

MUTER

Museum epigenomics as a Toolbox in Evolutionary Research

DURÉE
01/02/2023 – 01/05/2025

BUDGET
€ 161 962

DESCRIPTION DU PROJET

Les collections des musées d'histoire naturelle représentent un vaste réservoir d'informations sur les mécanismes moléculaires qui sous-tendent la diversité biologique, mais la découverte de ces "trésors cachés" reste une tâche ardue. Ce n'est que récemment que les chercheurs ont commencé à accéder à ces archives génétiques grâce aux progrès révolutionnaires de la technologie de séquençage de nouvelle génération. Si les études des collections d'histoire naturelle sur la variabilité spatiale et/ou temporelle des séquences nucléotidiques ont considérablement fait progresser notre compréhension des bases moléculaires des variations phénotypiques, elles ont exploré dans une moindre mesure d'autres moteurs importants de la diversité phénotypique, tels que les modifications épigénétiques de l'ADN. La prise de conscience de ces lacunes a stimulé l'émergence d'un nouveau domaine de recherche, "museum epigenomics". L'étude de l'épigénome des échantillons de musée est cependant loin d'être simple, car l'ADN subit généralement diverses altérations post-mortem telles que la désamination, la fragmentation, la perte et la contamination exogène, qui compliquent toutes la mise en œuvre des protocoles de laboratoire épigénétiques standards. Dans ce projet, nous étudierons ces difficultés afin de rendre cette archive épigénétique plus accessible pour la recherche future. Bien que l'ADN puisse subir de nombreuses modifications épigénétiques différentes, nous ciblerons ici spécifiquement la méthylation de l'ADN. L'ajout de groupes méthyles à la structure de base de l'ADN, est un marqueur épigénétique fréquemment utilisé et qui, plus important, reste stable sur de longues périodes, ce qui le rend particulièrement utile pour l'étude de l'épigénome des échantillons de musée.

Dans ce projet, nous visons spécifiquement à

- i) définir les "meilleures pratiques" en matière d'évaluation des profils épigénétiques des collections de musées, et
- ii) illustrer comment l'exploration des paysages épigénomiques des collections de musées peut fournir des informations précieuses sur l'écologie et l'évolution à l'aide de deux études pilotes.

Nous nous concentrerons ici sur deux méthodes différentes de profilage de la méthylation, le 'Reduced Representation Bisulfite Sequencing' (RRBS) et le 'Whole Genome Bisulfite Sequencing' (WGBS). Les deux méthodes ont leurs propres avantages et inconvénients et le choix de la méthode à utiliser dépend largement de la question de recherche et du plan d'échantillonnage. Bien que le WGBS couvre l'ensemble du génome, il est actuellement encore trop coûteux pour examiner un grand nombre de spécimens. Le RRBS, en revanche, est très rentable et permet de traiter des centaines d'échantillons dans le cadre d'un seul projet, mais il comporte le risque d'omettre des régions importantes car il ne couvre qu'une fraction du génome. Nous explorerons divers protocoles de laboratoire pour définir les "meilleures pratiques" pour construire des bibliothèques de séquençage de nouvelle génération à partir d'échantillons de musées historiques et évaluerons dans quelle mesure les diverses caractéristiques des échantillons (âge, conditions de stockage, fragmentation de l'ADN, quantité d'ADN) déterminent la réussite de la mise en œuvre de la méthylomique dans les collections d'histoire naturelle. Pour illustrer la manière dont les collections des musées d'histoire naturelle peuvent contribuer à l'exploration du rôle de l'épigénétique dans l'écologie et l'évolution, nous utiliserons deux collections muséales de l'IRSNB. La première concerne une radiation adaptative unique des coléoptères *Calosoma* aux îles Galápagos, où les représentants de ce genre ont rayonné de manière répétée en un écotype des hautes terres ("à longues ailes") et un écotype des basses terres ("à ailes courtes") le long d'un gradient altitudinal répliqué sur toutes les îles principales. Cette radiation est caractérisée par un gradient de divergence clair entre les espèces des hautes terres et celles des basses terres, qui correspond parfaitement à l'âge de l'île. Cette collection muséale unique nous permet d'explorer le rôle que joue la méthylation dans l'évolution adaptative, en particulier aux premiers stades de la divergence. La deuxième collection du musée met en évidence le polymorphisme de la coquille du bigorneau intertidal *Tectarius striatus* échantillonné aux Açores. Deux morphotypes de coquille au sein de cette espèce coexistent à une échelle microgéographique, mais affichent une distribution non aléatoire dans le paysage, car la morphologie de leur coquille dépend fortement du degré d'exposition aux vagues qu'ils subissent. En reliant les variations génétiques, épigénétiques et morphologiques, nous explorerons le rôle du déterminisme génétique par rapport à la plasticité phénotypique dans la variation de la coquille au sein de cette espèce.

MUTER

Ce projet vise à avoir un impact direct sur la gestion des collections en permettant aux chercheurs d'accéder à une nouvelle "couche de données" obtenue à partir du matériel de collection, une archive épigénomique, complémentaire aux archives morphologiques et génomiques existantes, et de stimuler de nouvelles lignes de recherche basées sur les collections dans divers domaines scientifiques.

COORDONNEES

Coordinateur

Dr. Carl Vangestel

Institut royal des Sciences naturelles de Belgique (IRSNB)

cvangestel@naturalsciences.be

<https://jemu.myspecies.info/>

Partenaires

Prof. Jana Asselman

Universiteit Gent (UGent)

jana.asselman@ugent.be

<https://bluegent.ugent.be/jana-asselman>