

La génomique : un incontournable pour lutter contre les maladies infectieuses

QUESTION DE SANTÉ PUBLIQUE — COMPRENDRE POUR AGIR Novembre 2025

EN BREF

- Qu'elles soient connues ou en émergence, les maladies infectieuses menacent notre santé. La santé publique ne se contente pas de combattre les infections au moyen de médicaments et de vaccins. Elle utilise aussi des outils sophistiqués comme la génomique pour y arriver.
- La génomique permet de détecter les infections et de développer des traitements plus efficaces, en ciblant les informations génétiques des micro-organismes responsables de l'infection, comme les bactéries et les virus.
- Les approches génomiques utilisent la bio-informatique et le séquençage d'ADN pour comprendre le fonctionnement des micro-organismes. Les analyses traditionnelles en laboratoire conservent leur utilité, mais elles sont moins rapides et moins précises.
- Il faut réunir plusieurs conditions pour bénéficier pleinement de la génomique, dont des ressources humaines et technologiques suffisantes, des processus techniques et logistiques aussi fluides que possible et des collaborations entre les organisations de santé publique et les autres acteurs concernés par les infections et leur contrôle.

MISE EN CONTEXTE

Dans son [Plan stratégique 2023-2027](#), l'Institut national de santé publique du Québec (INSPQ) s'est engagé à sensibiliser la population et les décideurs aux enjeux de santé publique. En abordant divers sujets mobilisant ses experts, la collection « Questions de santé publique » contribue à promouvoir une culture de santé publique et de prévention au Québec.

La pandémie de COVID-19, la mpox et la croissance de bactéries résistantes aux antibiotiques rappellent que les maladies infectieuses demeurent une menace. Même en dehors de crises sanitaires, des [milliers de personnes](#) sont touchées chaque année par des infections diverses comme la salmonellose et les infections à *E. Coli*.

Plus on s'éloigne de la dernière pandémie, plus on s'approche de la prochaine. La génomique a montré son potentiel pour détecter rapidement ces menaces et mieux y répondre. Les avancées dans le domaine promettent de renforcer notre capacité à les affronter.

L'INSPQ répond à la question : comment la génomique peut-elle contribuer à la lutte contre les maladies infectieuses?

LA GÉNOMIQUE EN UN COUP D'OEIL

Chaque organisme possède un identifiant unique inscrit dans son matériel génétique, comme l'ADN chez l'humain. C'est ce qu'on appelle le génome. Il contient à la fois le guide de construction et le manuel d'utilisation d'un organisme.

La génomique est la science qui lit et étudie le génome grâce au séquençage et à la bio-informatique. En déchiffrant le génome des micro-organismes, comme les virus, les bactéries ou les champignons, les scientifiques peuvent mieux comprendre comment ils fonctionnent, se propagent et évoluent.

Une science en progression

Les avancées en bio-informatique et en séquençage des gènes ont accéléré l'évolution de la génomique depuis les années 1990. Cette science remplace peu à peu les méthodes traditionnelles, comme la microscopie, la biochimie et le génotypage.

Elle transforme significativement les pratiques des laboratoires d'ici et d'ailleurs, dont le Laboratoire national de microbiologie du Canada et le Laboratoire de santé publique du Québec (LSPQ). Depuis 2017, le LSPQ surveille des infections bactériennes, telles que la salmonellose, les infections à *E. Coli* et la shigellose à l'aide de la génomique.

En 2019, 29 pays européens l'utilisaient pour surveiller au moins un micro-organisme infectieux (3). Ayant fait ses preuves lors de la pandémie de COVID-19, son usage s'est ensuite répandu au Québec et à travers le monde.

Une quantité d'informations et une rapidité inégalées

Qu'il s'agisse du virus de la grippe, de bactéries comme la salmonelle ou le pneumocoque, ou encore de souches de tuberculose, la génomique peut analyser en entier le matériel génétique de chacun. Elle permet ainsi de collecter une quantité sans précédent d'informations afin d'améliorer la compréhension de leur fonctionnement.

Autre atout majeur : sa rapidité. La génomique permet d'analyser un grand nombre d'échantillons en quelques heures grâce à des systèmes informatiques automatisés (1,2).

LES UTILITÉS DE LA GÉNOMIQUE POUR CONTRER LES MALADIES INFECTIEUSES

La génomique possède plusieurs avantages sur les méthodes traditionnelles d'analyse en laboratoire. Voici les principaux.

Une détection plus rapide et un suivi plus précis

La précision et la rapidité de la génomique facilitent la détection précoce de nouveaux micro-organismes, à l'instar du virus SRAS-CoV-2 dont le génome a été séquencé en un temps record après son émergence en Chine (4).

La génomique favorise le suivi des maladies infectieuses selon les saisons, les années et les régions. En repérant les changements génétiques, elle distingue les diverses souches d'un même agent infectieux, comme les variants Delta et Omicron du SRAS-CoV-2 (5).

Lors de la pandémie de COVID-19, les données sur les variants ont servi à anticiper les nombres de cas, d'hospitalisations et de décès afin

d'ajuster les ressources à mobiliser (6). Les gouvernements ont pu adapter la distribution des vaccins selon les variants dominants dans chaque région, et ainsi mieux contrôler les conséquences (7).

Une meilleure évaluation des sources et des risques

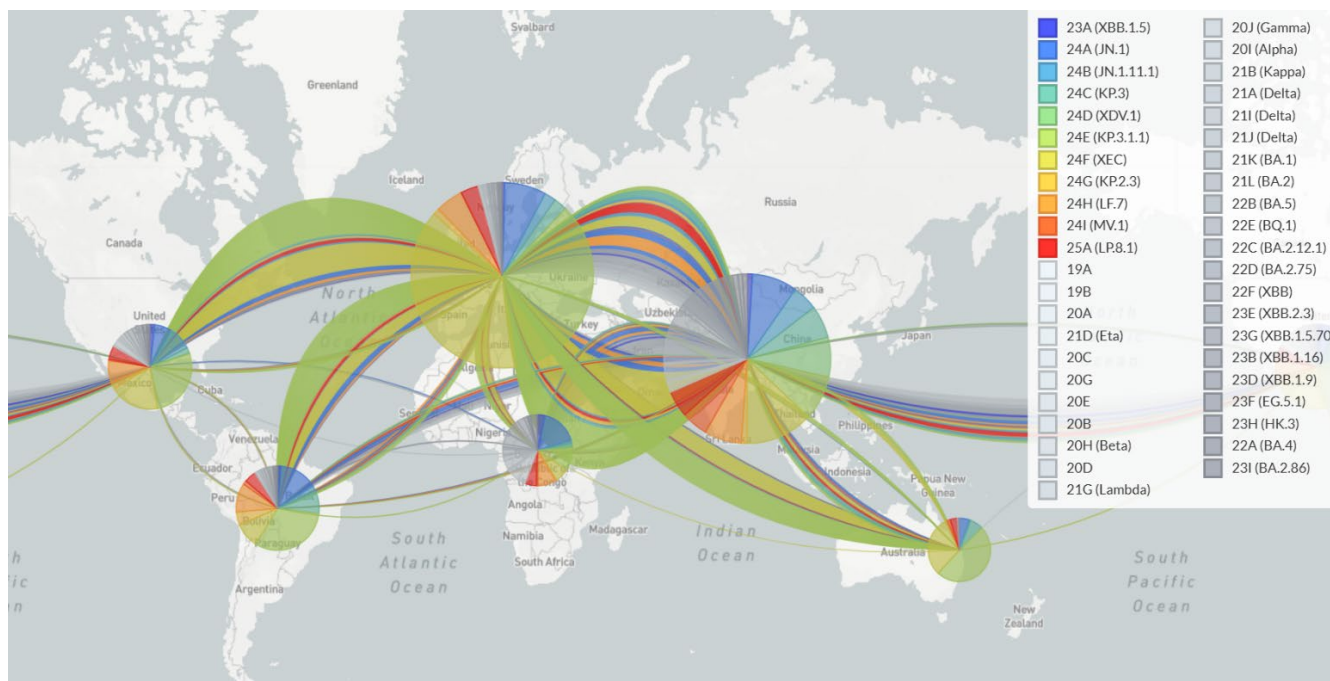
Décrypter le génome des micro-organismes sert à mieux évaluer les risques qu'ils représentent : leur capacité à se transmettre (transmissibilité), leur aptitude à rendre les personnes malades (virulence) et leur résistance aux défenses immunitaires, aux vaccins ou aux médicaments.

En comparant le génome des micro-organismes responsables d'une éclosion, il est possible de déterminer si des cas sont liés et de remonter à la source de l'infection.

Par exemple, les analyses génomiques peuvent distinguer les infections transmises en communauté de celles transmises en milieu de soins afin de mieux cibler les mesures à mettre en place dans les milieux touchés. En 2021, le LSPQ et l'Université McGill ont estimé à partir d'analyses génomiques que 50 à 75 % des cas de la première vague de COVID-19 au Québec provenaient d'une dizaine d'introductions seulement, juste après la semaine de relâche (8).

Un autre exemple concret : en 2019, le réseau canadien de laboratoires [PulseNet](#), qui utilise la génomique pour surveiller les éclosions de maladies d'origine alimentaire, a identifié des produits de poulet pané congelés comme une source importante de salmonellose. L'Agence canadienne d'inspection des aliments a alors exigé que l'industrie précise ces produits à une température détruisant la salmonelle avant de les vendre (9). L'éclosion a ensuite été maîtrisée.

Figure 1 Carte de transmission des variants de la COVID-19 par continent



Informations tirées de : (10)

Des vaccins et des traitements plus efficaces

En dévoilant les faiblesses des agents infectieux, la génomique accélère le développement de traitements et de vaccins plus efficaces. Les données génomiques peuvent révéler qu'une mutation du virus de la grippe entraîne une résistance à certains antiviraux afin d'adapter les recommandations sur leur utilisation (6).

La génomique joue aussi un rôle clé dans la lutte contre la résistance aux antimicrobiens, c'est-à-dire lorsque les micro-organismes ne répondent plus autant aux médicaments pour les combattre, comme les antibiotiques. En identifiant les gènes de résistance, les scientifiques peuvent prédire quels antibiotiques seront efficaces contre une infection (11).

Le développement et la mise à jour rapide des vaccins à ARN contre la COVID-19 reposent sur des données génomiques. En effet, elles ont permis de simuler une protéine du SRAS-CoV-2 que le système immunitaire humain pouvait facilement reconnaître et attaquer (12).

Le [Projet mondial de séquençage du pneumocoque](#) utilise la génomique pour surveiller les souches résistantes aux antimicrobiens et adapter les stratégies de vaccination au pneumocoque à travers un réseau international d'instituts de santé publique. Chaque année, cette bactérie cause des infections respiratoires graves qui entraînent des [milliers d'hospitalisations et plusieurs décès](#) au Québec, comme les pneumonies et la méningite. La génomique peut aussi guider le choix des traitements pour la tuberculose ultrarésistante (13).

LES CONDITIONS POUR MAXIMISER LE POTENTIEL DE LA GÉNOMIQUE

Si la génomique représente une avancée pour améliorer la santé publique, plusieurs conditions essentielles doivent être réunies afin d'en tirer tout le potentiel.

Des ressources humaines et technologiques suffisantes

La génomique est une technologie de pointe qui demande des équipements sophistiqués et des expertises rares, notamment en bio-informatique. L'analyse des données génomiques produit une quantité massive de données, ce qui nécessite de puissants ordinateurs et beaucoup d'espace de stockage.

Mettre en place et maintenir ces installations demandent des investissements à long terme, sans compter l'acquisition de l'expertise. Comme les technologies et les besoins évoluent rapidement, il faut fréquemment mettre à jour les systèmes, les méthodes et les compétences.

Des collaborations interdisciplinaires fortes

L'intégration de la génomique en santé publique exige la collaboration d'experts de diverses disciplines, que ce soit la bio-informatique, la biostatistique, la microbiologie ou l'épidémiologie. Au Québec, l'INSPQ a mis en place une équipe multidisciplinaire pendant la pandémie de COVID-19. En travaillant de concert, les experts pouvaient broser en continu un portrait plus complet de la situation de l'épidémie.

Les collaborations entre les organisations de santé publique et les cliniciens servent aussi à éclairer les recommandations cliniques. La génomique peut anticiper l'efficacité d'un traitement selon le variant dominant en circulation, comme pour la COVID-19.

Des collaborations avec d'autres organisations s'avèrent importantes. Toujours pendant la pandémie de COVID-19, diverses juridictions dans le monde ont travaillé avec les municipalités et les aéroports afin de surveiller les variants dans les eaux usées et suivre leur propagation (14,15).

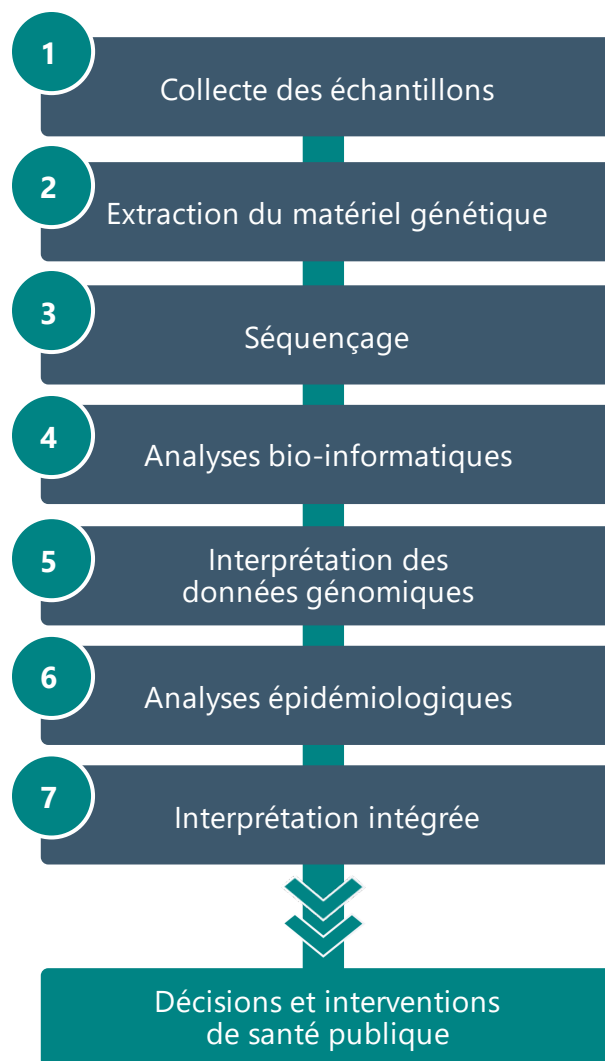
Des processus fluides, de l'échantillon à la prise de décision

La fiabilité des analyses génomiques dépend en grande partie de la quantité et de la qualité des échantillons collectés. Un faible nombre de prélèvements peut réduire la capacité à détecter des micro-organismes préoccupants quand ils sont encore peu présents sur le territoire.

Les données génomiques doivent être croisées avec d'autres informations de santé, comme les hospitalisations, la sévérité des infections et le taux de transmission. Ces données sont souvent stockées dans des systèmes différents et incompatibles, ce qui complique leur analyse conjointe.

La génomique implique la réalisation de plusieurs étapes afin d'être utile à la décision de santé publique (voir figure 2). Pour choisir adéquatement les actions visant à contrer les menaces infectieuses, une bonne coordination de ces étapes s'avère essentielle. C'est justement ce qui a permis au Québec de produire des données de qualité dans un court délai. L'harmonisation des étapes reste toutefois à parfaire.

Figure 2 Processus pour utiliser la génomique



Informations tirées de : (16)

L'AVENIR DE LA GÉNOMIQUE

Après la pandémie de COVID-19, l'Organisation mondiale de la Santé a appelé ses membres à renforcer la surveillance génomique des agents infectieux (17). La génomique du futur est à la portée du Québec. Elle sera innovante, bien ancrée dans la réflexion éthique, ouverte aux besoins de ses multiples utilisateurs et prendra exemple sur les meilleures pratiques partout dans le monde.

Innover pour mieux se préparer

La génomique est en pleine effervescence. Nouvelles technologies de séquençage, métagénomique et intelligence artificielle : les pistes à explorer sont nombreuses pour la rendre encore plus agile face aux menaces infectieuses.

Ces technologies pourraient favoriser le développement de tests, de traitements et de vaccins universels ou qui s'appliquent à un large spectre d'agents infectieux (18). Elles pourraient aussi permettre de prédire les souches dominantes de la prochaine saison de grippe ou de découvrir des mutations de virus réurgents, comme la mpox.

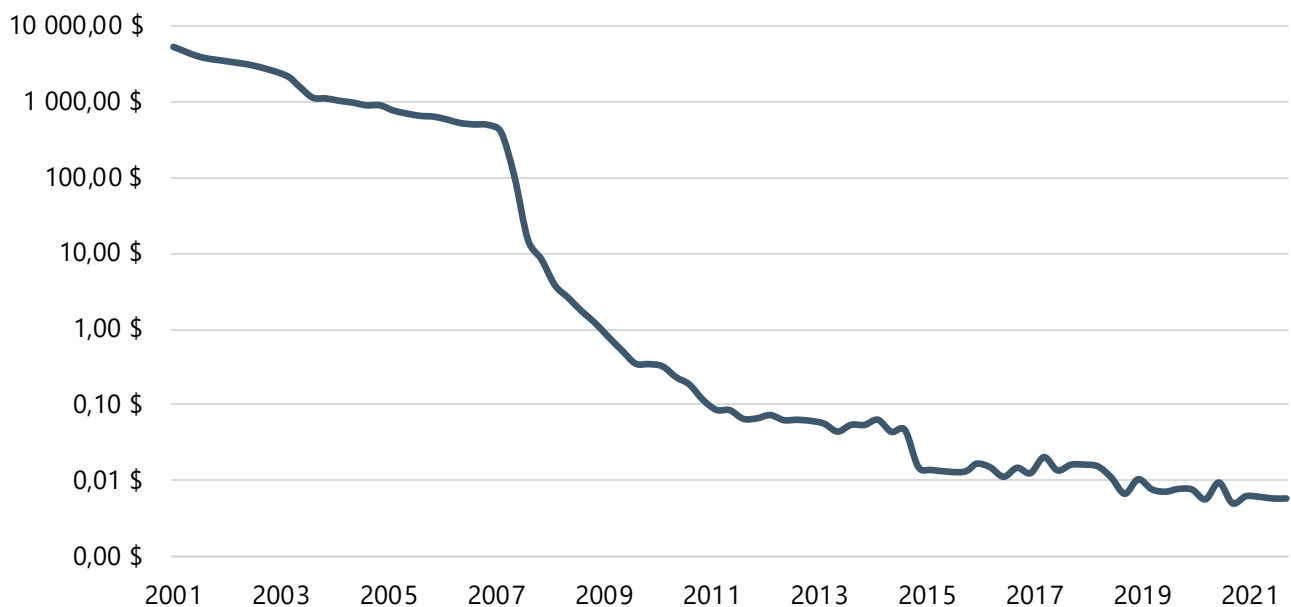
L'innovation pourra aussi réduire les coûts d'implantation, d'analyse ou de stockage de la génomique, comme elle l'a fait par le passé pour le génome humain (voir figure 3).

Mieux considérer les enjeux éthiques

La combinaison de données génomiques avec des données personnelles risque de révéler des informations privées sur des individus ou des groupes de population, ce qui pourrait servir à les stigmatiser (19). Ou encore, des organisations malveillantes pourraient utiliser les génomes de micro-organismes dangereux pour commettre des actes bioterroristes.

Bien que le risque demeure faible, il est préférable de définir des règles claires pour le partage des données génomiques. Des critères explicites devraient nous mettre en garde quand les risques liés à la publication de ces données excèdent les bénéfices. Des protocoles de collecte et de partage des données respectueux de la vie privée doivent aussi être mis en place.

Figure 3 La réduction des coûts d'une mégabase de séquence d'ADN de 2001 à 2022



Informations tirées de : (20)

Renforcer les partenariats

Une démocratisation des données et des collaborations fortes sont essentielles pour tirer pleinement avantage de la génomique. Un partenariat plus étroit entre les organisations de santé publique et les universités favorisera l'innovation et le développement de la génomique. Renforcer la coopération entre les laboratoires de santé publique facilitera aussi l'harmonisation des pratiques et la résolution des problèmes rencontrés.

L'approche « Une seule santé », qui exige une action concertée entre les organisations travaillant sur la santé des animaux, des humains et des écosystèmes, est prometteuse (18,21). Un meilleur partage des informations et des données faciliterait cette concertation et donnerait un meilleur portrait des risques de maladies infectieuses.

Pour illustrer, la surveillance des voyageurs internationaux dans les aéroports peut détecter l'introduction d'un micro-organisme dangereux sur le territoire, alors que la surveillance par les eaux usées dans les centres urbains peut permettre de suivre l'évolution géographique et temporelle de ce micro-organisme dans la communauté (14). La surveillance des animaux d'élevage ou sauvages en milieu rural pourrait plutôt révéler des micro-organismes infectieux susceptibles de se transmettre des animaux vers l'humain, comme la grippe aviaire H5N1.

S'inspirer d'ailleurs

Certains États ont institué des initiatives intéressantes pour développer la génomique. Aux États-Unis, le Centre de prévention et de contrôle des maladies a initié en 2014 la « [Détection moléculaire avancée](#) » pour favoriser la collaboration entre les agences de la santé, de l'agriculture, des aliments et des médicaments. Il a également créé en 2022 un

[réseau de centres d'excellence en génomique](#) pour renforcer les collaborations entre les agences de santé publique et les universités.

La Californie s'est démarquée par sa surveillance des variants du SRAS-CoV-2 grâce à des investissements importants en génomique et à de multiples collaborations avec les universités et les entreprises privées. L'État a développé [une plateforme](#) qui diffuse des données sur les variants, leur transmission et leurs répercussions sur le réseau de la santé. Elle offre aussi des projections à long terme pour la COVID-19 et la grippe saisonnière selon différentes hypothèses, comme la couverture vaccinale.

Le Centre européen de prévention et de contrôle des maladies vise un usage systématique de la génomique dans l'Union européenne d'ici 2027. Un [portail](#) numérique fournit des résumés hebdomadaires intégrant des données génomiques et sanitaires sur la grippe et la COVID-19. Le Royaume-Uni a plutôt instauré un [vaste réseau décentralisé](#) de vigie génomique lors de la pandémie de COVID-19, séquençant des millions de génomes du virus de cette façon.

CONCLUSION

Les nombreux avantages de la génomique peuvent justifier ses coûts additionnels comparativement aux méthodes traditionnelles (22). Dans un contexte où les changements climatiques, la perte de biodiversité, l'utilisation massive d'antibiotiques et les déplacements internationaux favorisent l'émergence de maladies infectieuses, son utilité ne fera qu'augmenter.

La génomique transforme déjà les laboratoires, de même que la production de médicaments et de vaccins. Les organisations de santé publique se trouvent à l'avant-plan de cette transformation. L'INSPQ s'est doté d'une

orientation dans son [Programme scientifique 2024-2029](#) qui vise à « implanter davantage la génomique et la bio-informatique afin de pouvoir améliorer la vigie, la surveillance et le diagnostic des maladies infectieuses », alors que le gouvernement du Canada a dévoilé en 2025 sa [Stratégie canadienne pour la génomique](#).

Cette science a un bel avenir en perspective, mais plusieurs conditions doivent être réunies pour permettre son plein essor : assurer des ressources humaines et technologiques suffisantes, établir des processus fluides, développer une capacité d'innovation et renforcer les collaborations interdisciplinaires, pour ne nommer que celles-ci. Plus rapidement elles seront mises en place, mieux la société québécoise sera préparée pour faire face aux menaces infectieuses à venir.

Pour en savoir plus

M. Isabelle, J. Fafard, C. Lacroix et (à paraître en 2025). Poursuivre notre aventure vers la génomique - plan de transition et de développement [titre provisoire]. Institut national de santé publique du Québec.

INSPQ (2024). [Anticiper les enjeux de demain : orientations et priorités de développement scientifique - Programme scientifique 2024-2029](#). Institut national de santé publique du Québec.

H. Geagea et G. Léon (2025). [Utilisation de la génomique microbienne en santé publique](#). Institut national de santé publique du Québec.

Génome Québec. [Comprendre la génomique](#).

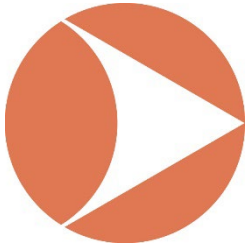
World Health Organization. [Considerations for developing a national genomic surveillance strategy or action plan for pathogens with pandemic and epidemic potential](#), 2023.

World Health Organization. [Global genomic surveillance strategy for pathogens with pandemic and epidemic potential, 2022–2032](#). 2022

RÉFÉRENCES

- Hilt EE, Ferrieri P. Next generation and other sequencing technologies in diagnostic microbiology and infectious diseases. *Genes*. sept 2022;13(9):1566.
- Satam H, Joshi K, Mangrolia U, Waghoo S, Zaidi G, Rawool S, *et al.* Next-generation sequencing technology: current trends and advancements. *Biology*. juill 2023;12(7):997.
- European Centre for Disease Prevention and Control. ECDC strategic framework for the integration of molecular and genomic typing into European surveillance and multi-country outbreak investigations [Internet]. 2019 avr. Disponible sur : <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/ecdc-strategic-framework-integration-molecular-and-genomic-typing-european>
- Machado DJ, Iii RAW, Kofsky J, Janies DA. Fundamentals of genomic epidemiology, lessons learned from the coronavirus disease 2019 (COVID-19) pandemic, and new directions. *Antimicrobial Stewardship & Healthcare Epidemiology*. janv 2021;1(1):e60.
- Tamura T, Ito J, Uriu K, Zahradnik J, Kida I, Anraku Y, *et al.* Virological characteristics of the SARS-CoV-2 XBB variant derived from recombination of two Omicron subvariants. *Nat Commun*. 16 mai 2023;14(1):2800.
- Stockdale JE, Liu P, Colijn C. The potential of genomics for infectious disease forecasting. *Nat Microbiol*. nov 2022;7(11):1736-43.
- Oude Munnink BB, Worp N, Nieuwenhuijse DF, Sikkema RS, Haagmans B, Fouchier RA, *et al.* The next phase of SARS-CoV-2 surveillance: real-time molecular epidemiology. *Nature medicine*. 2021;27(9):1518-24.
- Murall CL, Fournier E, Galvez JH, N'Guessan A, Reiling SJ, Quirion PO, *et al.* A small number of early introductions seeded widespread transmission of SARS-CoV-2 in Québec, Canada. *Genome Med*. 28 oct 2021;13(1):169.
- Morton VK, Kearney A, Coleman S, Viswanathan M, Chau K, Orr A, *et al.* Outbreaks of Salmonella illness associated with frozen raw breaded chicken products in Canada, 2015–2019. *Epidemiology & Infection*. janv 2019;147:e254.
- Nextstrain. Genomic epidemiology of SARS-CoV-2 with subsampling focused globally over the past 6 months [Internet]. 2025 [cité 7 avr 2025]. Disponible sur : <https://nextstrain.org/ncov/gisaid/global/6m>
- Su M, Satola SW, Read TD. Genome-based prediction of bacterial antibiotic resistance. *Journal of Clinical Microbiology*. 27 févr 2019;57(3):10.1128/jcm.01405-18.
- Park JW, Lagniton PNP, Liu Y, Xu RH. mRNA vaccines for COVID-19: what, why and how. *Int J Biol Sci*. 10 avr 2021;17(6):1446-60.
- Cohen KA, Manson AL, Desjardins CA, Abeel T, Earl AM. Deciphering drug resistance in *Mycobacterium tuberculosis* using whole-genome sequencing: progress, promise, and challenges. *Genome Med*. 25 juill 2019;11(1):45.
- Hill V, Githinji G, Vogels CBF, Bento AI, Chaguza C, Carrington CVF, *et al.* Toward a global virus genomic surveillance network. *Cell Host Microbe*. 14 juin 2023;31(6):861-73.
- Tay M, Lee B, Ismail MH, Yam J, Maliki D, Gin KYH, *et al.* Usefulness of aircraft and airport wastewater for monitoring multiple pathogens including SARS-CoV-2 variants. *Journal of Travel Medicine*. 1 juill 2024;31(5):taae074.

16. Isabelle M, Fafard J, Lacroix C. Poursuivre notre aventure en génomique: plan de transition et de développement 2024-2029 [titre provisoire]. Institut national de santé publique du Québec; À paraître.
17. World Health Organization. Whole genome sequencing for foodborne disease surveillance: landscape paper [Internet]. World Health Organization; 2018 [cité 7 avr 2025]. Disponible sur: <https://iris.who.int/handle/10665/272430>
18. Aarestrup FM, Bonten M, Koopmans M. Pandemics– One Health preparedness for the next. *The Lancet Regional Health – Europe* [Internet]. 1 oct 2021 [cité 7 avr 2025];9. Disponible sur : [https://www.thelancet.com/journals/lanep/article/PIIS2666-7762\(21\)00187-3/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lanep/article/PIIS2666-7762(21)00187-3/fulltext)
19. Johnson S, Parker M. Ethical challenges in pathogen sequencing: a systematic scoping review. *Wellcome Open Res.* 3 juin 2020;5:119.
20. National Human Genome Research Institute. DNA sequencing costs: data [Internet]. 2022 [cité 31 mars 2025]. Disponible sur : <https://www.genome.gov/about-genomics/factsheets/DNA-Sequencing-Costs-Data>
21. Catalano S, Battelli F, Traore ZI, Raghwani J, Faust CL, Standley CJ. Pathogen genomics and One Health: a scoping review of current practices in zoonotic disease research. *IJID One Health.* 1 sept 2024;4:100031.
22. Price V, Ngwira LG, Lewis JM, Baker KS, Peacock SJ, Jauneikaite E, *et al.* A systematic review of economic evaluations of whole-genome sequencing for the surveillance of bacterial pathogens. *Microbial Genomics.* 2023;9(2):000947.



La génomique : un incontournable pour contrer les maladies infectieuses

AUTEUR

David Demers-Bouffard, conseiller scientifique
Secrétariat général

SOUS LA COORDINATION DE

Pierre-Gerlier Forest
Président-directeur général

COLLABORATION

Christine Lacroix, médecin spécialiste
Direction des risques biologiques

Maude Chapados, conseillère-cadre
Karine Hébert, conseillère scientifique
Benoit Houle, chef d'unité
Secrétariat général

Martine Isabelle, conseillère-cadre
Vice-présidence aux affaires scientifiques

L'auteur et les collaborateurs ont dûment rempli leurs déclarations d'intérêts et aucune situation à risque de conflits d'intérêts réels, apparents ou potentiels n'a été relevée.

Ce document est disponible intégralement en format électronique (PDF) sur le site Web de l'Institut national de santé publique du Québec au : <http://www.inspq.qc.ca>.

Les reproductions à des fins d'étude privée ou de recherche sont autorisées en vertu de l'article 29 de la Loi sur le droit d'auteur. Toute autre utilisation doit faire l'objet d'une autorisation du gouvernement du Québec qui détient les droits exclusifs de propriété intellectuelle sur ce document. Cette autorisation peut être obtenue ou en écrivant un courriel à : droits.dauteur.inspq@inspq.qc.ca.

Les données contenues dans le document peuvent être citées, à condition d'en mentionner la source.

Dépôt légal – 3^e trimestre 2025
Bibliothèque et Archives nationales du Québec
ISBN : 978-2-555-01025-3 (PDF)
DOI : <https://doi.org/10.64490/NHAK3367>

© Gouvernement du Québec (2025)

N° de publication : 3655

**Institut national
de santé publique**

Québec 