

AGORA-MOLCOL

« Assurer le futur des collections d'histoire naturelles Belge au 22ème siècle : vers un stockage commun des tissus et échantillons d'ADN »

Institutions partenaires : Musée Royal de l'Afrique Centrale (MRAC) et l'Institut Royal Belge des Sciences Naturelles (IRBSN)

Durée: Décembre 2012 – Avril 2015

Le MRAC et l'IRBSN possèdent les plus importantes collections zoologiques de Belgique. Elles appartiennent au patrimoine fédéral Belge et les deux institutions ont notamment pour mission l'obligation de préserver ces collections pour les générations futures et d'en assurer leur accès pour des recherches scientifiques. Une petite partie de ces collections, principalement des acquisitions récentes, est stockée de façon à assurer à la fois une étude morphologique et moléculaire. Ce type de collection inclut le plus souvent des échantillons de tissus (biopsies de nageoires ou plumes), avec ou non le spécimen correspondant qui est quant à lui préservé de manière traditionnelle. La qualité du matériel génétique va progressivement se dégrader au fil du temps si les échantillons ne sont pas préservés de façon optimale. Le statut actuel de ces collections ne permettra pas une utilisation optimale de ces échantillons pour de futures analyses moléculaires. De plus, aucun protocole détaillé n'est en place dans ces deux institutions pour s'assurer que les nouvelles acquisitions soient préservées de manière optimale. Si le MRAC et l'IRBSN veulent assurer une préservation qui s'inscrit dans le temps et une possible utilisation de ces collections pour de futures recherches scientifiques dans le domaine de la systématique moléculaire, un domaine en rapide expansion, ils doivent investir dans le développement de stratégies appropriées et de protocoles adaptés.

L'utilité scientifique des collections d'histoire naturelle n'est pas uniquement sujet à la qualité des échantillons et des spécimens, mais aussi au stockage et à l'accessibilité des données et des informations qui leurs sont associées. Actuellement, les données associées aux échantillons ou spécimens ne peuvent seulement être accessibles que partiellement, via différents moyens qui ne sont ni structurés ni standardisés. Au cours du temps, cela peut résulter en une perte d'information essentielle. Le MRAC et l'IRBSN possèdent tous deux leur propre logiciel de gestion des données, par conséquent, il y n'y a aucun portail d'échange unique de données entre les deux institutions. Pourtant, avoir les informations des deux institutions disponibles via ce genre de structure commune faciliterait les activités de recherche scientifique et résulterait en une évolution positive, qui renforcerait la collaboration entre les deux institutions. C'est dans cet esprit le projet AGORA-MOLCOL fut lancé, avec pour thématique de recherche les collections de tissus et d'échantillons d'ADN existants. Les objectifs de cette étude couvraient deux disciplines : la gestion des collections et la bio-informatique.

Systematique moléculaire – Tester et établir des protocoles pour conserver de façon optimale les spécimens en vue de futures recherches moléculaires.

Raisonnement: Pour la majorité des spécimens zoologiques gérés par les deux institutions, les méthodes de préservation en place ne permettent pas de garantir une préservation optimale du matériel génétique au cours du temps. Pour les nouvelles acquisitions, ce problème est partiellement résolu, mais des protocoles clairs et standardisés sont toujours manquants. Afin d'assurer une utilisation optimale de ces collections zoologiques en systématique moléculaire, il y a donc un besoin urgent de rédiger des procédures claires.

Bio-informatique – Développements, tests et améliorations d'un système de gestion de collection commun aux deux institutions.

Raisonnement: Les bases de données mises en place au MRAC et l'IRBSN sont hétérogènes, non centralisées et ne permettent pas de répondre aux besoins spécifiques liés aux collections de tissus ou d'échantillons d'ADN pour la systématique moléculaire. La mise en place d'une base de donnée uniforme, et pourquoi pas, d'un portail commun entre les deux institutions, permettrait d'améliorer l'accès ainsi qu'une utilisation plus efficace et complémentaire de leurs collections.

Les deux objectifs sont complémentaires et s'intègrent parfaitement dans le plan stratégique des deux institutions. Ces dernières années, le MRAC et l'IRBSN ont beaucoup investi dans la création et le développement d'une unité de recherche de pointe en systématique moléculaire commune aux deux institutions. Les investissements ont été fait à la fois au niveau du stockage physique des spécimens (grâce aux subsides de la Loterie Nationale pour l'achat d'une infrastructure de stockage de tissus et d'échantillons d'ADN) et au niveau des analyses par l'unité de recherche expérimentale et moléculaire (JEMU) (Joint Belspo Action 1 project), par exemple. Les deux institutions ont également mené à bien

des missions de collecte sur le terrain en étroite collaboration, par exemple la mission « 2010 – Congo River Expedition ». Le stockage et la gestion efficace de ces collections n'est donc qu'un prolongement logique des activités précédentes réalisées en partenariat avec les deux institutions. Voici un bref résumé de ce qui a été réalisé au cours du projet :

(1) Une compilation de protocoles standardisés, peu coûteux et facilement applicables, qui peuvent être utilisés pour assurer une préservation optimale des échantillons pour la recherche en systématique moléculaire

Résultats : Des protocoles pour l'extraction d'ADN à partir de différents types d'échantillons ont été mis en place (plumes et poils, échantillons préservés dans des fluides, os et dents, peaux, excréments, cartes FTA, ...), en collaboration avec les chercheurs du JEMU. Le tout est disponible sur le site internet du JEMU : <http://jemu.myspecies.info/node/4601>.

Un manuel de recommandations concernant la collection, l'étiquetage et la préservation sur le terrain de spécimens dédiés à de futures expériences moléculaires sera publié dans la série "ABC taxa" (<http://www.abctaxa.be/>).

(2) Une infrastructure de stockage physique des collections, standardisée et gérée de façon commune entre les deux institutions

Résultats : Un système de stockage commun, constitué de tubes à code barre 2D unique et de congélateurs à ultra basse température, achetés grâce à des subsides octroyés par la Loterie Nationale est maintenant opérationnel (<http://jemu.myspecies.info/state-art-tissue-and-dna-storage-facility-rmca-and-rbins>).

(3) Une compilation de protocoles et d'études de cas utilisant des spécimens de musée pour des techniques de systématique moléculaire dites de « next generation »

Résultats : Différentes techniques de séquençage « next generation » ont été testées, en particulier le séquençage RAD-seq (collaboration avec Edinburgh Genomics) et le GBS (collaboration avec Cornell University, Genomic Diversity Facility).

- Utilisation de la technique du RAD-Seq (Edinburgh Genomics) pour résoudre la phylogénie d'un complexe d'espèces (*Ceratitis fasciventris*, *C. anonae* and *C. rosa*, Diptera, Tephritidae) <http://jemu.myspecies.info/node/4611>
- Utilisation de la technique du GBS (Cornell University, Genomic Diversity Facility) pour étudier la structure et la phylogénie de la population de *Ceratitis capitata* (Diptera, Tephritidae) - <http://jemu.myspecies.info/dna-barcoding-lake-tanganyika-cichlids>
- Utilisation de la technique du GBS (Cornell University, Genomic Diversity Facility) pour étudier la phylogénie et structure de la population de buffle africain - <http://jemu.myspecies.info/node/4605#>

(4) Un système de base de donnée pour la gestion des collections de tissus et d'échantillons d'ADN qui permet un stockage fiable des informations ainsi que le prêt d'échantillons dédiés à des analyses moléculaires.

Résultats : Le système de gestion des collections développé par l'IRBSN, DaRWIN (<https://darwin.naturalsciences.be/>), a été adapté pour gérer les collections de tissus et d'échantillons d'ADN. Les templates au format ABCD ainsi que les manuels d'utilisateurs sont disponibles :

- Manuels d'utilisateur : <https://share.naturalsciences.be/d/f5820e3ea1/>
- ABCD templates : <https://share.naturalsciences.be/d/86ab709447/>

(5) Un portail virtuel où les utilisateurs (internes ou externes aux deux institutions) ont accès librement aux catalogues des collections, avec des informations sur les échantillons, spécimens, taxa présents, ainsi que sur les tissus et les échantillons d'ADN disponibles.

Résultats : Alors que près de 350 000 spécimens de l'IRBSN sont déjà encodés dans la base de données DaRWIN, le programme n'est pas encore opérationnel au MRAC. Pour l'instant, seulement quelques collections ont été encodées (Coelentera and Arachnomorpha). Afin de faciliter son installation au MRAC, des fonds supplémentaires ont été demandés à la secrétaire d'état (Mrs Sleurs) pour les trois prochaines années (2015-2017) afin d'en faire une des 5 priorités pour la période 2015-2019. Une fois les collections transférées et l'implémentation de DaRWIN optimal, il est prévu de développer un portail commun entre les deux institutions ou les informations concernant les collections pourront être consultées librement.