

# MUTER

## Museum epigenomics as a Toolbox in Evolutionary Research

DUUR  
01/02/2023 – 01/05/2025

BUDGET  
€ 161 962

### PROJECT BESCHRIJVING

Natuurhistorische collecties herbergen een schat aan informatie over de moleculaire mechanismen die aan de grondslag liggen van biologische diversiteit, maar het blootleggen van deze 'verborgen schatten' blijkt niet altijd evident. Pas recentelijk hebben onderzoekers manieren gevonden om toegang te krijgen tot dit genetisch archief, dankzij de baanbrekende vooruitgang die in de zogenaamde 'next-generation sequencing' technologie is geboekt. Hoewel museumstudies over spatiale en/of temporele variatie in nucleotide sequenties ons inzicht in de moleculaire basis van fenotypische variatie sterk hebben bevorderd, zijn andere belangrijke factoren van fenotypische diversiteit, zoals epigenetische modificaties van DNA, over het hoofd gekeken. Deze hiaat heeft geleid tot het ontstaan van een nieuw onderzoeksgebied, "museum epigenomics". Het bestuderen van het epigenoom van museum specimens is echter verre van eenvoudig, omdat het DNA meestal een verscheidenheid aan postmortem veranderingen ondergaat, zoals deaminatie, fragmentatie, verlies en contaminatie met exogeen DNA. Deze nefaste veranderingen verhinderen het toepassen van meer standaard epigenetische laboratoriumprotocollen. In dit project zullen wij deze moeilijkheden bestuderen in een poging om dit epigenetische archief toegankelijker te maken voor toekomstig onderzoek. Hoewel er veel verschillende epigenetische modificaties zijn die DNA kan ondergaan, zullen wij ons hier specifiek richten op DNA methylatie. De toevoeging van methylgroepen aan de DNA helix is een veelvuldig bestudeerde epigenetische merker die bovendien een zeer grote stabiliteit over de tijd heen vertoont, wat het een bijzonder geschikte epigenetische merker maakt voor het bestuderen van epigenomen van museumstalen.

In dit project willen we

- i) de 'optimale werkwijze' beschrijven voor het beoordelen van epigenetische profielen van museumcollecties, en
- ii) illustreren hoe het exploreren van epigenomische landschappen van museumcollecties waardevolle ecologische en evolutionaire inzichten kan opleveren aan de hand van twee pilotstudies.

Wij zullen ons hier concentreren op twee verschillende methodes om methylatieprofielen te screenen, namelijk "reduced representation bisulphite sequencing" (RRBS) en "whole genome bisulphite sequencing" (WGBS). Beide methodes hebben hun eigen voor- en nadelen en de keuze van de te gebruiken methode hangt grotendeels af van de onderzoeksvraag en het studieontwerp. Hoewel WGBS het volledige genoom bestrijkt, is het momenteel nog te duur om grote aantallen specimens te screenen. RRBS daarentegen is zeer kosten-efficiënt en maakt het mogelijk om honderden specimens in één project te verwerken, maar draagt het risico in zich dat belangrijke regio's worden gemist omdat het slechts een fractie van het genoom bestrijkt. We zullen verschillende laboratoriumprotocollen vergelijken en bestuderen met als doel de meest 'optimale werkwijze' te definiëren voor het maken van next-generation sequencing libraries van historische museumstalen en nagaan in welke mate verschillende karakteristieken van een museumstaal (d.w.z. leeftijd, opslagconditie, DNA-fragmentatie, DNA-hoeveelheid) bepalend zijn voor het al dan niet succesvol kwantificeren van het methylatieprofiel. Om te illustreren hoe natuurhistorische museumcollecties kunnen helpen bij het onderzoek naar de rol van epigenetica in ecologie en evolutie, zullen we gebruik maken van twee museumcollecties van het RBINS. De eerste behelst een unieke adaptieve radiatie van *Calosoma* kevers op de Galápagos eilanden, waar vertegenwoordigers van dit genus herhaaldelijk radieerden in een hoogland ('langvleugelig') en laagland ('kortvleugelig') ecotype langsheen een hoogtegradiënt die op alle grote eilanden te vinden is. Deze radiatie wordt gekenmerkt door een duidelijke divergentiegradiënt tussen hoog- en laaglandsoorten die perfect correleert met de leeftijd van de eilanden. Deze unieke museumcollectie stelt ons in staat te onderzoeken welke rol methylatie speelt in de adaptieve evolutie, en meer bepaald in de vroege stadia van divergentie. De tweede museumcollectie belicht het schelpenpolymorfisme van de intertidale slak *Tectarius striatus*, bemonsterd op de Azoren. Binnen deze soort komen op microgeografische schaal twee schelpmorfotypes samen voor, maar deze vertonen een onwillekeurige verspreiding doorheen het landschap aangezien hun schelpmorfologie sterk afhangt van de mate waarin ze aan golven worden blootgesteld. Door genetische, epigenetische en morfologische variatie aan elkaar te koppelen zullen we de rol van genetisch determinisme versus fenotypische plasticiteit in de schelpvariatie binnen deze soort onderzoeken.

# MUTER

Dit project streeft ernaar een directe impact te hebben op het collectiebeheer door onderzoekers toegang te geven tot een nieuwe 'dataaag' verkregen uit collectiemateriaal, een epigenomisch archief, als aanvulling op de bestaande morfologische en genomische archieven, en aldus nieuwe onderzoekslijnen in verschillende wetenschappelijke domeinen te stimuleren.

## CONTACT INFORMATIE

### Coördinator

#### **Dr. Carl Vangestel**

Koninklijk Belgisch Instituut voor Natuurwetenschappen (KBIN)

[cvangestel@naturalsciences.be](mailto:cvangestel@naturalsciences.be)

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

### Partners

#### **Prof. Jana Asselman**

Universiteit Gent (UGent)

[jana.asselman@ugent.be](mailto:jana.asselman@ugent.be)

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