



Centre d'approvisionnement – Fredericton
301, promenade Bishop
Fredericton (Nouveau-Brunswick) E3C 2M6

13 December 2019

F5211-190589

PRÉAVIS D'ADJUDICATION DE CONTRAT

TITRE: Caractérisation génomique des espèces de *Piscirickettsia salmonis* et d'*Aeromonas*

PAC :

L'objectif de ce préavis d'adjudication de contrat (PAC) est de signaler l'intention du gouvernement d'octroyer un contrat pour l'obtention de ces services à BC Centre for Aquatic Health Sciences, 871A Island Highway, Campbell River, BC V9W 1C2. Toutefois, avant d'octroyer un contrat, le gouvernement aimerait offrir aux fournisseurs la possibilité de faire la preuve qu'ils sont capables de répondre aux exigences établies dans le présent préavis, en présentant un énoncé de capacités pendant la période d'affichage du PAC.

Si d'autres fournisseurs potentiels présentent un énoncé des capacités pendant la période d'affichage du PAC et prouvent ainsi qu'ils satisfont aux exigences établies dans le PAC, le gouvernement enclenchera un processus d'appel d'offres complet en ayant recours au Service électronique d'appels d'offres du gouvernement ou encore à la méthode traditionnelle avant d'octroyer le contrat en question.

Si, au plus tard à la date de clôture, aucun autre fournisseur ne présente d'énoncé de capacités répondant aux exigences établies dans le PAC, un contrat sera attribué au fournisseur présélectionné.

INTRODUCTION :

Pêches et Océans Canada (MPO) a besoin de services d'analyse spécialisée des espèces de *Piscirickettsia salmonis* et d'*Aeromonas* isolées dans les eaux de la Colombie-Britannique afin de guider la gestion de la santé des poissons et d'améliorer les diagnostics.

CONTEXTE :

Le contrat vise à appuyer le projet du PCRDA intitulé « Caractérisation génomique des espèces de *Piscirickettsia salmonis* et d'*Aeromonas* isolées dans les eaux de la Colombie-Britannique afin de guider la gestion de la santé des poissons et d'améliorer les diagnostics ».

OBJECTIFS :

L'objectif de la présente exigence est d'obtenir des ébauches de séquences génomiques de grande qualité pour les isolats de Psal et d'Asal obtenus lors d'éclosions de maladies en Colombie-Britannique. Les données des séquences issues de ce projet permettront de mettre au point de nouveaux tests diagnostiques moléculaires propres à l'espèce ou adaptés à l'identification d'isolats hautement pathogènes ou présentant une sensibilité réduite aux antibiotiques. L'information sur la sensibilité aux antimicrobiens et les facteurs virulents aidera MPO et les vétérinaires des entreprises à prendre des décisions concernant le traitement et la gestion de ces maladies, en plus de favoriser le développement de vaccins.

ÉNONCÉ DES TRAVAUX NÉCESSAIRES

Le travail dont nous avons besoin comprend :

1. L'obtention d'ébauches de séquences génomiques de haute qualité pour 12 isolats de *Psal* choisis en fonction de leur emplacement, des signes cliniques et de leur résistance aux antibiotiques.
2. L'obtention d'ébauches de séquences génomiques de haute qualité pour certains isolats d'*Asal* et de 3 autres espèces d'*Aeromonas* que nous avons trouvées en Colombie-Britannique. Les isolats d'*Asal* seront sélectionnés pour le séquençage en fonction des profils de CMI, de la connaissance de la gravité de la maladie/des résultats du traitement, et comprendront des isolats provenant de l'eau de mer et de sites d'eau douce.

Le coordonnateur de projet sera chargé de déterminer les isolats à séquencer.

Les techniciens qualifiés en santé des poissons récupéreront les isolats sur la gélose au sang avec 2 % de sel (GSS) et/ou la gélose au sang avec hémoglobine.

L'ADN génomique sera extrait à l'aide d'un protocole phénol-chloroforme pour isoler les longs fragments d'ADN (jusqu'à 200 kb). En bref, les bactéries à Gram négatif seront lysées à l'aide de protéinase K, l'ADN sera purifié à l'aide d'étapes phénol-chloroforme et précipité au moyen d'éthanol. Le contrôle de la qualité de l'ADN sera effectué en évaluant la taille des fragments sur un gel d'agarose, la pureté de l'ADN sera évaluée par une méthode spectrophotométrique (des rapports d'absorption 260/280 et 260/230 équivalents à 1,8 et 2-2,2 indiquent de l'ADN pur, respectivement), et les concentrations d'ADN seront mesurées à l'aide de la trousse pour épreuves dsDNA HS.

Construction de la bibliothèque et séquençage nanopore

L'ADN extrait sera cisaillé à l'aide d'un g-Tube pour obtenir environ 8 kb de fragments. Les échantillons d'ADN partagés seront nettoyés et dimensionnés à l'aide de billes d'immobilisation réversibles en phase solide. La préparation de la bibliothèque sera effectuée au moyen des trusses ID Native Barcoding genomic DNA et Ligation Sequencing ID (Oxford Nanopore Technologies). En bref, les extrémités d'ADN seront réparées et soumises aux extensions homopolymériques dA à l'aide du module de réparation finale NEBNext/ extensions homopolymériques dA. Les adaptateurs de code à barres d'extensions homopolymériques dT seront ensuite ligaturés sur le modèle d'extensions homopolymériques dA. Les échantillons avec code à barres seront regroupés et utilisés pour l'étape de ligature par adaptateur de codage à barres au moyen du module de ligature ultra II. Un nettoyage final de la bibliothèque sera effectué à l'aide des billes d'immobilisation réversibles en phase solide. Les bibliothèques seront chargées dans les cellules de flux (Oxford Nanopore Technologies) selon la recommandation du fabricant.

Analyse de la séquence

Les fichiers Fast5 générés par le séquenceur Minion seront analysés à l'aide des unités de conversion de données d'Albacore ou de MinKNOW. Les fichiers Fastq générés seront analysés plus à fond pour déterminer la qualité et le contrôle de la séquence à l'aide de Minion QC (https://github.com/roblanf/minion_qc) dans R en utilisant le fichier de données sommaires comme intrant. Les adaptateurs seront taillés à l'aide de la ligne de commande PoreChop. À titre d'étape de confirmation, la classification taxinomique des lectures sera effectuée au moyen du programme Kraken. Les lecteurs seront mis en correspondance avec le génome de référence approprié à l'aide des lignes de commande BWA et SAMTOOLS. Les données statistiques de la cartographie de la lecture seront générées à l'aide des statistiques des outils d'échantillonnage et la couverture sera visualisée à l'aide de la bibliothèque ggplot2 dans R. L'annotation de séquence sera effectuée au moyen du programme Prokka. L'analyse phylogénétique des séquences du génome sera effectuée à l'aide du pipeline de pangénome Roary. Les facteurs antimicrobiens et virulents seront évalués au moyen de RAST Annotation Server et du Pathosystems Resource Integration Center. (Plateforme PATRIC <https://www.patricbrc.org/>). Les similitudes et les différences de séquence seront caractérisées et sélectionnées pour une analyse plus poussée. Le personnel de l'entrepreneur a reçu une formation formelle sur l'assemblage et l'analyse des génomes bactériens obtenus au moyen du séquençage MinION.

Toutes les données générées par le séquençage et l'analyse seront fournies au coordonnateur de projet.

TÂCHES ET PRODUITS LIVRABLES

L'entrepreneur travaillera avec le coordonnateur de projet pour déposer toutes les données séquentielles dans des bases de données publiques.

Un bref rapport d'étape détaillant l'état d'avancement du séquençage et de l'analyse des données sera présenté au coordonnateur de projet ou au responsable technique en milieu du projet.

Un rapport final (en anglais) comprendra des descriptions détaillées des méthodes de laboratoire et de séquençage utilisées, du numéro d'acquisition des séquences et des résultats de l'analyse de la virulence et de la résistance aux antibiotiques.

L'entrepreneur participera à des réunions mensuelles sur l'état d'avancement des travaux avec le coordonnateur de projet ou le responsable technique qui seront organisées à des moments convenus d'un commun accord. Les réunions peuvent se tenir en personne ou par téléconférence.

CRITÈRES OBLIGATOIRES :

- L'entrepreneur doit être en mesure de fournir des isolats des espèces de *Piscirickettsia salmonis* (*Psal.*) (minimum de 12 isolats) et d'*Aeromonas* (*As.*) (minimum de 6 isolats) provenant de l'industrie salmonicole de la Colombie-Britannique. Chaque isolat doit être caractérisé de façon phénotypique en ce qui concerne la sensibilité aux antibiotiques. Pour chaque isolat, des données épidémiologiques connexes, comme l'emplacement, les résultats du traitement, etc., doivent être disponibles.
- L'entrepreneur doit posséder au moins 12 mois d'expérience dans la construction de bibliothèques et le séquençage des génomes bactériens par Nanopore « MinIon ».
- L'entrepreneur doit posséder au moins 48 mois d'expérience en bio-informatique, y compris une expérience de l'analyse des données de séquences de « MinIon » de Nanopore, qui comprendront l'appel de base, le polissage et la cartographie des séquences pour référencer les génomes.
- L'entrepreneur doit posséder au moins 48 mois d'expérience en analyse phylogénétique de séquences de nucléotides et d'acides aminés à l'aide de méthodes bayésiennes (BEAST).

VALEUR ESTIMATIVE :

La valeur totale du contrat ne doit pas dépasser 49 500 \$ (taxes applicables en sus) pour la période ferme allant de l'attribution du contrat jusqu'au 31 mars 2021.

EXIGENCES RELATIVES À LA SÉCURITÉ

Aucune exigence de sécurité.

APPLICABILITÉ DE L'ACCORD COMMERCIAL ET AUTRES OBLIGATIONS :

Aucun accord commercial ne s'applique.

EXCEPTOIN AU RÈGLEMENT SUR LES MARCHÉS DE L'ÉTAT ET MOTIFS JUSTIFIANT LE RECOURS À L'APPEL D'OFFRES RESTREINT :

Les exigences en matière de politique suivantes s'appliquent au processus de préavis d'adjudication de contrat (PAC) :

Exceptions applicables aux appels d'offres en vertu du Règlement sur les marchés de l'État (RME) (article 6) :

Selon l'article 10.2.1 et l'article 6 (d), une seule personne ou une seule société peut exécuter le travail; la règle s'applique à ce PAC pour les raisons suivantes :

les cas où le marché ne peut être exécuté que par une seule personne ou une seule société.

DURÉE DU CONTRAT :

Le contrat sera en vigueur à compter de sa date d'attribution jusqu'au 31 mars 2021.

DROIT DU FOURNISSEUR DE PRÉSENTER UN ÉNONCÉ DE CAPACITÉS :

Les fournisseurs qui s'estiment pleinement qualifiés et prêts à fournir les services décrits dans la présente doivent présenter par écrit un énoncé de capacités à l'agent de négociation des marchés dont le nom est indiqué dans le présent préavis, à la date de clôture au plus tard. L'énoncé de capacités doit clairement démontrer comment le fournisseur satisfait aux exigences publiées.

**DATE DE CLÔTURE POUR LA SOUMISSION DES ÉNONCÉS DE CAPACITÉS :
Le 30 décembre 2019 à 14 h (HAA)**

Les demandes de renseignements et les énoncés de capacités doivent être envoyés à l'adresse suivante :

Michael Peters

Agent des contrats – Services des marchés

Centre d'approvisionnement – Fredericton

Téléphone : (506) 429-2359

Courriel : DFOtenders-soumissionsMPO@dfo-mpo.gc.ca