

PARAWINGS

Uitbreiding van genomische methoden voor het ontrafelen van parallelle vleugelontwikkeling binnen brede evolutionaire takken

DUUR
15/01/2017 - 15/04/2019

BUDGET
149 580 €

PROJECT BESCHRIJVING

Achtergrond

De terugkerende en snelle evolutie van identieke maar complexe kenmerken verbaasd evolutiebiologen sinds Darwin. Recente ontwikkelingen in de moleculaire en ontwikkelingsbiologie hebben evolutionaire biologen enkel in staat gesteld om een tot nog toe beperkt inzicht te verschaffen in welke moleculaire mechanismen herhaalde en parallelle evolutie kunnen teweegbrengen. Het ontbreekt ons echter nog steeds aan een uitgebreid inzicht in de rol van deze mechanismen over langere evolutionaire tijdschalen. De moeilijkheid om de genomische basis van dezelfde fenotypische eigenschap in verwante soorten terug te vinden en de moeilijkheden om de volledige sequentie van het genoomgebied te reconstrueren, hebben deze inzichten sterk belemmerd.

Algemene doelstellingen

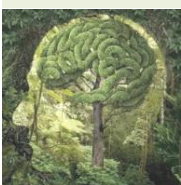
In het voorgestelde project zullen we deze problemen aanpakken door de genomische basis te onderzoeken die ten grondslag ligt aan de herhaalde evolutie van de vleugelontwikkeling bij loopkevers. Binnen deze keverfamilie worden soorten gevonden met ofwel volledig ontwikkelde vleugels (macroptereuze soorten), ofwel soorten met verminderde vleugels (brachyptereuze soorten) en soorten met individuen die ofwel volledig ontwikkelde vleugels of verminderde vleugels hebben (vleugel-dimorfe soorten). Deze vleugeldimorfie evolueerde herhaaldelijk over de hele familie van loopkevers en zal ons toelaten om te ontrafelen hoe (i) een enkel genomisch element de ontwikkeling van een dergelijke complexe eigenschap zou kunnen onderbouwen en (ii) of hetzelfde of een ander genomisch gebied betrokken is bij de herhaalde evolutie van het vleugeldimorfisme in deze keverfamilie.

Methodologie

In dit project zullen we ten volle gebruik maken van de unieke eigenschap van vleugel-dimorfe soorten om de uitgesproken intraspecifieke variatie in vleugelontwikkeling te traceren op genomisch niveau. Dit laat ons toe om fenotypische (vleugelgrootte) variatie te associëren met genetische variatie op een genoombrede schaal en zo het genoomgebied achterhalen dat aan deze eigenschap ten grondslag ligt. Dit zal onderzocht worden bij meerdere soorten verspreid over de familie. Vervolgens zullen we een recente medische genomische ontwikkeling, namelijk Targeted Locus Amplification (TLA), implementeren om de volledige sequentie van dit gebied te reconstrueren. Het combineren van deze benaderingen zal een belangrijke inzicht toevoegen in de recurrente evolutie van complexe eigenschappen en de genomische basis van adaptieve evolutie in het algemeen.

Interdisciplinariteit

Het onderzoek naar de genomische basis die ten grondslag ligt aan de variatie in eigenschappen bouwt sterk voort op genomische en bio-informatica tools ontwikkeld binnen het domein van de medische genetica. De voorgestelde TLA-methodologie zal worden uitgevoerd in nauwe samenwerking met een spin-off van de Universiteit Utrecht. Deze methodologie is tot nu toe alleen gebruikt binnen het domein van de medische genetica.



PARAWINGS

Potentiële impact

De mens heeft een overweldigende invloed op onze natuurlijke omgeving. Het vermogen van organismen om zich genetisch aan te passen aan deze veranderingen blijft op dit moment onbegrepen en is verondersteld sterk afhankelijk te zijn van (i) de genetische variatie die ten grondslag ligt aan ecologisch belangrijke eigenschappen en (ii) de genetische architectuur die aan deze eigenschappen ten grondslag ligt. Het onderzoek naar de moleculaire basis die ten grondslag ligt aan de eigenschappen die sterk bepalend zijn voor de uitsterfsnelheid van soorten (d.w.z. dispersale eigenschappen in het huidige project) zal een sterke invloed hebben op onze voorspellende capaciteiten op de snelheid en de mogelijkheid van soorten om zich snel aan te passen aan door de mens veroorzaakte veranderingen in het milieu.

Eindresultaten

De resultaten van dit onderzoek zullen gepubliceerd worden in wetenschappelijke tijdschriften, waarin we ons richten op tijdschriften met een grote impact, en zullen worden verspreid onder een groter publiek, waaronder niet-specialisten via nieuwsbronnen en populair-wetenschappelijke tijdschriften.

CONTACT INFORMATIE

Coördinator

Frederik HENDRICKX
Koninklijk Belgisch Instituut voor
Natuurwetenschappen (KBIN)
Operationele Directie Taxonomie en Fylogenie
Vautierstraat 29
1000 Brussel
frederik.hendrickx@naturalsciences.be