

LATTECO

Horizontale genoverdracht als radicaal nieuw mechanisme voor ecologische aanpassingen

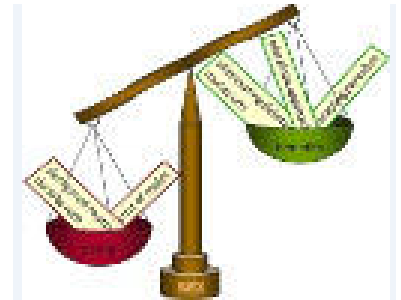
DUUR
 15/12/2014 - 10/09/2018

BUDGET
 149 601 €

PROJECT BESCHRIJVING

Context

Nieuwe genetische combinaties zijn de basis voor natuurlijke selectie. In de meeste hogere organismen gebeurt dit door meiotische recombinatie als onderdeel van seksuele voortplanting. Bacteriën hebben geen kiembanen en daarom ook geen seks. Maar ze kunnen toch efficiënt en snel genetisch materiaal horizontaal onder elkaar uitwisselen door laterale gentransfer (LGT). De evolutionaire patronen in de boom van het leven leken fundamenteel verschillend tussen bacteriën en hogere organismen, waarbij LGT tot de bacteriële wereld beperkt bleef. Nieuwe 'high throughput' sequentietechnieken konden intussen aantonen dat ook hogere organismen LGT kunnen ondergaan, zoals sommige algen, niet-gewervelden en hogere planten. De genen afkomstig van bacteriën leiden tot nieuwe adaptaties in extreme milieus zoals ijs (Raymond & Kim 2012) of hitte (Schönknecht et al. 2013).



LATTECO - paradox of sex. (D. Lamatsch).

Maar de frequentie van vreemde genen in de meeste gastheergenomen is met 0.001 tot 0.01% zeer laag (Schönknecht et al. 2014). Er zijn twee uitzonderingen waarbij vreemde genen meerdere % van het gastheergenoem innemen en van bacteriën, fungi én planten afkomstig zijn. De wortelnematode *Meloidogyne incognita* kent een wereldwijde verspreiding en parasiteert een brede waaier van planten, waaronder ook belangrijke landbouwgewassen. Zijn genoom bestaat voor 3% uit vreemde genen (Paganini et al. 2012). Er is zelfs voorgesteld dat deze nematoden en verwanten alleen door de horizontale acquisitie van genen een parasitische levenswijze konden ontwikkelen (Danchin et al. 2010). Twee soorten van bdelloïde rotiferen, *Adineta ricciae* (Boschetti et al. 2012) en *A. vaga* (Gladyshev et al. 2008; Flot et al. 2013), bevatten elk tot 8-9% vreemde genen. Zowel de nematode *M. incognita* alsook de bdelloïden planten zich uitsluitend asexueel voort en hebben dus de mogelijkheid voor nieuwe genetische combinaties via seksuele recombinatie verloren.

Algemene doelstellingen en onderliggende onderzoeksvragen

LATTECO zal onderzoeken of en welke vreemde genen door LGT in de ostracode *Darwinula stevensoni* terechtgekomen zijn. Deze soort is een perfect model omdat hij al een miljoen jaar bestaat, zich waarschijnlijk uitsluitend asexueel voortplant en ecologisch erg tolerant is. De frequentie van mogelijke LGT events in deze ostracoden zal geschat worden, alsook de functie van vreemde genen en hun oorsprong.



LATTECO - *Darwinula stevensoni*, model organism
 (K. Martens 1998. Sex and parthenogenesis)

Methodologie

Er zullen metagenomische technieken toegepast worden op *D. stevensoni*, om na te gaan of deze ostracoden gastheren van bacteriën zijn die als potentiële donoren voor LGT konden fungeren. Wij zullen ostracoden ook kweken om de mogelijke ecologische effecten van bacteriën op de ostracoden te achterhalen. Er zullen ook transcriptoom (RNA) gegevens van *D. stevensoni* verzameld worden om potentiële genen van LGT door automatische bio-informatische pijleidingen te identificeren. Mogelijke vreemde genen zullen in een bestaande genomische bibliotheek van *D. stevensoni* gelokaliseerd en tegen hun genomische DNA-achtergrond gesequeneerd worden om contaminaties uit te sluiten. Ten slotte zullen verdere bio-informatische analyses op de sequentiegegevens toegepast worden om mogelijke gevallen van LGT te bevestigen en de putatieve functie van deze vreemde genen te voorspellen.

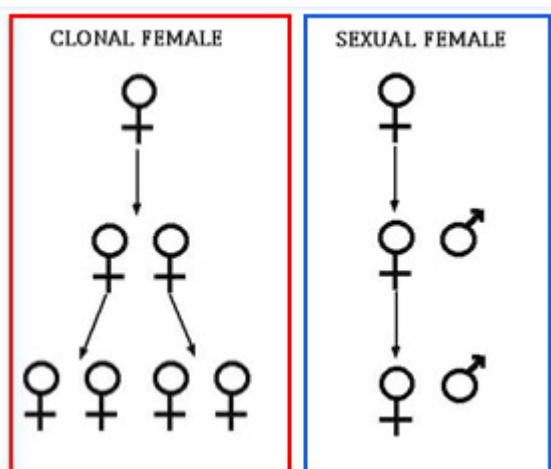
LATTECO

Potentiële impact van het onderzoek voor wetenschap, maatschappij en/of beslissingsondersteuning

De vraag hoe organismen zich aan veranderende milieucondities kunnen aanpassen, wordt door de dreigende klimaatsveranderingen bijzonder belangrijk. Mutaties en de creatie van nieuwe genetische combinaties door seksuele voortplanting werden tot nu toe als de enige mechanismen beschouwd voor adaptieve evolutie in hogere organismen. LGT zou wel eens even belangrijk kunnen zijn. Tot nu werden hoge frequenties van LGT vooral in asexuelen waargenomen. Om te kunnen begrijpen hoe hogere organismen zich kunnen aanpassen en veranderen, zijn schatting nodig hoe frequent LGT in verschillende hogere organismen en habitats voorkomt en welke genen overgedragen worden. Dit soort onderzoek heeft belangrijke toepassingen voor evolutie en wetenschap in het algemeen omdat het mogelijk het beeld van de natuur als boom van het leven met afgebakende domeinen van eubacteriën, archaea, dieren, fungi en hogere planten op de helling zet. LGT heeft ook een belangrijke impact op de maatschappij, vooral voor de geneeskunde, plaagbestrijding en de landbouw. Vele landbouwgewassen en aquaculturen bestaan uit monoculturen en/of klonale lijnen met geen of zeer weinig genetische variatie en een hoog risico op onvoldoende adaptatiepotentieel. Maar de frequentie van LGT in deze organismen is zo goed als onbekend. Onlangs werd ook invloed van LGT op geneeskunde en de gezondheid van de mens gesuggereerd door de groep van JC Dunning Hotopp (Robinson et al. 2013; Riley et al. 2013). Ze vonden dat de frequentie van LGT met bacteriële oorsprong in menselijke kankerstalen hoger was dan in controles. Ons project zal ook belangrijke implicaties voor biotechnologisch beleid hebben, vooral voor de veiligheid van genetische gemodificeerde bacteriën en hogere organismen

Beschrijving van de finale onderzoeksresultaten

De onderzoeksresultaten zullen in wetenschappelijke tijdschriften gepubliceerd worden en op congressen voorgesteld worden. Ook het publiek en beleidsmakers zullen door persberichten over de resultaten geïnformeerd worden.



LATTECO - cost of males. (D. Lamatsch)

CONTACT INFORMATIE

Coördinator

Isa SCHÖN

Koninklijk Belgisch Instituut voor Natuurwetenschappen (KBIN)

OD Natuurlijke Milieus, Aquatische en Terrestrische Ecologie

Zoetwaterbiologie

isa.schoen@naturalsciences.be

Partners

Etienne G.J. DANCHIN

Institut National de la Recherche Agronomique

UMR – Institut Sophia Agrobiotech

etienne.danchin@sophia.inra.fr