

GENESORT

Is evolutie herhaalbaar? Introductie van nieuwe technieken om de genetische basis van parallele radiaties te ontrafelen

DUUR
01/10/2013 – 31/12/2015

BUDGET
149.978 €

PROJECT BESCHRIJVING

Een intrigerend patroon van adaptieve radiaties op eilandarchipels is dat morfologisch gelijkaardige soorten schijnbaar onafhankelijk evolueren langsheen gelijkaardige omgevingsgradiënten op verschillende eilanden ("parallele evolutie"). Deze opmerkelijke observatie vormde het bewijs dat evolutie schijnbaar gerichter verloopt dan vaak wordt aangenomen. Bovendien toont dit aan dat de bezetting van habitatten binnen eilandarchipels gedreven wordt door zowel evolutionaire als ecologische processen en even belangrijk kunnen zijn in het genereren van eilandgemeenschappen.



Echter, de mate waarin deze herhaalde evolutionaire radiaties beschouwd kunnen worden als onafhankelijke radiaties blijft slecht begrepen. In dit project wordt deze visie uitgedaagd door de volgende hypothese te testen: Is deze ogenschijnlijke herhaalde evolutie het resultaat van een complex proces van lage niveaus van migratie van ecologisch gelijkaardige soorten tussen eilanden, gevolgd door een hoge mate van gen-uitwisseling tussen ecologisch verschillende soorten binnen eilanden. Ten eerste, een lage mate van gen-uitwisseling tussen eilanden kan leiden tot de introgressie van adaptieve genetische variatie, waarvan verwacht kan worden dat deze leidt tot gelijkaardige evolutionaire eindpunten. Ten tweede, verspreiding van soorten in geschikt habitat op verschillende eilanden, een proces dat als "species sorting" aangeduid wordt, kan gevolgd worden door introgressie van neutrale genetische variatie tussen de soorten binnen een eiland, wat op zijn beurt kan leiden een fylogenetisch patroon van herhaalde en onafhankelijk radiatie binnen eilanden..



Onder beide scenario's kan verwacht worden dat genen die verantwoordelijk zijn voor adaptatie aan een bepaald habitat verspreid worden over verschillende populaties van de archipel, maar enkel behouden en geselecteerd worden in die populaties die in het habitat voorkomen waar de genvariant een selectief voordeel oplevert. Voor genen die selectief neutraal zijn zal daarentegen vooral de uitwisseling van populaties de evolutionaire relatie bepalen, waardoor verwacht wordt dat ze het adaptief divergentieproces slechts in beperkte mate reflecteren. M.a.w., in dit project zal getest worden of parallele evolutie het resultaat is van 'sorting' van adaptieve genen doorheen een archipel. Deze bevinding kan belangrijke implicaties hebben op onze huidige kennis over het ontstaan van soortengemeenschappen op eilanden aangezien het een proces is dat intermediair is tussen 'species sorting' en onafhankelijke 'parallele radiatie'.

GENESORT

Om dit te bereiken is het noodzakelijk om de evolutionaire relaties te achterhalen van zowel neutrale als niet-neutrale genen op een genoom-wijde schaal. Alhoewel dit voor kort niet mogelijk was, laten de meest recente ontwikkelingen in sequentie- en moleculaire technieken toe om genomische informatie te verkrijgen op een dergelijke schaal voor een groot aantal verschillende individuen, wat nieuwe wegen opent om informatie te verkrijgen over de genen die betrokken zijn adaptieve divergentie.

In dit project zal gebruik gemaakt worden van een recent ontwikkelde moleculaire techniek i.e. Restriction Associated DNA (RADseq) – die toelaat om ong. 5000 regio's doorheen het genoom te bekomen voor honderden individuen op een kostenefficiënte manier. Daarnaast zullen bioinformatische methoden ontwikkeld worden om genealogieën te reconstrueren van deze regio's zodat de genealogie van neutrale en niet-neutrale gen-fragmenten vergeleken kan worden.

Deze technieken zullen toegepast worden op een unieke soortvormingsgradiënt van *Calosoma poppenrover* kevers van de Galapagos. Binnen dit systeem is herhaalde ecotypische divergentie opgetreden in functie van habitat, waarbij de divergentie tussen ecotypische soorten toeneemt in functie van de leeftijd van de eilanden. Preliminare genetische analyses toonden reeds overtuigend aan dat dit proces optrad onder hoge niveaus van gene-flow zowel tussen als binnen eilanden.

Samengevat, het begrijpen van de evolutionaire historie van de adaptieve genetische variatie betrokken bij ecotypische divergentie kan in belangrijke mate bijdragen in het beter begrijpen van de wisselwerking van ecologische en evolutionaire dynamieken in het vormen van eilandradiaties.



CONTACT INFORMATIE

Coördinator

Frederik HENDRICKX

Koninklijk Belgisch Instituut voor Natuurwetenschappen (KBIN)

Operationele Directie Taxonomie en Fylogenie

frederik.hendrickx@naturalsciences.be

