

PARAWINGS

Extension des méthodes génomiques pour démêler le développement parallèle des ailes dans de larges clades

DUREE
15/01/2017 - 15/04/2019

BUDGET
149 580 €

DESCRIPTION DU PROJET

Contexte

Depuis Darwin, beaucoup de biologistes évolutionnistes se sont cassés la tête sur l'évolution récurrente et rapide de traits identiques mais complexes au fil du temps. Des développements récents en biologie moléculaire et développementale ont permis aux biologistes évolutionnaires d'acquiescer une certaine compréhension préliminaire de la façon dont des mécanismes moléculaires pourraient sous-tendre l'acquisition et la perte de traits à des échelles de temps limitées. Mais nous n'avons toujours pas de vue compréhensive de la façon dont ces mécanismes fonctionnent à des échelles de temps évolutionnaire plus longues. Ces compréhensions ont été fortement entravées par le fait qu'il est difficile de retracer la base génomique d'un même trait phénotypique dans des espèces éloignées, et de reconstituer la séquence entière de la région génomique.

Objectifs généraux

Dans le projet proposé, nous aborderons ces questions par l'exploration de la base génomique sous-tendant l'évolution répétée du développement des ailes à travers la lignée des carabes. Dans cette famille de coléoptères se retrouvent des espèces aux ailes entièrement développées (les espèces macroptéreuseuses), des espèces aux ailes réduites (les espèces brachyptéreuseuses) et des espèces dont les individus peuvent avoir des ailes entièrement développées ou bien des ailes réduites (espèces aux ailes dimorphes). Ce dimorphisme des ailes a évolué de manière répétée dans toute la famille des carabidés et nous permettra de (i) décrypter comment un seul élément génomique pourrait sous-tendre le développement d'un trait tellement complexe et (ii) de découvrir si la même ou une autre région génomique est impliquée dans l'évolution répétée du dimorphisme des ailes dans toute cette famille de coléoptères.

Méthodologie

Dans ce projet nous profiterons pleinement de la propriété unique des espèces au dimorphisme des ailes en montrant cette variation intraspécifique prononcée dans le développement des ailes. Ceci nous permet d'associer la variation phénotypique (la taille des ailes) à la variation génétique à l'échelle de tout le génome et donc de retracer la région génomique sous-tendant ce trait dans des espèces multiples distribuées sur toute la lignée. Puis nous implémenterons un outil génomique médical récemment développé, la Targeted Locus Amplification (TLA), afin de reconstituer la séquence entière de cette région. La combinaison de ces approches ajoutera une importante couche à la compréhension de l'évolution récurrente de traits complexes, et de la base génomique de l'évolution adaptative en général.

La nature de l'interdisciplinarité

La recherche de la base génomique sous-tendant la variation des traits est fortement basée sur des outils génomiques et bio-informatiques développés dans le domaine de la génétique médicale. La méthodologie TLA proposée sera menée en collaboration étroite avec un spin-off de l'Université d'Utrecht. Jusqu'à présent, cette méthodologie a été seulement utilisée dans le domaine de la génétique médicale.



PARAWINGS

Impact potentiel

Les Hommes ont un impact écrasant sur notre environnement. La capacité des organismes de s'adapter génétiquement à ces changements reste aujourd'hui peu comprise ; il est supposé qu'elle dépende fortement de (i) la variation génétique sous-tendant des traits d'importance écologique et (ii) l'architecture génétique sous-tendant ces traits. Un examen de la base moléculaire sous-tendant les traits qui déterminent fortement les taux d'extinction (c.-à-d. les traits de dispersion dans le présent projet) aura un impact considérable sur nos capacités prédictives sur le taux et la propension des espèces de s'adapter rapidement à un changement environnemental provoqué par l'Homme.

Produits finaux

Le résultat de cette recherche sera publié dans des revues scientifiques, parmi lesquelles nous visons des revues à impact élevé, et sera diffusé vers un public plus large, incluant des non-spécialistes, via des canaux d'information et des revues de vulgarisation scientifique.

COORDONNEES

Coordinateur

Frederik HENDRICKX
Institut Royal des Sciences Naturelles de Belgique
(IRSNB)
Direction Opérationnelle Taxonomie et Phylogénie
Rue Vautier 29
1000 Bruxelles
frederik.hendrickx@naturalsciences.be

BR/175/PI/PARAWINGS