

## AGORA-MOLCOL

### “De Belgische natuurhistorische collecties waarborgen voor de 22e eeuw: naar een gemeenschappelijke weefsel en DNA collectie”

Betrokken instellingen: Koninklijk Museum voor Midden Afrika (KMMA) en Koninklijk Belgisch Instituut voor Natuurwetenschappen (KBIN)

Periode: december 2012 – april 2015

Het KMMA en KBIN beheren de belangrijkste zoölogische collecties in België. Zij behoren tot het Belgisch Federaal patrimonium en beide instellingen hebben in hun mission statement de opdracht om deze collecties te bewaren voor toekomstige generaties en toegang te verlenen voor wetenschappelijke doeleinden. Een beperkt gedeelte, voornamelijk bestaande uit recente aanwinsten, wordt op verschillende manieren bewaard voor zowel morfologisch als moleculair onderzoek. Dit type collecties bestaan voornamelijk uit weefselstalen (zoals vinstalen of veders) al dan niet gelinkt aan een specimen dat bewaard wordt op een traditionele manier. Natuurlijke processen zullen gradueel de kwaliteit van het genetisch materiaal verminderen indien de stalen niet adequaat gebufferd worden tegen dit verval, wat uiteindelijk resulteert in fragmentatie en verval van DNA en RNA waardoor de specimens ongeschikt worden voor moleculair onderzoek. De huidige toestand van de collecties laat geen volledige en optimale wetenschappelijke exploitatie toe in de toekomst. Evenmin zijn er duidelijke protocols en richtlijnen in beide instellingen van kracht om te verzekeren dat alle nieuwe aanwinsten voldoen aan de regels om een gepaste conservatie te waarborgen. Indien het KMMA en KBIN, als behoeders van deze waardevolle en onvervangbare verzamelingen, toekomst gerichte bewaring en gebruik wilt verzekeren, in het snel ontwikkelende domein van moleculaire systematiek en evolutionair onderzoek, dienen zij te investeren in de ontwikkeling van de gepaste strategieën en protocols.

De wetenschappelijke waarde van natuurhistorische collecties is echter niet alleen afhankelijk van de bewaring van de stalen en specimens, maar ook van de archivering en toegankelijkheid tot de geassocieerde data en informatie. Momenteel kunnen deze data (gedeeltelijk) worden geconsulteerd via niet geconstrueerde en niet gestandaardiseerde manieren. Dit kan uiteindelijk resulteren in het verlies van essentiële informatie. Zowel het KMMA als het KBIN hebben hun eigen databeheerssystemen, waardoor er geen uniek portaalsysteem is voor een gemeenschappelijke consultatie van de collecties van beide instellingen. Nochtans zou het ter beschikking hebben van al deze informatie via een eenzelfde databank (bij voorkeur via een gemeenschappelijke portaalsite) onderzoeksactiviteiten door zowel interne als externe onderzoekers danig kunnen vergemakkelijken. Gelukkig is er een groeiende tendens naar meer samenwerking tussen beide instellingen. Een virtuele samensmelting van de collecties en de geassocieerde data is daarom een positieve en haalbare evolutie. Om deze zaken aan te pakken werd het AGORA-MOLCOL project gelanceerd. Dit project focust op de bestaande weefsel en DNA collecties, hoewel de resultaten van deze studie belangrijke gevolgen zullen hebben voor de valorisatie van zowel historische als toekomstige nieuwe aanwinsten. De hoofddoelstellingen zijn tweevoudig en gelinkt aan twee verschillende disciplines: collectiebewaring en bioinformatica.

#### **Moleculaire systematiek – exploratie, testen en opstellen van collectie bewaringsprotocols voor (toekomstig) moleculair systematisch onderzoek.**

*Reden:* voor het merendeel van de zoölogische collecties bewaard bij beide instellingen, zijn de huidige conservatiemethoden geen garantie voor DNA en RNA bewaring over een lange periode. Voor nieuwe aanwinsten zijn deze tekortkomingen gedeeltelijk opgelost maar een duidelijke en universeel aanvaarde methodologie ontbreekt nog steeds. Teneinde een optimaal toekomstig gebruik van deze uitgebreide zoölogische collecties te verzekeren, is er nood aan duidelijke regels en procedures, in het bijzonder in verband met het toepassen van nieuwe onderzoeksdomeinen en technieken op het vlak van moleculaire systematiek zoals RNA analyse, epigenetica (bvb DNA methylatie), next generation sequencing, enz.

#### **Bio-informatica: het ontwikkelen, testen en verbeteren van een inter-institutioneel gemeenschappelijk collectiebeheer en consultatie systeem.**

*Reden:* huidige databank systemen op het KMMA en KBIN zijn heterogeen, niet gecentraliseerd, en/of onaangepast aan de specifieke noden in verband met weefsel en DNA collecties en moleculair systematisch onderzoek. De beschikbaarheid van een uniform databeheer systeem en een gemeenschappelijk portaalsysteem zal de toegang tot de collecties van beide instellingen verhogen. Het zal ook leiden tot een efficiënter en complementaire exploitatie van beide collecties.

Beide doelstellingen passen in en zijn complementair met het strategisch plan van beide instellingen met betrekking tot de ontwikkeling van moleculair systematisch onderzoek. In de laatste jaren hebben zowel KMMA als KBIN zwaar geïnvesteerd in het opstellen en bekomen van projectvoorstellen voor de bouw

van een infrastructuur voor hedendaags moleculair systematisch onderzoek, zowel wat betreft specimen bewaring (steun van Nationale Loterij voor DNA en weefsel collectie infrastructuur) en analyse (bv Joint Experimental Molecular Unit (JEMU); gemeenschappelijke BELSPO Actie1 projecten). Zij hebben ook gemeenschappelijke intensieve verzamelcampagnes opgestart om nieuwe collecties op te bouwen (bv 2010 Congo River Expeditie). De doelstelling om de verzamel en management efficiëntie van deze collecties te verbeteren is een logische voortzetting van deze eerdere activiteiten die werden ontwikkeld in nauwe samenwerking tussen beide instellingen. De volgende producten en eindresultaten werden voorop gesteld met indicatie van de behaalde resultaten:

**(1) Een set standaarden en protocols die kunnen gebruikt worden als richtlijn om optimale, kost efficiënte en snel toegankelijke methodes voor opslag en kwaliteitsvol beheer van materiaal voor moleculair systematisch onderzoek te verzekeren.**

*Resultaten:* DNA extractie protocols werden ontwikkeld voor verschillende soorten substalen (veders & haar, in vloeistof bewaard, beenderen & tanden, huiden en vellen, stoelgang, FTA kaarten, in paraffine bewaard, swabs) in samenwerking met JEMU onderzoekers en kunnen geraadpleegd worden op de JEMU website: <http://jemu.myspecies.info/node/4601>. Een overzicht van aanbevelingen voor specimen collectie, etikettering en bewaring, specifiek voor toekomstig moleculair werk, zal gepubliceerd worden in de 'ABC Taxa' reeks: (<http://www.abctaxa.be/>)

**(2) Een gestandaardiseerde, gedeelde en gezamenlijk beheerde collectie opslag infrastructuur operationeel in beide instellingen.**

*Resultaten:* een gemeenschappelijk opslagsysteem, bestaande uit unieke 2D barcode tubes en extreem lage temperatuur diepvriezers werd aangekocht (dankzij Nationale Loterij fondsen) en is nu operationeel (zie volgende link: <http://jemu.myspecies.info/state-art-tissue-and-dna-storage-facility-rmca-and-rbins>)

**(3) Een geheel van protocols en testen met betrekking tot het gebruik van collectie specimens voor moleculair systematisch onderzoek dat verder gaat dan de huidige, standaard Sanger methodes voor DNA sequencer.**

*Resultaten:* verschillende Next Generation Sequencing technieken werden uitgetest, in het bijzonder RAD sequencer (samenwerking Edinburgh Genomics) en GBS (samenwerking Cornell University, Genomic Diversity Facility):

Gebruik RAD-sequencer (Edinburgh Genomics) om de fylogenie te analyseren van een klein soortencomplex (*Ceratitis fasciventris*, *C. anonae* en *C. rosa*, Diptera, Tephritidae) <http://jemu.myspecies.info/node/4611>

Gebruik GBS (Cornell University, Genomic Diversity Facility) om de populatiestructuur/fylogenie te bestuderen van *Ceratitis capitata* (Diptera, Tephritidae) <http://jemu.myspecies.info/dna-barcoding-lake-tanganyika-cichlids>

Gebruik GBS (Cornell University, Genomic Diversity Facility) om de populatiestructuur/fylogenie te bestuderen van de Afrikaanse buffel - <http://jemu.myspecies.info/node/4605#>

**(4) Een intern databeheersysteem voor de weefsel en DNA collecties wat een veilige data bewaring en consultatie verzekert, en een adequaat en modern beheerssysteem dat uitleen van collectiemateriaal voor moleculair systematisch onderzoek toelaat.**

*Resultaten:* het bestaande DaRWIn collectiebeheerssysteem, ontwikkeld door het KBIN, is aangepast voor databeheer van weefsel en DNA collecties. ABCD templates, handleidingen en bijkomende werktuigen voor taxonomie zijn beschikbaar voor downloading via de volgende links:

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

**(5) Een gebruiksvriendelijk website portaal waar interne en externe onderzoekers en geïnteresseerden vrije toegang hebben tot catalogi die informatie verstrekken over de aanwezige stalen, specimens en taxa, in het bijzonder wat betreft weefsel en DNA collecties.**

*Resultaten:* terwijl ongeveer 350,000 specimens van de KBIN collectie reeds zijn ingevoerd in het DaRWIn databank, is het programma nog niet operationeel op het KMMA. Alleen enkele collecties (Coelentera en Arachnomorpha) werden gemigreerd. Teneinde de toepassing op het KMMA te faciliteren, is dit aangeduid als één van de vijf prioriteiten die werden gesuggereerd aan de Staatssecretaris ( Mvr Sleurs) voor de periode 2015-2019, en bijkomende fondsen zijn gevraagd voor de volgende drie jaren. Eens deze transfer en invoering is gefinaliseerd, zal een gemeenschappelijk portaal ontwikkeld worden waar collectie informatie van beide instellingen kan geconsulteerd worden.