

BCCM GEN-ERA

BCCM collections à l'ère génomique

DUREE
15/03/2020 – 15/03/2022

BUDGET
297.545 €

DESCRIPTION DU PROJET

Contexte & objectifs généraux

BCCM (Belgian Coordinated Collections of Microorganisms) est un consortium de Collections microbiologiques, belges et publiques, dont le but est de préserver, distribuer et étudier la diversité microbienne.

Les micro-organismes procaryotes et eucaryotes jouent un rôle majeur dans les écosystèmes et dans les activités humaines. La recherche en microbiologie, fondamentale ou appliquée, est donc essentielle et les Collections y participent activement en analysant leurs ressources biologiques ou en les mettant à disposition de la communauté scientifique. Les avancées technologiques permettent de décoder plus loin et plus facilement les secrets des micro-organismes. Parmi ces technologies, le séquençage et l'analyse fonctionnelle de leur génome offrent des perspectives remarquables.

A travers des questions de recherche spécifiques sur une sélection de micro-organismes associés notamment à la santé humaine, aux insectes pollinisateurs et aux environnements extrêmes, le projet BCCM GEN-ERA vise à implémenter les outils d'analyse génomique dans les Collections BCCM. Ceci permettra une plus grande valorisation de leurs ressources microbiennes tout en rendant possible de nouvelles et futures investigations sur d'autres espèces et souches d'intérêt.

Méthodologie

La méthodologie est basée sur l'acquisition et l'annotation de séquences génomiques sur une sélection de micro-organismes de différents types (i.e. bactéries, mycobactéries, cyanobactéries, levures et moisissures). La méthode de séquençage, re-séquençage ou séquençage *de novo*, dépendra de la disponibilité de génomes de référence dans les bases de données publiques. L'annotation est basée sur deux approches: *ab initio* (prédiction utilisant les « Hidden Markov Models ») ou par homologie (comparaison avec des bases de données de gènes ayant une fonctionnalité connue). Le projet prévoit en outre la formation du personnel scientifique BCCM à l'utilisation de ces outils afin d'en assurer une utilisation à long terme.

Questions de recherche et impact

L'implémentation d'outils d'analyse génomique permet d'élargir considérablement les connaissances scientifiques sur les micro-organismes, notamment dans les domaines de la taxonomie, des processus évolutifs ou de leurs capacités métaboliques. Plus spécifiquement, le projet BCCM GEN-ERA contribuera à (1) l'analyse fonctionnelle du génome des bactéries associées au tube digestif des bourdons, renseignant sur leurs rôles et les interactions avec leur hôte, (2) étendre les connaissances actuelles sur la phylogénomique des mycobactéries et identifier les éléments génétiques impliqués dans la virulence et la réponse immunitaire au sein du complexe *Mycobacterium tuberculosis*, (3) améliorer la phylogénomique des cyanobactéries et la compréhension des adaptations génomiques liées à la tolérance aux conditions environnementales extrêmes ainsi qu'à la synthèse de composés bioactifs, (4) prédire la fonction des gènes chez les levures associées au tube digestif des abeilles et pouvant jouer un rôle dans la nutrition, le métabolisme des pesticides et la défense face aux pathogènes, (5) élucider la taxonomie de pathogènes fongiques particulièrement prévalent, facilitant ainsi leur identification clinique et l'étude de leur épidémiologie.

Ces questions de recherche et les micro-organismes investigués ont donc été spécialement sélectionnés sur base de leur valeur pour la société. Sont inclus des pathogènes pour l'homme et l'animal, des micro-organismes associés à des insectes pollinisateurs et des souches microbiennes produisant des composés bioactifs ou adaptées à des environnements extrêmes.

BCCM GEN-ERA

Valorisation

Le projet BCCM GEN-ERA prévoit la publication de séquences génomiques assemblées et annotées, issues de diverses souches microbiennes des collections BCCM. Il permettra également l'implémentation, dans les collections, de pipelines bio-informatiques dédiés à l'analyse de données génomiques. Le maintien d'une expertise à long-terme dans l'utilisation de ces données et pipelines, par les scientifiques BCCM, est en outre prévu à travers des formations spécifiques. Enfin, les résultats relatifs aux questions de recherche (fonctionnalité et phylogénomique des micro-organismes) seront publiés dans des revues scientifiques à comité de lecture, et communiquer lors de conférences nationales et internationales.

COORDONNEES

Coordinateur

Pierre Becker

Sciensano
Mycology & Aerobiology, BCCM/IHEM
pierre.becker@sciensano.be

Partenaires

Denis Baurain

Université de Liège (ULiège)
Eukaryotic Phylogenomics
denis.baurain@ulg.ac.be

Stephan Declerck

Université catholique de Louvain (UCLouvain)
Mycology laboratory, BCCM/MUCL
stephan.declerck@uclouvain.be

Leen Rigouts

Institut de Médecine Tropicale (IMT)
Mycobacteriology laboratory, BCCM/ITM
lrigouts@itg.be

Peter Vandamme

Universiteit Gent (UGent)
Laboratory of Microbiology, BCCM/LMG
peter.vandamme@ugent.be

Annick Wilmotte

Université de Liège (ULiège)
InBios-Centre for Protein Engineering, BCCM/ULC
awilmotte@uliege.be

LIENS

<https://www.linkedin.com/company/37512508/admin/>

<https://www.sciensano.be/en/about-sciensano/sciensanos-organogram/mycology-and-aerobiology>
<http://bccm.belspo.be/about-us/bccm-ihem>

<https://orcid.org/0000-0003-2388-6185>

<http://bccm.belspo.be/about-us/bccm-mucl>

<http://bccm.belspo.be/about-us/bccm-itm>

<https://www.ugent.be/we/biochemicro/nl>
<http://bccm.belspo.be/about-us/bccm-lmg>

<http://labos.ulg.ac.be/cip/research/cyanobacterial-diversity-phylogeny-and-biogeography/>
<http://bccm.belspo.be/about-us/bccm-ulg>