

BCCM GEN-ERA

BCCM collecties in het genomische tijdperk

DUUR
 15/03/2020 – 15/03/2022

BUDGET
 297.545 €

PROJECT BESCHRIJVING

Context en algemene doelstellingen

BCCM (Belgian Coordinated Collections of Microorganisms) is een consortium van Belgische en publieke microbiologische Collecties, die als doel hebben het bewaren, het distribueren en het bestuderen van de diversiteit van micro-organismen.

De prokaryote en eukaryote micro-organismen spelen een belangrijke rol in ecosystemen en in menselijke activiteiten. Het onderzoek in microbiologie, fundamenteel of toegepast, is dus essentieel en de BCCM-Collecties nemen er actief aan deel door hun biologisch materiaal te analyseren of ter beschikking te stellen aan de wetenschappelijke gemeenschap. Door de recente technologische vooruitgangen wordt het eenvoudiger om de geheimen van micro-organismen verder te ontrafelen. Daarbij zijn vooral genoom-sequencing en functionele genoom-analyse van groot belang.

Via specifieke onderzoeksvragen op een selectie van micro-organismen geassocieerd met de menselijke gezondheid, bestuivende insecten en extreme omgevingen, zullen de geavanceerde technieken van genoom-analyse worden geïmplementeerd in de BCCM Collecties. Dit zal leiden tot een grotere valorisatie van hun microbiële middelen, doordat de mogelijkheid wordt gecreëerd om in de toekomst ook onderzoek te doen op andere interessante soorten en stammen.

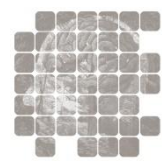
Methodologie

De methodologie is gebaseerd op de genoom-sequencing en -annotatie van een selectie van micro-organismen behorende tot verschillende groepen (i.e. bacteriën, mycobacteriën cyanobacteriën, gisten en schimmels). De gebruikte sequenceringsmethode, re-sequencing of *de novo* sequencing, is afhankelijk van de beschikbaarheid van referentiegenomen in publieke databanken. De annotatie is gebaseerd op twee benaderingen: *ab initio* (voorspelling met behulp van "Hidden Markov Models") of via homologie (vergelijking met een databank van genen met een gekende functionaliteit). Verder zal er in het project ook aandacht besteed worden aan de vorming van het wetenschappelijk personeel van BCCM in het gebruik van de toegepaste technieken. Op die manier kan de impact en het nut van het project op lange termijn worden verzekerd.

Onderzoeksvragen en impact

De implementatie van genoom-analyse zal de wetenschappelijke kennis over micro-organismen aanzienlijk vergroten, met name in de domeinen van taxonomie, evolutionaire processen en metabole capaciteiten. Het BCCM GEN-ERA project zal, meer specifiek, bijdragen aan (1) de functionele analyse van genomen van bacteriën geassocieerd met het spijsverteringsstelsel van hommels om zo informatie te verschaffen over de rol van de bacteriën en de interacties met hun gastheer, (2) het verbreden van de huidige kennis over de fylogenomica van mycobacteriën en het identificeren van genetische elementen die betrokken zijn in de virulentie en de immuunrespons binnen het *Mycobacterium tuberculosis* complex, (3) het verbeteren van de fylogenomica van cyanobacteriën en het begrijpen van genomische adaptaties gelinkt aan de tolerantie van extreme omgevingscondities en de synthese van bioactieve componenten, (4) de voorspelling van de functie van genen bij gisten geassocieerd met het spijsverteringsstelsel van bijen, die een rol zouden kunnen spelen in de voeding, het metabolisme van pesticiden en de verdediging tegen pathogenen, (5) het verhelderen van de taxonomie van courant voorkomende, pathogene schimmels, om zo hun klinische identificatie en de studie van de epidemiologie te vereenvoudigen.

De onderzoeksvragen en de geselecteerde micro-organismen zijn dus speciaal gekozen op basis van hun waarde voor de samenleving. De onderzochte micro-organismen zijn pathogenen voor mens en dier, micro-organismen geassocieerd met bestuivende insecten en microbiële stammen die bioactieve componenten produceren of zijn aangepast aan het leven in extreme omgevingen.



BCCM GEN-ERA

Valorisatie

In het kader van het BCCM GEN-ERA project zullen de geassembleerde en geannoteerde genoom-sequenties van verschillende microbiële stammen van de BCCM collecties gepubliceerd worden. Verder zullen de gecreëerde bio-informatica pipelines, die gewijd zijn aan de analyse van genomische gegevens, in de collecties worden geïmplementeerd. Door training van het wetenschappelijk personeel van BCCM is het behoud op lange-termijn voorzien in het gebruik van dit type gegevens en pipelines. Tenslotte zullen de resultaten van de onderzoeksvragen gepubliceerd worden in wetenschappelijke tijdschriften en gecommuniceerd worden op nationale en internationale conferenties.

CONTACT INFORMATIE

Coördinator

Pierre Becker

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

Partners

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

Institute of Tropical Medicine (ITM)
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

LINKS

<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/biochemico/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>