



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

Envirogénomique microbienne

État	Antérieur
Concours	I
Secteur	Environnement
Centre de génomique	Génome Colombie-Britannique
Directeurs de projet	Julian Davies, Lindsay Eltis et William Mohn

Description du projet

La première séquence complète d'un organisme vivant a été celle de la bactérie *Haemophilus influenzae* en 1995. Cette séquence a été suivie d'une véritable marée de séquences bactériennes et maintenant plus de 1 000 ont été réalisées, ce qui établit la puissance du séquençage à l'aveugle appliqué avec succès à de nombreux organismes, dont les humains, les singes, les chevaux, les chiens et d'autres formes de vie. Parmi les séquences bactériennes, celle de *Rhodococcus jostii* RHA1, est remarquable, parce qu'elle a été la première séquence de génome réalisée au Canada et, jusqu'à récemment, le génome de la plus grosse bactérie (9,7 Mb, >9 000 gènes) élucidé. Le projet a commencé en 2000 et a été l'œuvre entière de l'équipe située à l'Université de la Colombie-Britannique qui s'est chargée du séquençage, de la bioinformatique et des analyses de génomique fonctionnelle telles que les études du transcriptome et du protéome.

R. jostii RHA1 est digne de mention parce qu'il s'agit d'un microbe environnemental d'une grande utilité. On l'a qualifié de « centrale » de fonction de dégradation parce qu'il est capable de métaboliser un très large éventail de molécules biologiques. Pendant le projet, notre équipe et nos collaborateurs ont établi le fondement de la capacité de *R. jostii* RHA1 de dégrader une grande variété de polluants dont les biphényles polychlorés (BPC), les nitriles, les phtalates, la diméthylnitrosamine et les éthers diphényliques polybromés (EDP). La disponibilité de la séquence complète a révélé le potentiel de *R. jostii* RHA1 dans de nombreuses applications, dont des applications commerciales pour le nettoyage de l'environnement et les biotransformations de produits importants tels que les stéroïdes.

La reconnaissance d'une grappe de gènes impliqués dans la dégradation du cholestérol, un type de stéroïde de grande distribution, a été un avantage inattendu des études en génomique de *R. jostii* RHA1. L'analyse détaillée a effectivement révélé que cette grappe de gènes était à peu près identique à une autre grappe présente dans le génome de la bactérie *Mycobacterium tuberculosis*, agent pathogène mortel qui a tué plus d'humains que tout autre organisme pathogène. L'identification des fonctions de dégradation du cholestérol dans l'agent responsable de la tuberculose a créé la possibilité de nouvelles thérapies pour cette terrible maladie.

R. jostii RHA1 peut servir dans d'autres applications : il peut, par exemple, être hôte de substitution pour la production d'antibiotiques et l'exploration de gènes d'organismes non cultivés dans divers environnements. RHA1 fait également l'objet d'autres études approfondies à mesure que l'équipe de l'Université de la Colombie-Britannique poursuit ses travaux sur ce microbe fascinant. La publication de la séquence et les données connexes sont à la disposition de très nombreux chercheurs dans le monde et ces travaux de recherche devraient aboutir à de nombreuses autres applications et découvertes étonnantes dans l'avenir!

Info-éclair

Résultats mis en évidence : création d'un ensemble de connaissances sur les microorganismes importants en chimie industrielle et la dégradation de composés toxiques pour l'environnement

Nombre de membres du personnel de recherche employés dans ce projet : ~ 51 années-personnes

Nombre de brevets en instance ou obtenus : 2 demandes de brevets provisoires

Ressources produites : séquence génomique de deux microorganismes, fragments de génome pour des études futures en biologie moléculaire, bases de données publiques de résultats expérimentaux