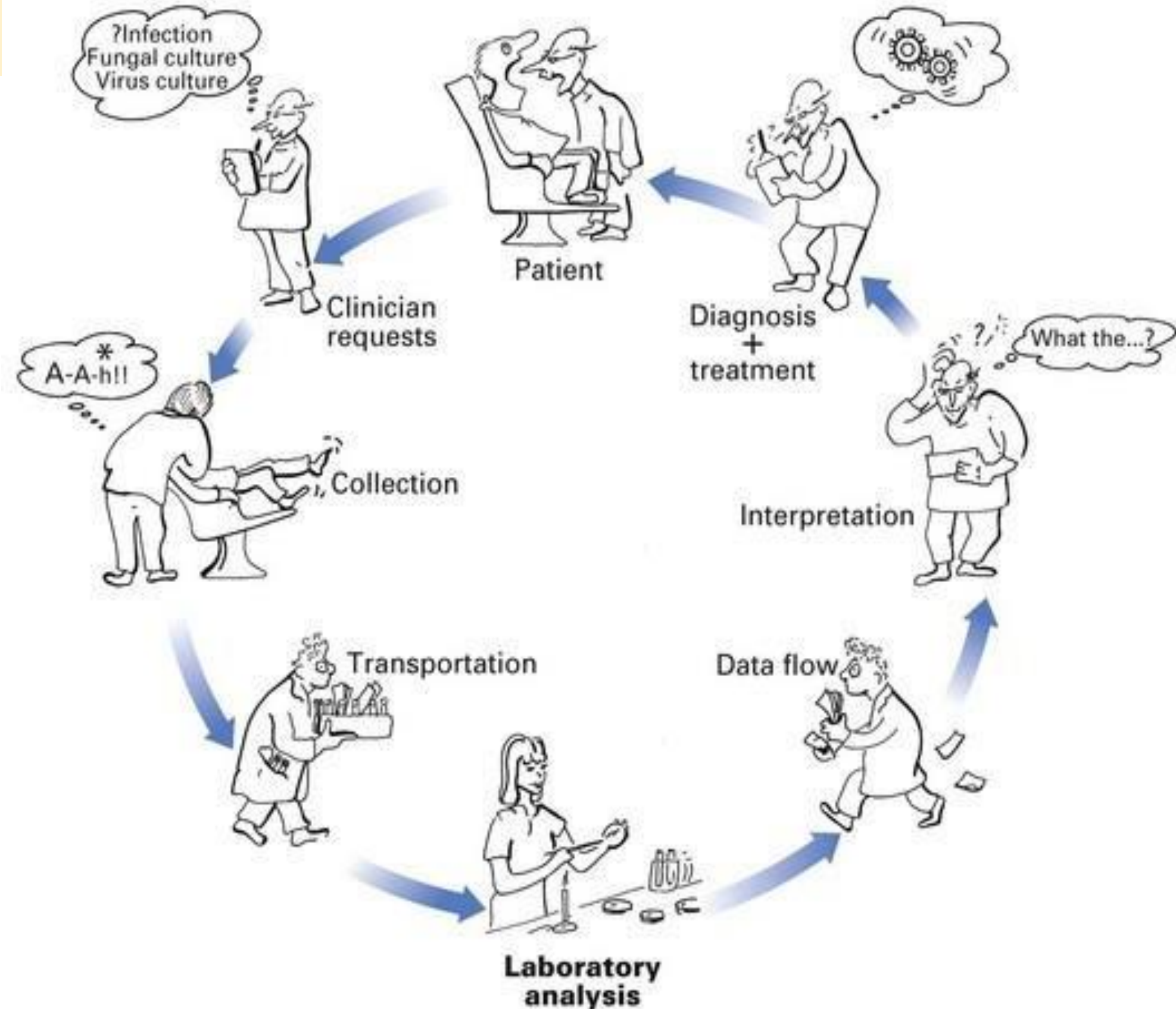
Pour la création d'un programme de tests génomiques du SRAS— CoV2 :

Capacité de séquençage à haut débit

Nécessité d'améliorer et d'automatiser les processus

Affecte toutes les étapes, des échantillons de patients aux résultats interprétés

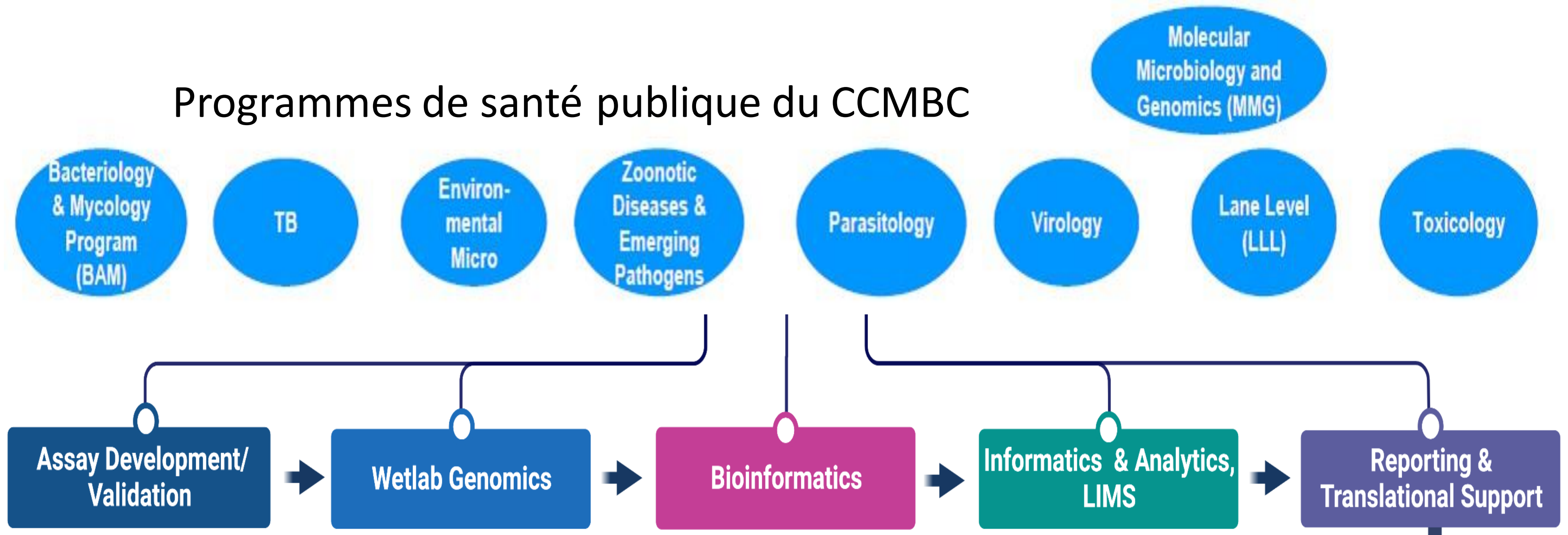
Le cycle de laboratoire commence et finit avec le patient/la population





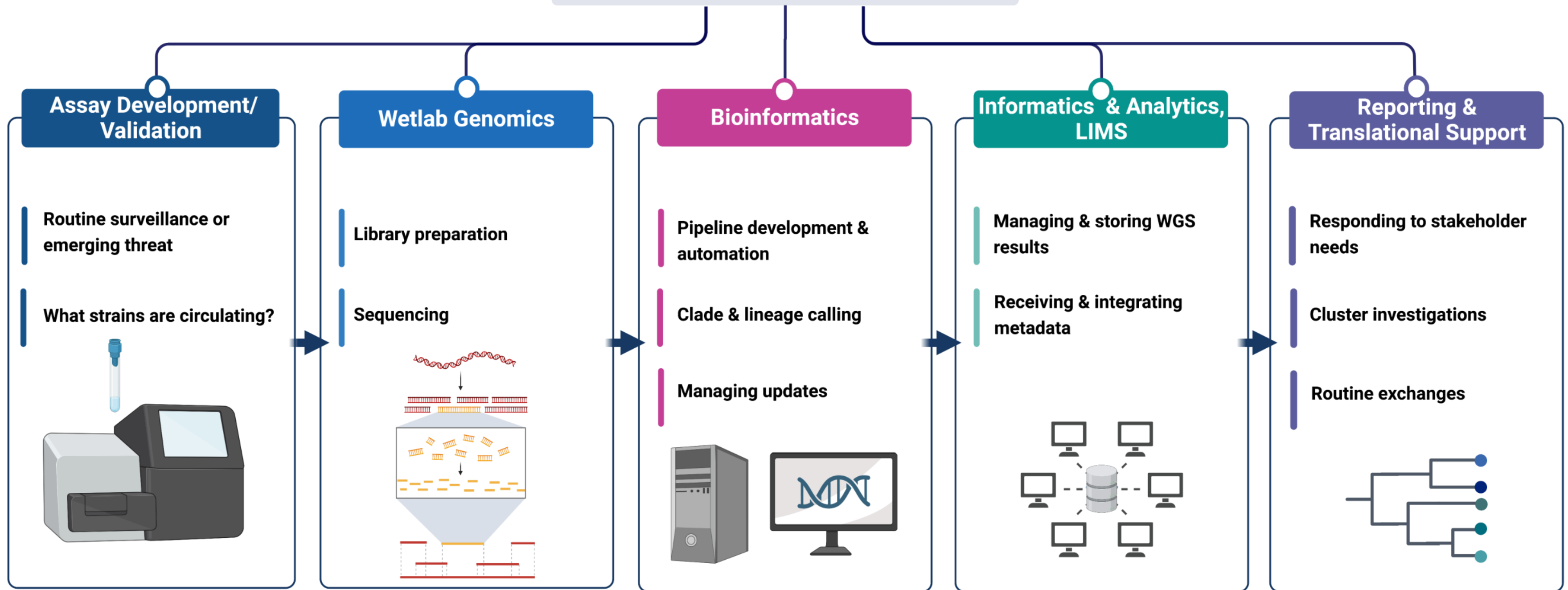
Nécessite un flux de travail génomique agnostique pour la COVID-19 et d'autres

Programmes de santé publique du CCMBC



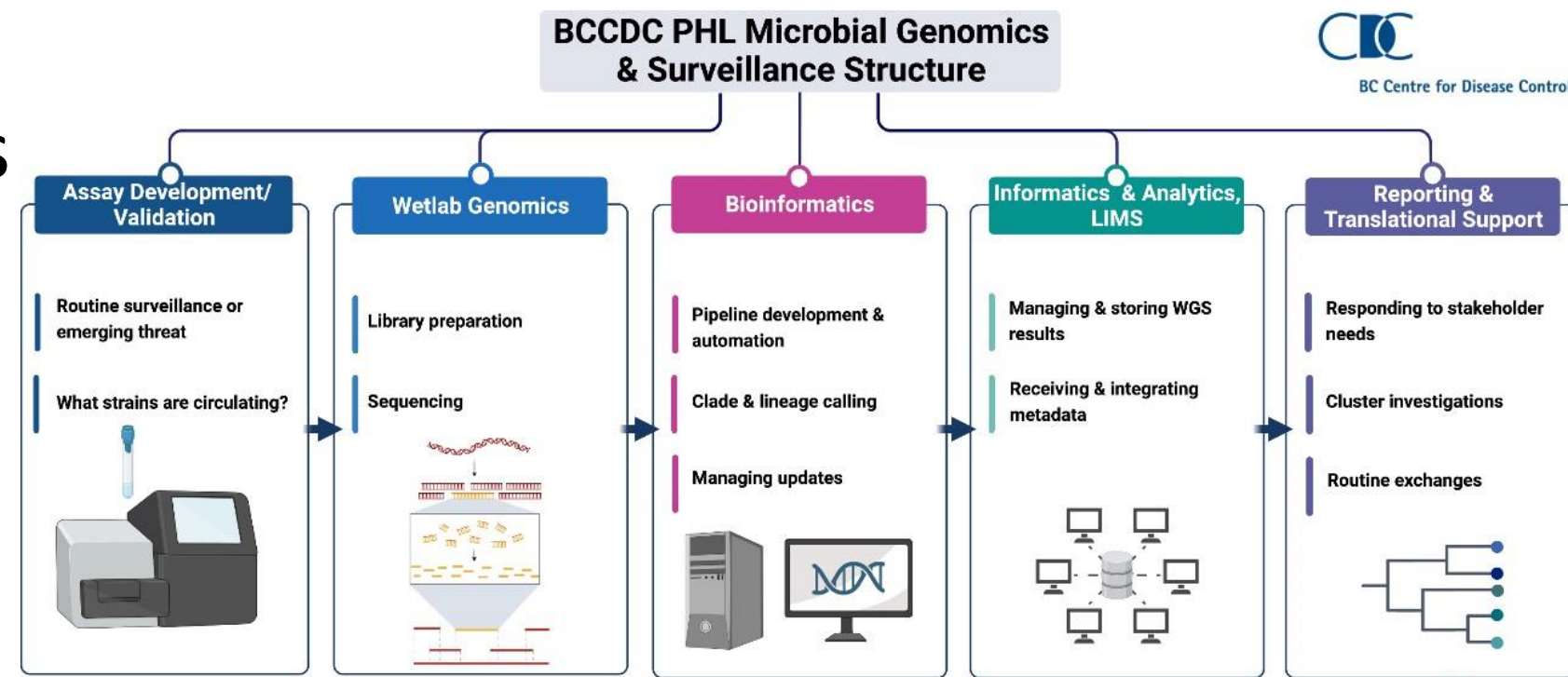
Noyau génomique créé : 5 modules fonctionnels

BCCDC PHL Microbial Genomics & Surveillance Structure



Flux de travail modulaire

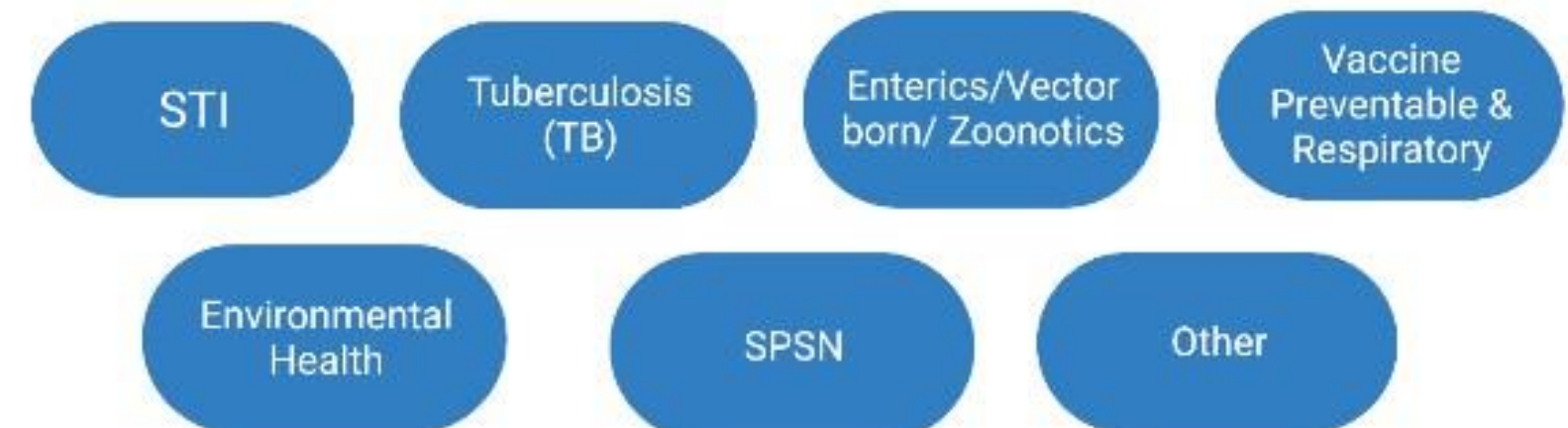
- Agnostique aux organismes
- Facile à modifier
- Réagit aux agents pathogènes prioritaires
- Centralise les compétences et les l'expertise
- Intégré
- Répond aux besoins des utilisateurs finaux



External End Users



BCCDC Internal End Users



✓ | Clinical Microbiology | Research Article | 5 February 2024



Rapid, high-throughput, cost-effective whole-genome sequencing of SARS-CoV-2 using a condensed library preparation of the Illumina DNA Prep kit

Authors: [Rebecca Hickman](#), [Jason Nguyen](#), [Tracy D. Lee](#), [John R. Tyson](#), [Robert Azana](#), [Frankie Tsang](#), [Linda Hoang](#), [Natalie A.](#)

[Prystajcky](#)   | [AUTHORS INFO & AFFILIATIONS](#)

La méthode du CCMBC minimise les coûts, le temps de mise en œuvre, et la complexité tout en préservant des données de séquences fiables et de grande qualité.

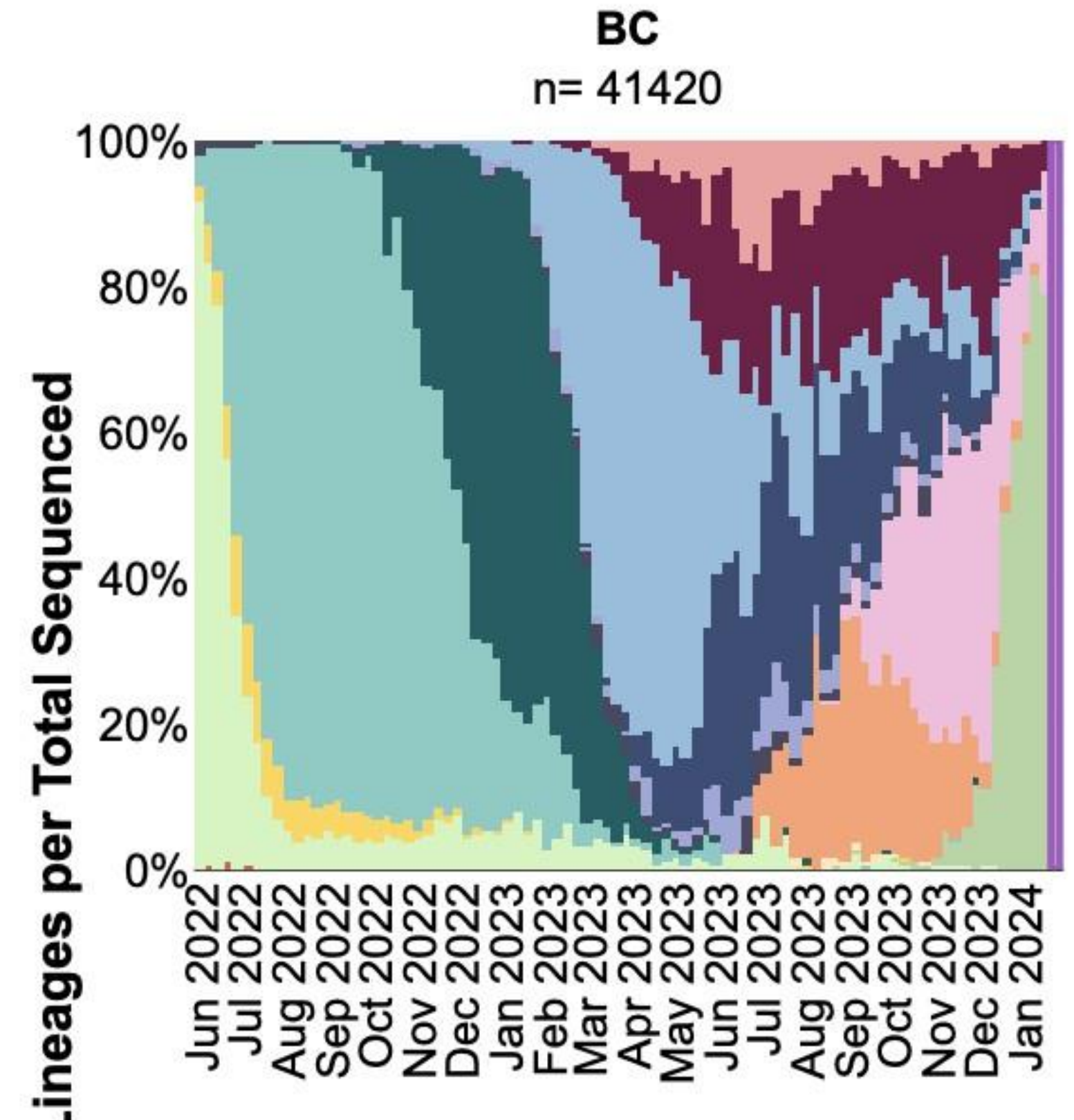
- 1 technicien pour 1 quart de travail de 8 heures
 - 1 x plaque de 96 puits --> 576 préparations de librairies
 - Amélioration du débit de 600 à 800 %

Surveillance génomique de la COVID— 19 du CCMBC



- Les connaissances génomiques sur la COVID-19 aident à comprendre le caractère évolutif des variants de la COVID-19 en circulation.
- L'intégration des systèmes de données : un héritage pour le CCMBC, l'APSP, la Colombie-Britannique
 - Laboratoire de santé publique (LSP) du CCMBC
 - Services de données et d'analyse (DAS) du CCMBC
 - Public Health Reporting Data Warehouse (PHRDW, Entrepôt de données de santé publique)
 - Data, Analytics, Evaluation and Reporting (DARE, Données, analyses, évaluation et communication des résultats)
 - Public Health Lab Operations Data Viewer and Reporter (PLOVER, serveur et rapporteur de données sur les opérations des laboratoires de santé publique)

https://bccdc.shinyapps.io/genomic_surveillance/



Grappes génomiques — aller au-delà des échantillons pour mieux comprendre les éclosions locales

Sobkowiak et al. BMC Genomics (2022) 23:710
https://doi.org/10.1186/s12864-022-08936-4

BMC Genomics

RESEARCH

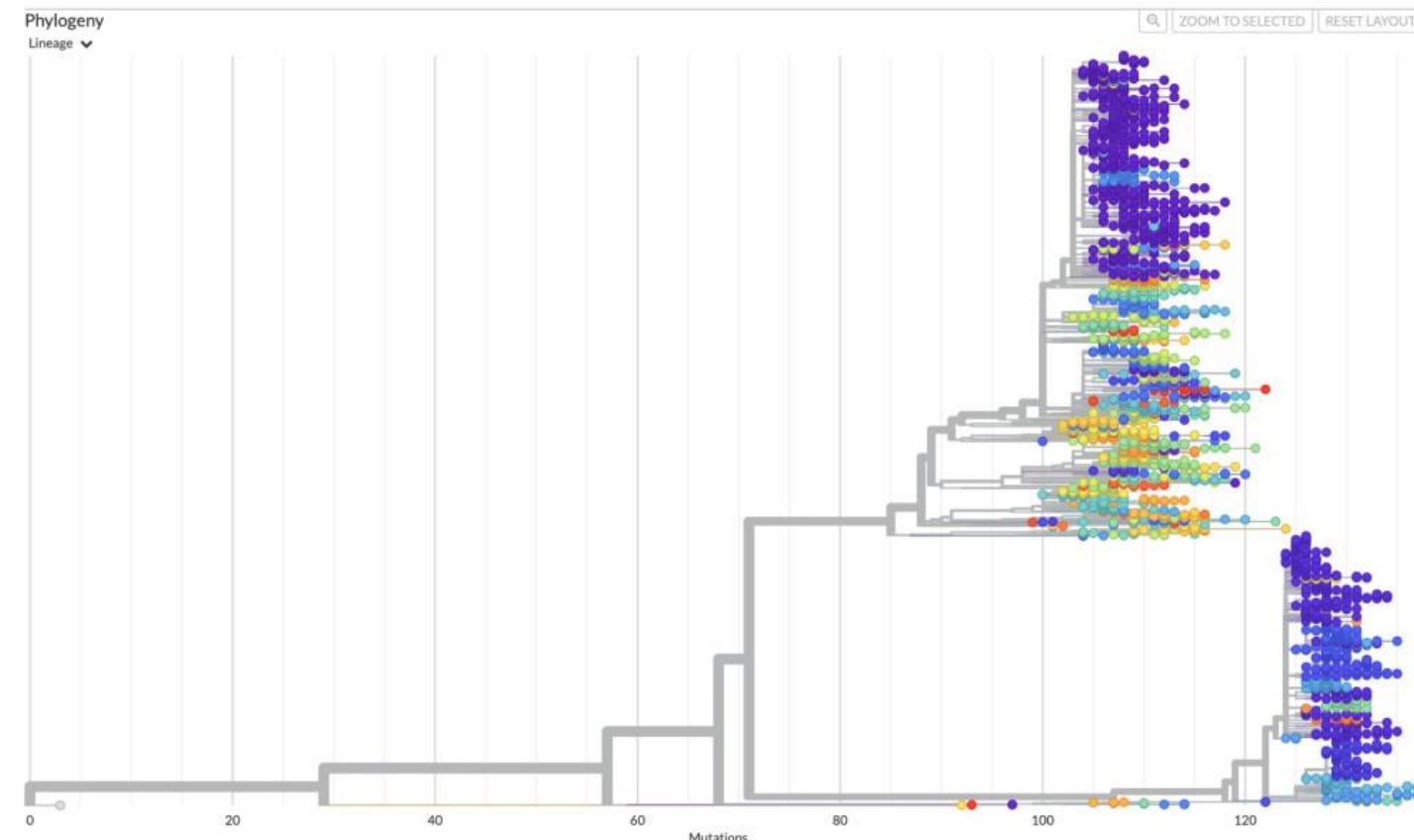
Open Access

Cov2clusters: genomic clustering of SARS-CoV-2 sequences

Benjamin Sobkowiak^{1*}, Kimia Kamelian², James E. A. Zlosnik³, John Tyson³, Anders Gonçalves da Silva⁴, Linda M. N. Hoang^{1,5}, Natalie Prystajecy^{1,5} and Caroline Colijn¹

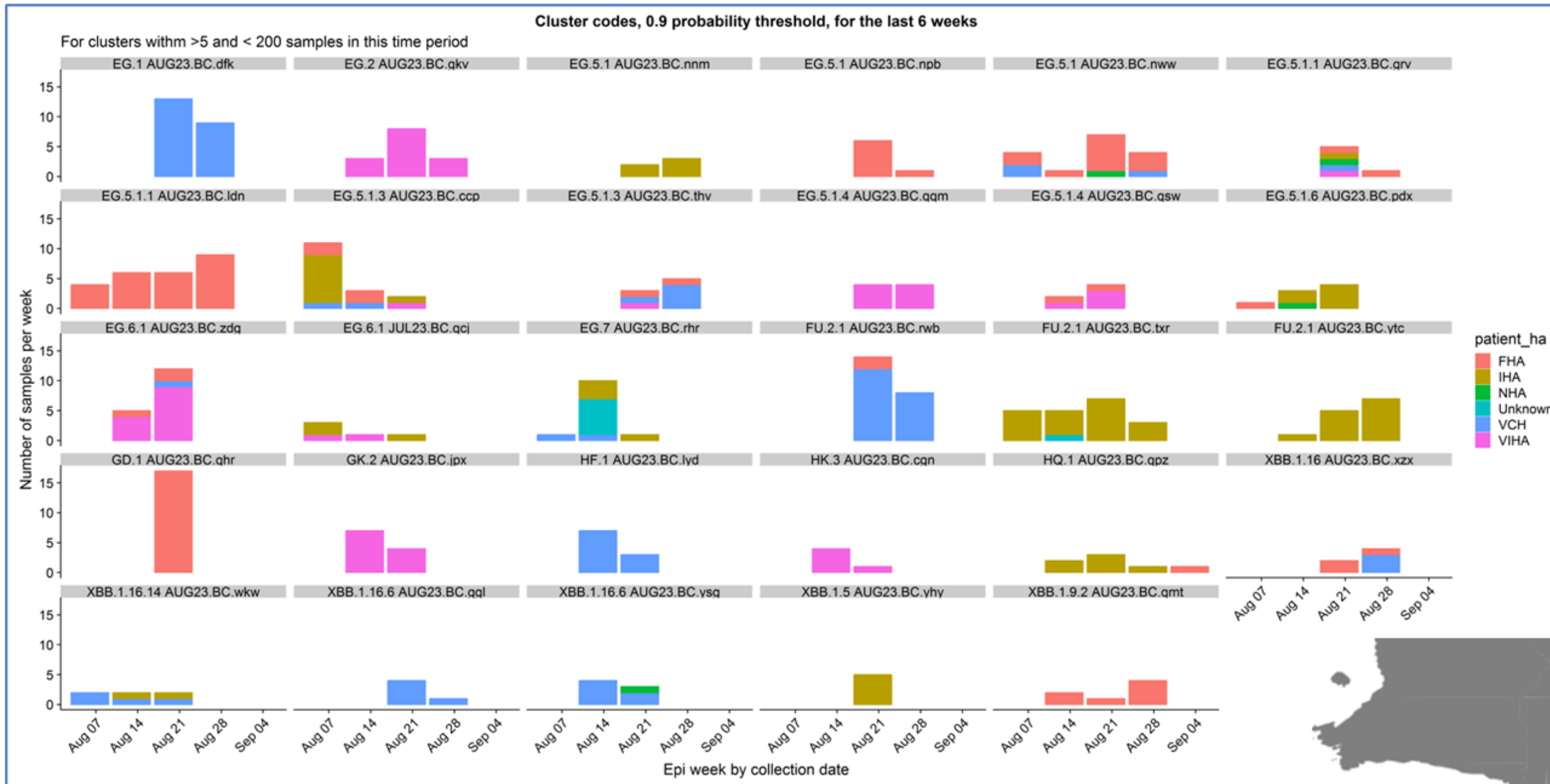
Nextstrain build for SARS-CoV-2 - Displaying Illumina Run-1-2824_Tree (September-January)

Data updated 2024-01-29.
Showing 3434 of 3434 genomes sampled between Dec 2019 and Jan 2024.



- **Problème :**
 - Nous avons besoin d'un moyen automatisé pour détecter les échantillons qui se regroupent les autres les autres sur un arbre phylogénétique.
 - Des outils existent qui répondent aux besoins universitaires (généralement un seul arbre pour publication)
 - Cependant, aucun ne répond aux besoins de la santé publique, car le code des grappes change dès que de nouveaux échantillons sont ajoutés (nouvel arbre créé.)
 - En outre, la phylogénétique est très exigeante!
- **Solution :**
 - Création de l'outil CoV2Clusters.
 - Nous travaillons à partir de tous les arbres que nous avons conçus et il est stable depuis plus de deux ans.

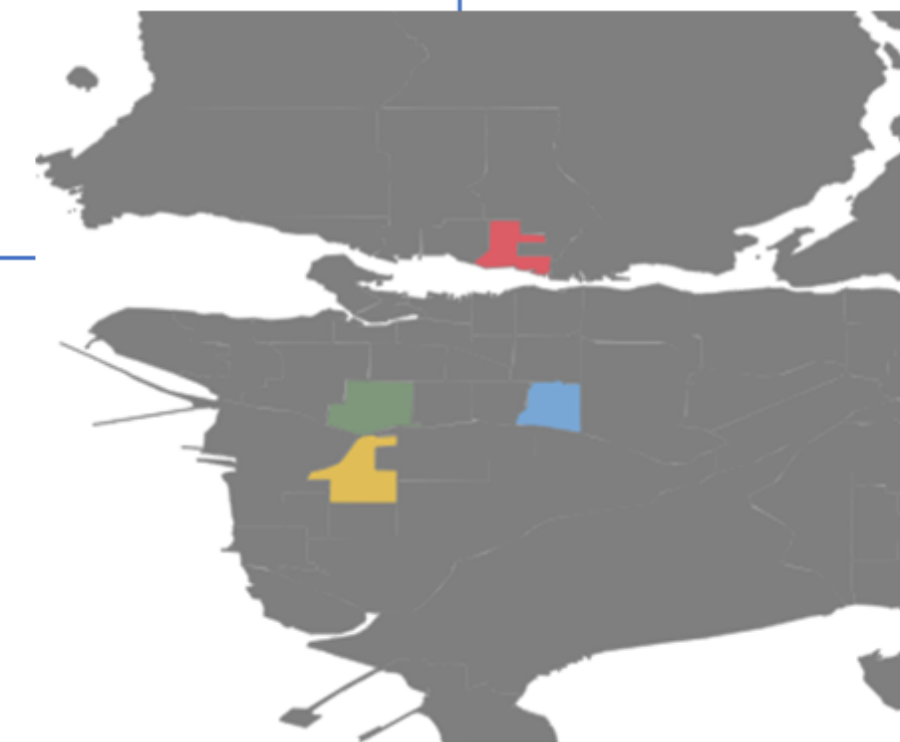
Grappes génomiques — aller au-delà des échantillons pour mieux comprendre les éclosions locales



Un code unique est assigné aux échantillons.

Nous pouvons observer des regroupements géographiques autour des foyers d'éclosion.

Utile pour identifier les foyers inconnus.



Lineage - Cluster(nextstr 0.9)

EG.1 - AUG23.BC.dfk

EG.1.7 - JUL23.BC.zrb

FU.2.1 - AUG23.BC.rwb

XBB.1.5.44 - JUL23.BC.jfp

NA

Sobkowiak et al. BMC Genomics (2022) 23:710
<https://doi.org/10.1186/s12864-022-08936-4>

BMC Genomics

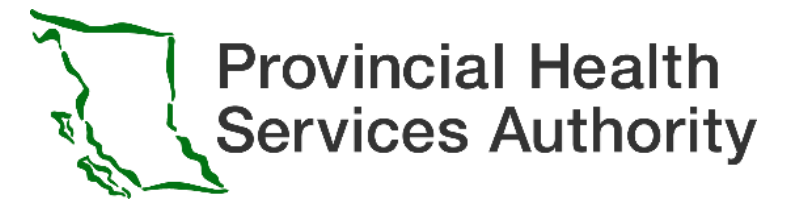
RESEARCH

Open Access

Cov2clusters: genomic clustering of SARS-CoV-2 sequences

Benjamin Sobkowiak^{1*}, Kimia Kamelian², James E. A. Zlosnik³, John Tyson³, Anders Gonçalves da Silva⁴, Linda M. N. Hoang^{3,5}, Natalie Prystajecy^{3,5} and Caroline Collin¹

Services de surveillance du LSP du CCMBC pour les utilisateurs finaux



Respiratory Surveillance
Genomic Surveillance

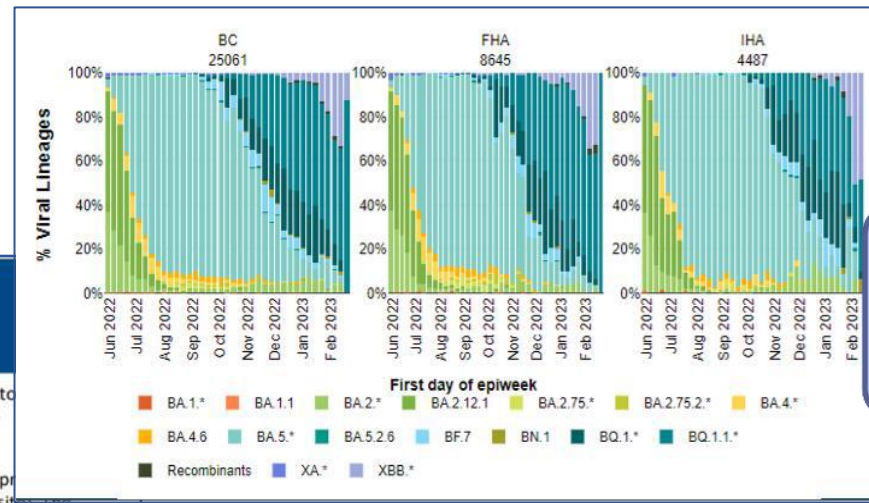
Whole genome sequencing (Illumina only) was performed on 185,737 specimens up to week 2 (January 08 - January 14) in BC. Figure 4 above illustrates BC's whole genome sequencing strategy of COVID cases.

The VOCs represent a cumulative 85.5% of all the variants that were detected in the province since the start of the pandemic (see [WGS frequency of lineages table](#) on BCCDC website). The Delta (n = 57,837) and Omicron (n = 73,915) variants account for largest proportion of the VOCs. Omicron includes B.1.1.529, the parent lineage, and BA sub-lineages (Figure 5 and appendix Table).

Figure 5. Distribution of Omicron**

Panel A: three most prevalent lineages cumulatively; Panel B: sublineages in the past 6 weeks

** These counts represent the total number of samples (not cases) sequenced.



Surveillance Dashboards

Surveillance Reports

Cluster/Outbreak Reports

Public Health Laboratory

WGS Summary Report: [redacted] Mar 28, 2021

To: Dr Smith, HA

From: BCCDC Public Health Laboratory

Test: COVID-19 Whole Genome Sequencing

Organism(s): SARS-CoV-2 (COVID-19 virus)

Outbreak Name: Public Hospital Surgical Ward (Cluster 1-100)

Executive Summary:

- Of those that have been sequenced (8/7), 4 cases generated high-quality data, 1 case generated partial data and 1 case failed.
- The majority of the cases in this cluster investigation belong to 1 distinct genetic clade within the SARS-CoV-2 lineage(s) B.1.1.
- There is 1 case that appears to be an outlier. They are different from the other cases identified in this outbreak and different from each other.
- The cases in this investigation are considered genetically related to cases identified in another outbreak in HA, as well as community cases in HA. Details of these cases can be found in the appendix.
- No variants of current concern detected in successfully sequenced samples.

Table 1: Summary of cases in the Public Hospital Surgical Ward Cluster Investigation

Case	Sequencing ID	Name	DOB	WGS Date	Collection Date	HA	SARS-CoV-2 lineage*	Clade Defect?	Outbreak Investigation ID
1	WGS000001	John, John	19780305		HA	B.1.1	Clade 1.1		Cluster 1-100
2	WGS000002	John, John	19780305		HA	B.1.1	Clade 1.1		Cluster 1-100
3	WGS000003	Jane, Jane	19780305		HA	B.1.1	Clade 1.1		Cluster 1-100
4	WGS000004	Jane, Jane	19780305		HA	B.1.1	Clade 1.1		Cluster 1-100
5	WGS000005	John, John	19780305		HA	B.1.1	Clade 1.1		Cluster 1-100
6	WGS000006	John, John	19780305		HA	B.1.1	Clade 1.1		Cluster 1-100
7	WGS000007	John, John	19780305		HA	No sample			Cluster 1-100

Public Health Laboratory

***This cluster name is generated chronologically by the BCCDC PHL, and reflects other laboratory (genetically) identified clusters or epidemiologically identified clusters. These cluster designations are subject to change following epidemiological information.

*** A clade refers to a group of SARS-CoV-2 sequences that are genetically related by 2 mutations or less. Cases that belong to a sub-clade (e.g. Clade 1.1) are considered genetically identical. Note: the clade designation, e.g. Clade 1, are arbitrary numbers assigned to delineate genetic clusters containing identical sequences. The clade names may change. We are in the process of formalizing the nomenclature for SARS-CoV-2 genetic clades.

***"Out" names are based on the lineage and are as designated by the World Health Organization (<https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>).

***"Out" names that differ by 2 mutations are "Nearby", 1-2 mutations are "Near identical", 3 mutations "Distant" and >3 mutations "Different". An outlier refers to a case that is distinct from all the other cases in this cluster, i.e. differs by >3 mutations.

Figure 1. SARS-CoV-2 genetic diversity for a subset of samples sequenced by the BCCDC PHL. This tree is rooted to the original Wuhan reference strain (MN908947.3), and displays sequences based on the number of mutations that differ from this reference strain (in red). Cases belonging to the Public Hospital Surgical Ward cluster investigation (Cluster 1-100) are displayed as purple and blue dots on the tree tips.

Please do not hesitate to contact us if you require any further clarification.

L. Hoang
Linda Hoang MS, MD, DTM&H, FRCPC



“Genome sequencing is a powerful tool in Canada’s public health response to COVID-19, allowing decision makers to respond rapidly to new outbreaks and variants of concern.”



Sr. Stephen Lucas, Deputy Minister of Health Canada (April 2021)



Séquençage de la COVID-19 sur Illumina (août 2020— jusqu’à aujourd’hui)

Génomes ayant passé le contrôle de qualité : 205 586

Séquences dans GISAID : 179 458

Éclosions ayant fait l’objet d’une enquête : 804

Variants préoccupants séquencés.

Alpha : 15 034

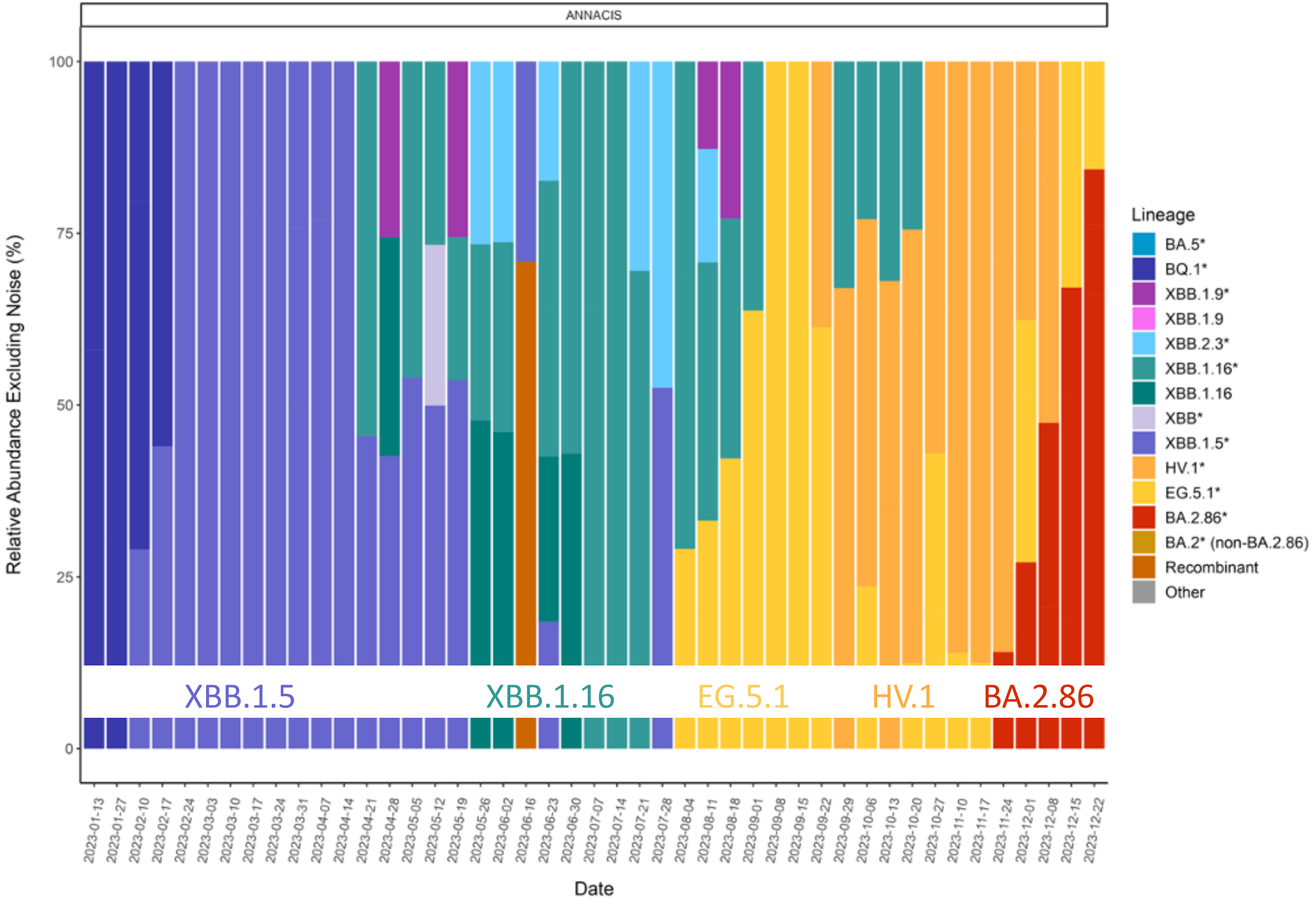
Gamma : 11 918

Delta : 58 557

Omicron : 93 928



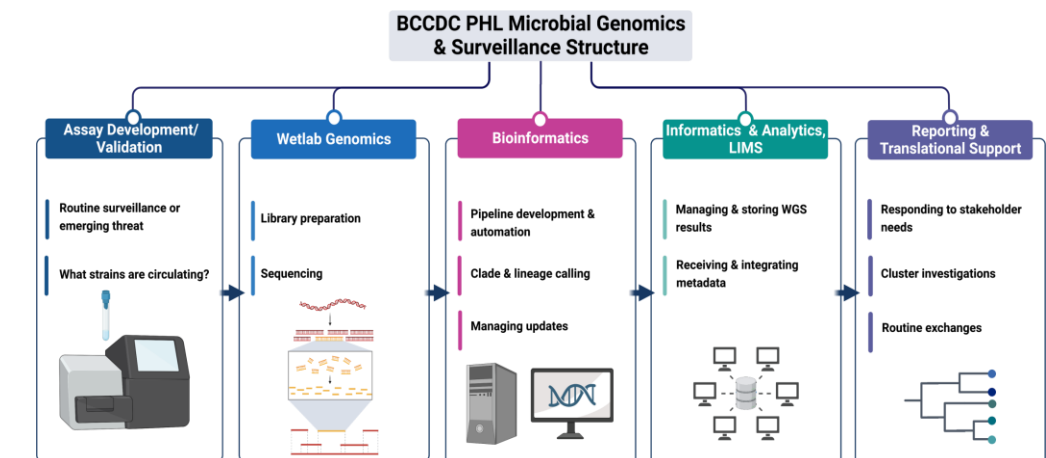
Transposition du savoir-faire en matière de séquençage de la COVID-19 au séquençage du SRAS-CoV-2 dans les eaux usées



Autres applications récentes

Mpox : Application de l'expérience COVID-19 en génomique

- Création d'un test de détection
- Suivi de mutations génomiques pour
 - introductions épidémiologiques,
 - enquêtes sur les éclosions
 - suivi pour une dérive de l'efficacité vaccinale



Les tests de résistance aux antituberculeux sont maintenant routiniers

- Détection plus rapide de la résistance pour un traitement approprié précoce
(La tuberculose met des semaines, des mois à se développer.)
- Soutien à l'objectif d'élimination de la tuberculose

État actuel de la capacité génomique

	Pathogen	Wet Lab	Bioinformatics	Reporting/ Data Viz
RESPIRATORY	SARS-CoV-2	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
	Human influenza A	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
	Human influenza B	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
	RSV	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
	TB	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
WASTEWATER	SARS-CoV-2	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
AMR	CPO	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
	<i>Shigella</i>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
	TB	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
HCAI*	Various bacteria	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
ENTERIC	<i>Salmonella</i>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
	<i>E. coli</i>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
	<i>Listeria</i>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
STBBI	Hepatitis C	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
	<i>N. gonorrhoeae</i>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
	Syphilis	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
EMERGING THREATS	Avian influenza	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
	Mpox	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
	<i>H. influenzae b</i>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
	Enteroviruses	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
	Group A Strep	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
PARASITES	<i>Leishmania</i>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
METAGENOMICS	Various bacteria	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>

Operational
 In Development
 Prioritized

- Ajouts de personnel
- Chercheurs principaux : soutien à la génomique
- Bioinformaticiens : Ressources LSP + LNM
- Personnel technique (fonds d'urgence COVID-19)
- Acquisitions d'immobilisation : manipulateurs de liquide, 2 hauts séquenceurs à haut débit
- 3—7 jours pour obtenir un résultat de SGE — 1 semaine pour produire un rapport d'éclosion
- ~4K échantillons par semaine au plus fort de la COVID-19

*Healthcare-associated infections (e.g. MRSA, *C. difficile*, *Pseudomonas*, *Serratia*)

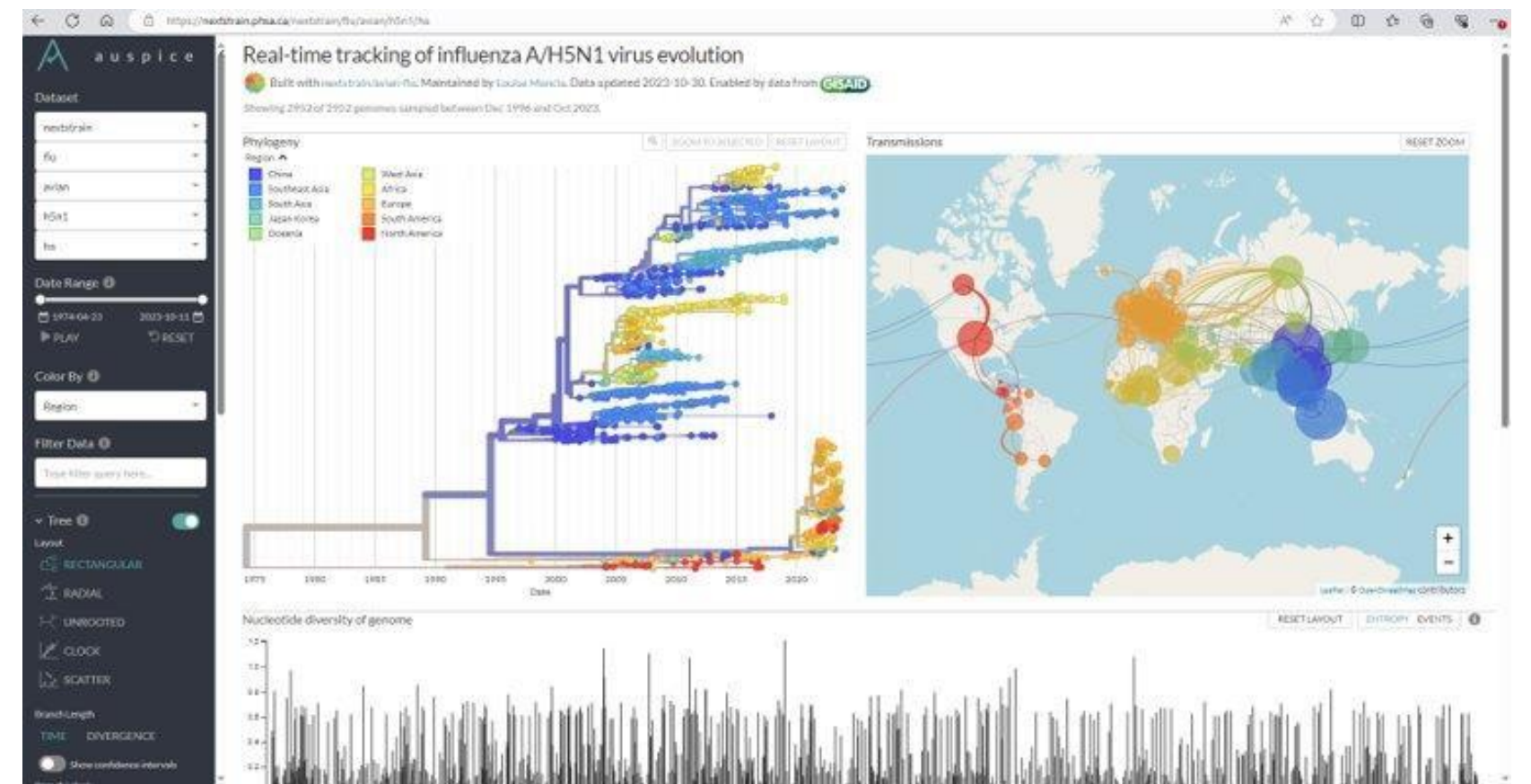
Une seule santé — Validation de concept



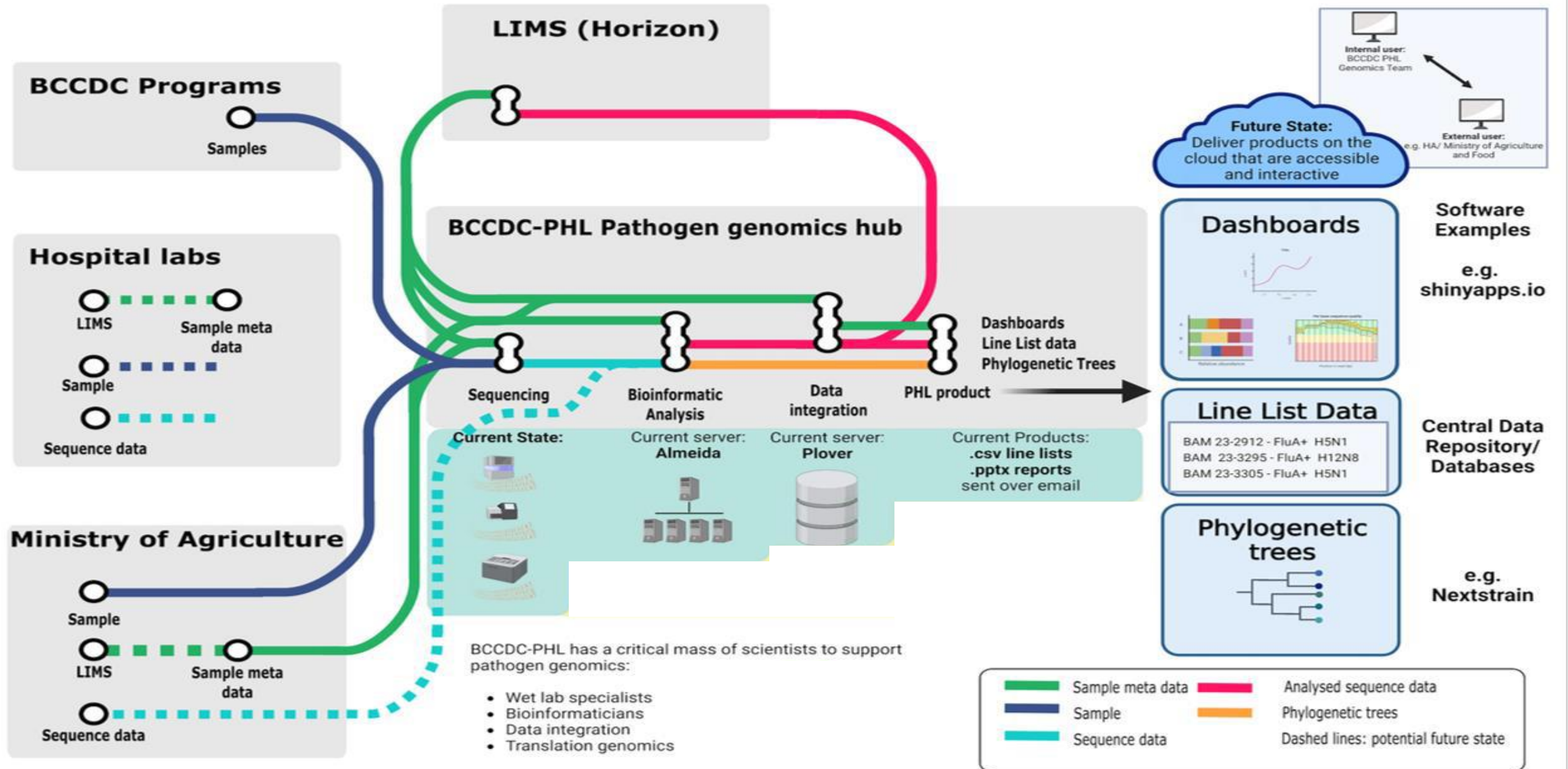
- Séquençage de la grippe aviaire hautement pathogénique du LSP du CCMCB pour le Centre de santé animale (ministère de l'Agriculture et des Forêts)
- Les résultats sont accessibles en format PDF ou PowerPoint, peu conviviaux

--> fournir un tableau de bord génomique et un accès logiciel au Centre de santé animale via le nuage de l'APSP

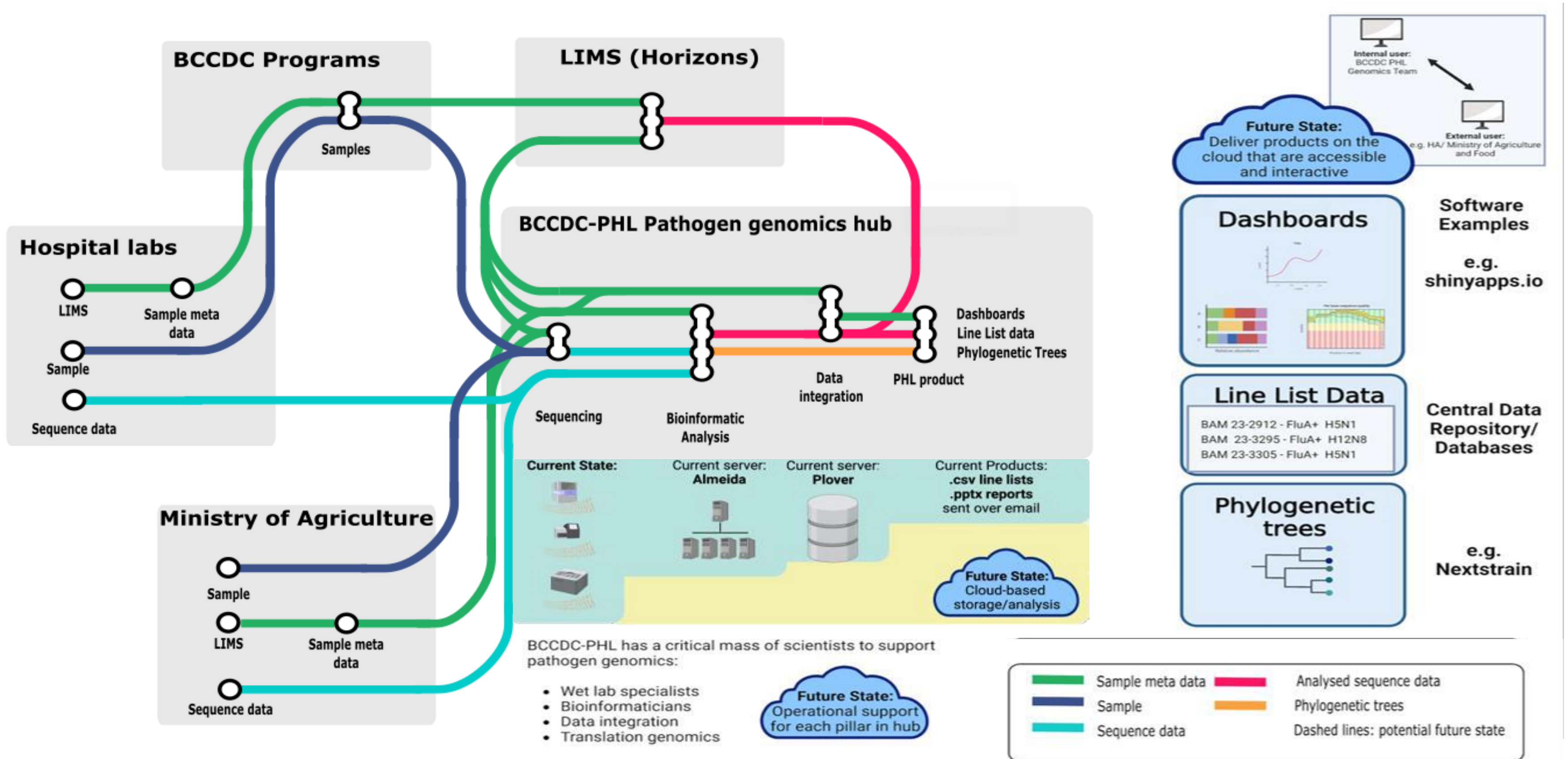
--> automatiser les rapports et les tableaux de bord



Centre de génomique des agents pathogènes du LSP du CCMBC – Avenir proche

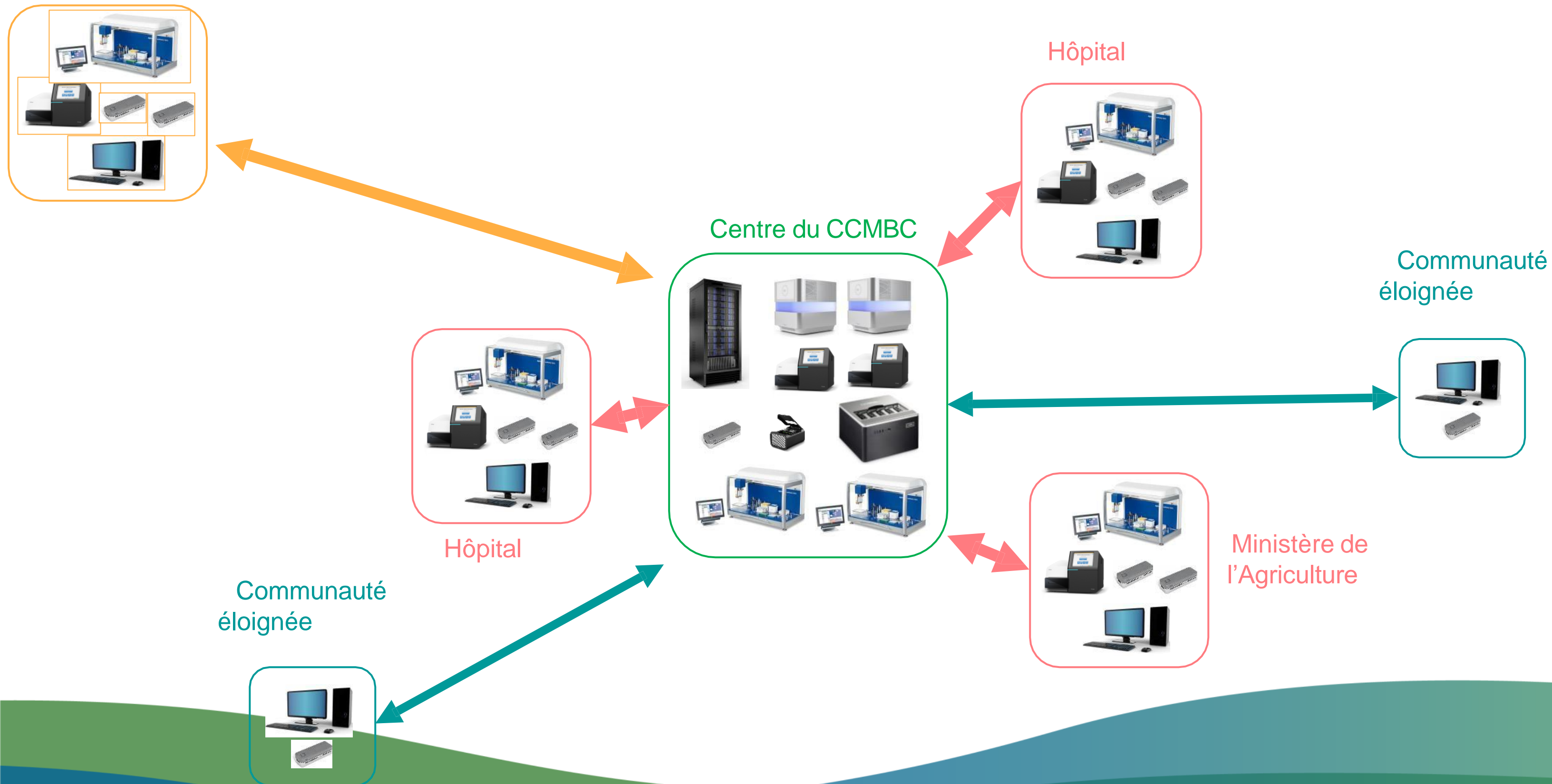


Centre de génomique des agents pathogènes du LSP du CCMBC : état futur, une plateforme intégrée de génomique des agents pathogènes pour la Colombie-Britannique



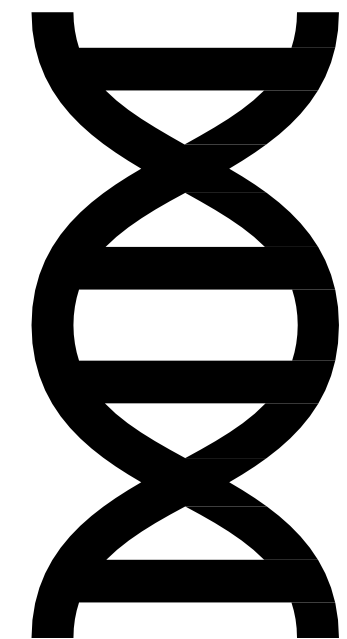
Infrastructure de génomique et modèle de réseau en étoile

Laboratoire national de microbiologie

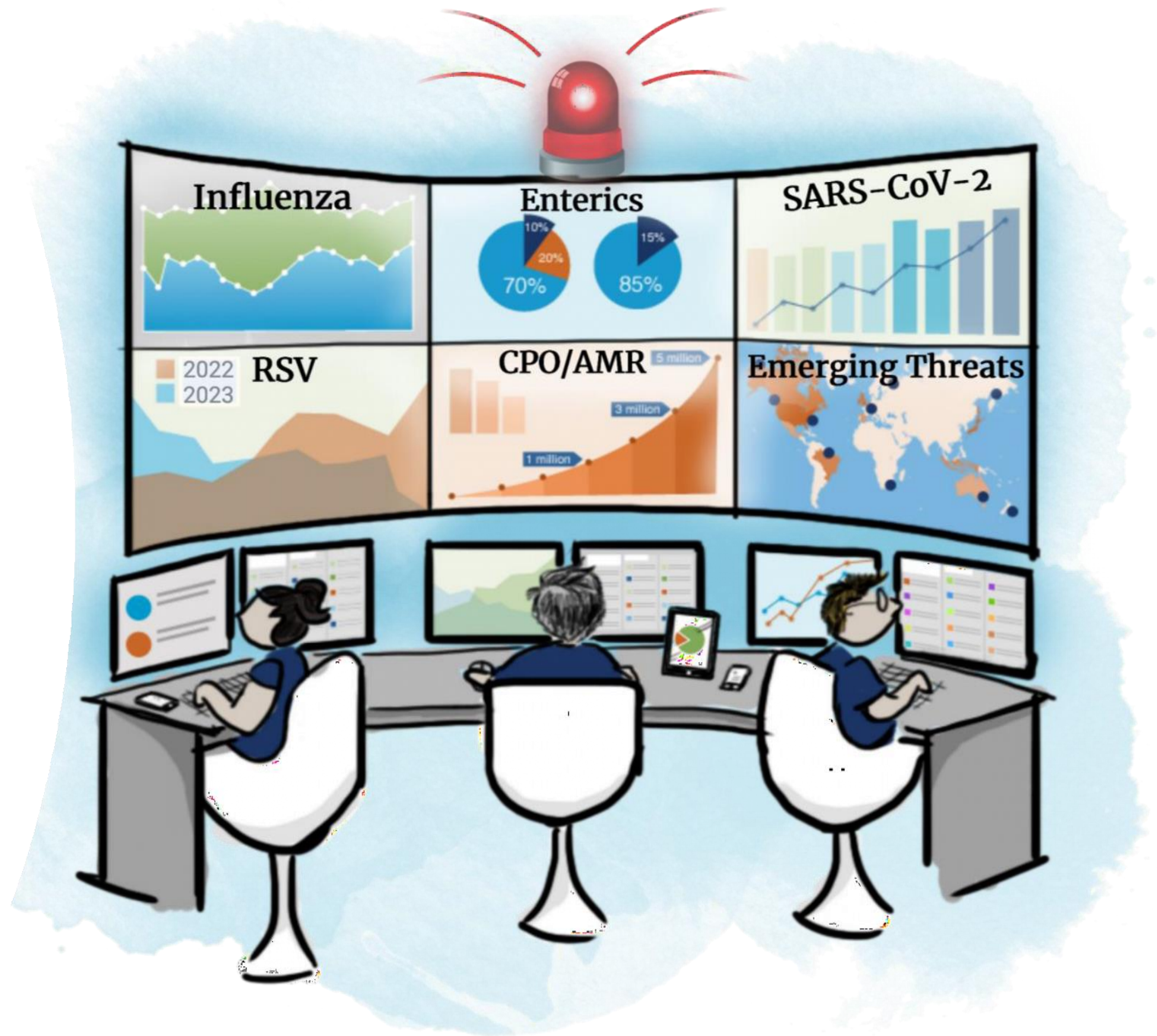


Rôle de la génomique des agents pathogènes en Colombie-Britannique

- Améliorer les diagnostics, les traitements et les vaccins.
- Éclairer la prise de décision sur le plan clinique, de la santé publique et des politiques
 - À partir de bases de données provinciales, nationales, internationales
 - Noyau d'experts
 - Capacité d'innovation
 - Prêt à réagir
- Mettre en place des moyens et des services intégrés et présentant un bon rapport coût/efficacité
- Accès équitable aux outils de génomique avancés dans toutes les RRS
- Optimiser la connectivité
- Une seule santé



La vision : Infrastructure et outils provinciaux de génomique microbienne en étoile pour soutenir les soins aux patients, la santé publique et l'approche Une seule santé



Remerciements

Laboratoire de santé publique du CCMBC

Laboratoire de santé publique du CCMBC personnel médical

- Dre Natalie Prystajcky, Dre Agatha Jassem, Dr Muhammad Morshed, Dre Adriana Adriano Dre Inna Sekirov, Dre Jennifer Grant, Dre Catherine Hogan, Dr Mel Krajden

Laboratoire de santé publique du CCMBC, chercheurs principaux en génomique

- Dr James Zlosnik (bioinformatique)
- Dr John Tyson (laboratoire expérimental)
- Dre Shannon Russell (génomique translationnelle)
- Dr Chris Fjell (informatique des données)

Laboratoire de santé publique du CCMBC/LNM

bioinformaticiens

- Dan Fornika
- Sherrie Wang
- Jessica Caleta
- Tara Newman
- Adriana CarbreraDelgado
- John Palmer



DARE/PANDA

Laboratoire de santé publique du CCMBC, programmes

- Génomique moléculaire et microbienne
 - Frankie Tsang, Tracy Lee, Kathleen Kolehmainen, Cindy Zheng et l'équipe
- Bactériologie and Mycologie
 - Janet Fung, Rob Azana, Loretta Janz, Corinne Ng, Anthea Lam, Ben Hon et l'équipe
- Isolement du virus
 - Frankie Tsang
- Mycobactériologie
 - Mabel Rodrigues, Trevor Hird, Danielle Jorgensen, Rupinder KhunKhun
- Informatique
 - Kelvin Lam, King Choi, Harris Kim, Omid Ghahramani
 - Kevin Yang (ATLL du LNM)
- Coordonnateur des éclosions
 - Yin Chang

Services de données et d'analyse du CCMBC

- Dr Hind Sbihi
- Yayuk Joffres
- et l'équipe!!!!

ET TANT D'AUTRES!!!



MERCI!



Période de discussion

Des questions?

Veillez utiliser l'**onglet Q&R** pour soumettre vos questions à nos intervenants. Vous pouvez «**aimer**» les questions des autres pour les faire remonter dans l'ordre de priorité.



Mot de la fin



Merci!

Participez au prochain séminaire le
mardi 25 juin 2024 (de 13 h à 14 h, HE)!

Veillez répondre à notre **sondage** qui sera accessible
peu de temps après le séminaire. Scannez le code QR.

L'enregistrement et les diapositives de la présentation
du séminaire seront accessibles dans un délai de deux
semaines sur le site Web du CCNMI : <https://ccnmi.ca/>.

Rendez-vous au <https://ccnmi.ca/serie-de-seminaires-sur-les-progres-realises-dans-le-domaine-de-la-surveillance/> pour obtenir plus de renseignements sur
la série de séminaires sur les progrès dans le domaine
de la surveillance.

