© privat

Gerald S. Wilkinson, Ph.D.

Professor of Biology

Universität Maryland, Baltimore

Born in 1955 in California, USA
Studied Zoology at the University of California, Davis and Biology at the University of California, San Diego

SCHWERPUNKT

ARBEITSVORHABEN

Effects of Sex Chromosomes and Gene Duplications on the Evolution of Elaborate Traits in Flies

Sexual selection is a powerful evolutionary force that is widely recognized as causing dramatic morphological diversity among species. Extraordinary traits, such as elaborate plumage, dramatic coloration, or extreme modifications to the head, typically exhibit sexual dimorphism and are frequently associated with either male conflict or female preferences. These structures often differ conspicuously among males, but not females, of closely related species, suggesting that they can evolve rapidly. However, how such traits arise and subsequently become exaggerated is largely unknown.
Sexual dimorphism in head morphology is common in adult flies. Modification of the male head into elaborate and exaggerated structures, such as eyestalks, has evolved independently multiple times. Stalk-eyed flies in the family Diopsidae provide one of the most dramatic examples of this phenomenon. In males of some species, the elongation is so extreme that the length of the eyestalks exceeds the length of the body. Eyestalks play a critical role in the mating system by helping males win fights and by helping females select mates. Thus, these flies provide a model system for determining how elaborate traits evolve by sexual selection. Over the past few years colleagues and I have generated a large amount of genomic data on stalk-eyed flies that can now be used to locate genes and genomic regions that influence the development and evolution of this trait. During this fellowship I will work with colleagues to complete and annotate the genome assembly for one of these flies and then use the genomic data to determine the role of gene duplications and sex chromosomes in the evolution of this extraordinary morphological trait. In addition, I will evaluate the theoretical possibility that a genomic process, such as a duplication in a gene that influences sensory perception, could favor concordant duplications in genes that influence morphology. In addition to producing several papers on the genetics and development of these unusual flies, I also intend to write a review of how genomic factors, such as transposable elements and sex chromosome reversals, influence the evolution of exaggerated traits.

Recommended Reading

Baker, R. H., A. Narechania, P. Johns, and G. S. Wilkinson (2012). "Gene duplication, tissue-specific expression and sexual conflict in stalk-eyed flies (Diopsidae)." Philosophical Transactions of the Royal Society B 367: 2357-2375. doi:10.1098/rstb.2011.0287
Wilkinson, G. S. and P. R. Reillo (1994). "Female choice response to artificial selection on an exaggerated male trait in a stalk-eyed fly." Proceedings of the Royal Society of London B 255: 1-6.
Wilkinson, G. S. (1984). "Reciprocal food sharing in the vampire bat." Nature 308: 181-184.

DIENSTAGSKOLLOQUIUM, 08.04.2014

Warum sind Weibchen wählerisch? Die Lösung des Lek-Paradoxons anhand von Genomkonflikten

Bei vielen Tierarten versammeln sich die Männchen an traditionellen Orten (die man "Lek" nennt) und stellen aufwändige Ornamente in ritualisierten Balztänzen zur Schau, während die Weibchen sie beobachten, begutachten und sich schließlich mit einem extremen Exemplar paaren (das z. B. besonders leuchtende Farben zeigt, einen langen Anhang hat oder besonders lebhaft balzt). Danach verlassen die Weibchen den Balzplatz und ziehen ihre Jungen alleine auf. Diese Spezies zeigen im Tierreich den ausgeprägtesten Sexualdimorphismus. Warum sich die Weibchen weiterhin äußerst wählerisch verhalten, selbst wenn sie von einem Männchen nichts anderes als Sperma bekommen, nennt man das "Lek-Paradox". Das Paradox entsteht, weil eine kontinuierliche starke Selektion zugunsten der extremen Ausprägung eines bestimmten Merkmals über viele Generationen eigentlich dazu führen müsste, dass die genetische Variation für dieses Merkmal eliminiert wird - an diesem Punkt müssten alle Männchen genetisch gleichwertig sein. Zur historischen Einbettung des Paradoxons stelle ich zunächst die Auffassungen von Darwin und Wallace gegenüber. Beide waren vertraut mit den aufwändigen Ornamenten männlicher Vögel, die im Lek balzen, aber sie waren sich uneins darüber, wie die sexuelle Selektion die Existenz der Ornamente erklären könnte; überdies hatten sie ein lückenhaftes Verständnis von Genetik. Dann möchte ich erklären, inwiefern die meisten modernen Theorien der sexuellen Selektion auf einem Modell beruhen, das Fisher 1915 als Text formulierte. Zwar integrierte dieses Modell genetische Effekte implizit, aber es führt zu dem Paradox, das ich oben beschrieben habe.

Zur Lösung des Lek-Paradoxons wurden im Verlauf der letzten 30 Jahre mehrere alternative, aber einander nicht ausschließende Mechanismen vorgeschlagen. Ich möchte einige davon beschreiben und dann auf einige Details eines bestimmten Prozesses näher eingehen, den Drive der Geschlechtschromosomen. Diesen Drive kann man als fortwährenden Konflikt zwischen verschiedenen Chromosomentypen in den Zellen verstehen, die Spermien oder Eier produzieren. Ich möchte zeigen, wie ein solcher Konflikt zu Veränderungen im Genom führen kann, die die Expression eines männlichen Ornaments beeinflussen. Dazu ziehe ich die Ergebnisse von Experimenten an einer erstaunlichen Gruppe von Fliegen heran, den Stielaugenfliegen. Sie sind Modellorganismen für die Erforschung sexueller Selektion, einschließlich des Lek-Paradoxons.

Zum Schluss meines Vortrags möchte ich eine mögliche Erklärung dafür geben, warum einige Abstammungslinien von Fliegen und vielleicht auch von Vögeln oder von anderen Tieren eine spektakuläre Diversität aufwändiger Ornamente zeigen, während dies bei anderen Abstammungslinien nicht der Fall ist. Mein Vorschlag hat mit einem ganz anderen Konflikt zu tun: Nämlich dem zwischen Genom-Parasiten - auch als Transposons oder transposable Elemente bekannt - und ihren Wirten. Man nennt sie auch "springende Gene", wenn sie aktiv sind; sie haben die Fähigkeit, Genome schnell umzustrukturieren, die Genexpression zu modifizieren und etwas Neues zu schaffen. Die Verfügbarkeit der gesamten Gensequenz von verschiedenen Spezies sollte es bald möglich machen, diese Hypothese zu überprüfen.

PUBLIKATIONEN AUS DER FELLOWBIBLIOTHEK

Wilkinson, Gerald S. (London,2015)
Cancer across the tree of life : cooperation and cheating in multicellularity
https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1041108044

Wilkinson, Gerald S. (London,2015)
Cancer susceptibility and reproductive trade-offs : a model of the evolution of cancer defences
https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1040705332

Wilkinson, Gerald S. (2014)
Rapid evolution of asymmetric reproductive incompatibilities in stalk-eyed flies
https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1043277730

Wilkinson, Gerald S. (2014)
Meiotic drive impacts expression and evolution of x-linked genes in stalk-eyed flies
https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1041190182

Wilkinson, Gerald S. (Oxford,2014)
Haldane's rule is linked to extraordinary sex ratios and sperm length in stalk-eyed flies
https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1041187122

Wilkinson, Gerald S. (2014)
Social calls predict foraging success in big brown bats
https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1041182295

Wilkinson, Gerald S. (2013)
Cooperation and conflict in the Social lives of bats
https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=796538913

Wilkinson, Gerald S. (2013)
Sex-biased gene expression during head development in a sexually dimorphic stalk-eyed fly
https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=769119794

Wilkinson, Gerald S. (London,2013)
Food sharing in vampire bats: reciprocal help predicts donations more than relatedness or harassment
https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=769115187

Wilkinson, Gerald S. (London,2012)
Gene duplication, tissue-specific gene expression and sexual conflict in stalk-eyed flies (Diopsidae)
https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=769116418