



Un autre projet mis de l'avant par **GenomeCanada**

## Codage à barres d'échantillons environnementaux par séquençage parallèle de masse

<b>État</b>	En cours
<b>Concours</b>	Développement de nouvelles technologies
<b>Secteur</b>	Développement de nouvelles technologies
<b>Centre de génomique</b>	Institut de génomique de l'Ontario
<b>Chef de projet</b>	Paul Hebert

### Description du projet

Le codage à barres de l'ADN est un tout nouvel exercice en génomique – la collecte de données sur les séquences d'une région d'un gène standard commun chez les eucaryotes. Un segment de 648 paires de bases du cytochrome c oxydase 1 (CO1) mitochondrial a maintenant été choisi comme région de base du code à barres des eucaryotes. L'examen horizontal de la diversité des séquences dans cette région génétique est important dans de nombreux contextes : il permet d'identifier et de découvrir des espèces; il révèle des facteurs qui influencent les rythmes de l'évolution moléculaire et l'âge des espèces; et il permet d'étudier en détail les voies évolutives de la protéine CO1. Pour ces raisons, on planifie actuellement un important programme international de recherche qui vise à étoffer rapidement la bibliothèque de référence des séquences de CO1. Le projet international du codage à barres du vivant (iBOL), un programme quinquennal de 150 millions de dollars dirigé par le Canada, fera intervenir des chercheurs de 25 pays. Pendant cette période, iBOL livrera les codes à barres de 500 000 espèces et les efforts subséquents serviront à produire une bibliothèque de référence des codes à barres de tous les eucaryotes.

Même s'il peut falloir 20 ans pour constituer une bibliothèque de tous les eucaryotes, le codage à barres de l'ADN trouve déjà des applications, car des bibliothèques de codes à barres seront bientôt terminées dans différents groupes. On sait maintenant que l'identification d'espèces constitue un domaine d'application particulièrement important du codage à barres de l'ADN. Il est également évident que ces applications feront intervenir deux courants technologiques différents : analyse au point de contact de spécimens uniques et criblage de masse de codes à barres. Il faudra des appareils d'analyse immédiate à utiliser au point de contact pour identifier des espèces dans divers contextes comme les inspections dans les ports et la lutte contre les insectes ravageurs. Par contraste, le deuxième volet technologique, au cœur du présent projet, permettra d'analyser des échantillons biotiques mixtes, mais moins rapidement. Nous soulignons que de nombreux eucaryotes sont trop petits, trop nombreux ou trop rapprochés pour qu'on puisse les analyser au moyen des protocoles traditionnels du codage à barres. Nous surmonterons cet obstacle en élaborant les protocoles nécessaires à l'analyse de n'importe quelle collection d'eucaryotes. Nous appelons cette approche « codage à barres d'échantillons

environnementaux » et nous sommes convaincus que sa mise en œuvre réside dans le couplage de technologies de séquençage parallèle en masse et de nouveaux outils informatiques. Ces analyses feront certainement progresser la surveillance de la biodiversité. Il suffit d'imaginer la nouvelle capacité perfectionnée de surveiller la qualité de l'environnement qui devient possible si nous pouvions rapidement obtenir de l'information sur la composition des espèces de tout échantillon environnemental. Les répercussions de nos travaux sont toutefois plus larges – le codage à barres d'échantillons environnementaux représente l'outil métagénomique de la vie eucaryote.

Nous recherchons du financement pour mettre au point le codage à barres d'échantillons environnementaux qui constituera un volet technologique que les plateformes de séquençage pourront adopter. Nous utiliserons les nouveaux séquenceurs en parallèle, mais il faudra d'importantes innovations technologiques pour qu'ils puissent prendre en charge le codage à barres d'échantillons environnementaux. Il faudra en particulier de nouveaux outils informatiques pour analyser les données des séquences et de nouveaux protocoles pour récupérer les codes à barres de grands échantillons mixtes. Nous ne prévoyons pas venir à bout de ce défi, mais nous prévoyons que nos travaux démontreront comment le codage à barres d'échantillons environnementaux peut répondre à un besoin réel, à savoir la biosurveillance des eaux intérieures du Canada. Nous effectuerons ces travaux en étroite collaboration avec des chercheurs d'Environnement Canada qui non seulement mettront à profit leur expérience approfondie des échantillons environnementaux, mais seront également d'importants utilisateurs ultimes de la technologie. Nous collaborerons également avec des collègues du Genome Technology Centre de Stanford qui sont des chefs de file mondiaux dans les technologies de séquençage parallèle de masse. La technologie du codage à barres d'échantillons environnementaux mise au point dans le cadre de ce projet renforcera la position de chef de file du Canada relativement au codage à barres de l'ADN en présentant la première application de cette approche à la surveillance de la biodiversité des communautés eucaryotes.