



© privat

Madeleine Beekman, Dr.

Professor of Behavioural Ecology

Universität Sydney

Born in 1964 in Amsterdam

Studied Biology at the University of Amsterdam

ARBEITSVORHABEN

How Evolution Works - From Genes to Organisms and Back Again

The phrase "evolution through natural selection" seems to describe a concept that is easy to understand. Individuals that carry traits that give them an advantage over other individuals in the same population are more likely to survive and reproduce, thus passing on the beneficial trait. This simple concept became known as "survival of the fittest". Yet when one digs deeper, the concept becomes much more complex. In fact, philosophers of biology cannot agree on whether evolution through natural selection is actually a force whose effect can be measured, or simply a tautology. If we define individuals that survive and reproduce as those that are most fit, "fitness" becomes meaningless. At the same time, the field of molecular biology now allows us to look in the finest detail at the ways genes are expressed or not expressed. We can now ask what level of difference between individuals at the molecular level leads to meaningful differences at the organismal level.

During my fellowship at the Wissenschaftskolleg, I plan to (re-)connect molecular biology with whole-organism evolutionary biology. How does selection at the individual level result in changes at the molecular level and vice versa? How can we humans share the vast majority of our DNA with chimpanzees, yet be so different? Most likely, changes in a few key genes can have an enormous effect. Similarly, a single gene can code for multiple proteins, each with its own effect on phenotype. Expression of genes is influenced by a myriad of factors. Hence, two organisms can have the same gene, yet differ in the expression of that gene. What are the consequences of the absence of a germline (the separation between cells that become gametes and cells that build the body) in the vast majority of organisms? Can information possibly be transferred from protein to nucleic acid, or does the central dogma hold even without soma-germline separation?

I hope to address the above questions in a book aimed at a general audience.

Recommended Reading

Remnant, E. J., N. Mather, T. L. Gillard, B. Yagound, and M. Beekman (2019). "Direct transmission by injection affects competition among RNA viruses in honeybees." *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 286: 20182452. DOI: 10.1098/rspb.2018.2452.

Beekman, M., and L. A. Jordan (2017). "Does the field of animal personality provide any new insights for behavioural ecology?" *Behavioral Ecology* 28, 3: 617-623. DOI: 10.1093/beheco/arx022.

Christie, J. R., and M. Beekman (2017). "Uniparental Inheritance Promotes Adaptive Evolution in Cytoplasmic Genomes." *Molecular Biology and Evolution* 34, 3: 677-691. DOI: 10.1093/molbev/msw266.

Warum auch wir nur Affen sind - eine Geschichte der Evolution

Das erste Leben entstand vor 3,8 Milliarden Jahren. Die ersten Lebensformen bestanden aus einzelnen Zellen, wie wir sie heute noch finden können. Wie hat sich die enorme Vielfalt aus diesen ersten Zellen entwickelt?

Seit Charles Darwin und Alfred Russell Wallace wissen wir, dass sich neue Arten aus einem gemeinsamen Vorfahren entwickelt haben - durch eine langsame, aber stetige Akkumulation kleiner Veränderungen. Darwins und Wallaces Konzeption der Evolution durch natürliche Auslese ist im Kern einfach. Die durchschnittliche Anzahl der Nachkommen ist größer als die Zahl derer, die überleben und sich fortpflanzen können. Wenn Ressourcen wie Nahrung, Raum, die Anzahl der Paarungspartner nicht ständig zunehmen (ein unwahrscheinliches Szenario), müssen Organismen miteinander konkurrieren, um zu leben. Wenn Organismen Merkmale aufweisen, die ihnen einen Überlebens- und Fortpflanzungsvorteil gegenüber anderen verschaffen, haben sie bessere Chancen, mehr Nachkommen als andere zu haben.

Für Darwin und Wallace existierte das Konzept der Vererbung noch nicht. Aber sie wussten, dass Merkmale auf Nachkommen übertragbar sein müssen, wenn ihre Theorie funktionieren sollte. Heute wissen wir sehr viel über Vererbung: Wir kennen die Struktur der DNS; wir wissen auch, wie die DNS Proteine, die Bausteine der Organismen, codiert. Wir können die Genregulation untersuchen. Man kann sogar sein eigenes Genom für wenig Geld sequenzieren lassen. Aber verstehen wir den Evolutionsprozess als solchen besser? Wie wirken sich Veränderungen im Genom auf einen Organismus aus?

Diese Fragen beschäftigen mich seit Jahren. Wie funktioniert Evolution im Einzelnen? Auf diese große Frage gibt es keine einfache Antwort und man könnte sich schnell in Details verlieren. Darum untersuche ich exemplarisch die Evolution des Menschen. Unsere nächsten lebenden Vorfahren sind Schimpansen und Bonobos. Unser letzter gemeinsamer Vorfahr lebte vor 7 bis 5 Millionen Jahren - evolutionär gesehen eine sehr kurze Zeitspanne, in der sehr viel passierte. Im Unterschied zu Schimpansen haben Menschen sogar die Erde verlassen und das Weltall bereist (wobei es tatsächlich einen Schimpansen gab, der im Weltall war, allerdings unfreiwillig: Im Jahr 1961 umkreiste Enos als erster und einziger Schimpanse die Welt). Wir Menschen schaffen unsere eigene Umwelt und zerstören die Umwelt anderer Spezies. Wir dichten und machen Kunst. Welche Prozesse bewirkten die rasante evolutionäre Auseinanderentwicklung von Menschen und Schimpansen? Und warum ist unsere menschliche Spezies die Art, die überlebt hat, und nicht eine der vielen anderen menschlichen Spezies, die vor uns oder mit uns auf der Welt gelebt haben?

In meinem Kolloquium möchte ich einige Prozesse, die uns zu den Menschen gemacht haben, die wir heute sind, herausgreifen und näher beleuchten. Einige dieser Prozesse beruhen auf schlichter Genetik. Andere sind das Ergebnis des Zufalls oder Glücks. Ihr Zusammenspiel kann uns zeigen, wie der Evolutionsprozess funktioniert, und warum Veränderungen sehr schnell stattfinden können.

Beekman, Madeleine (London,2021)

Adaptive, caste-specific changes to recombination rates in a thelytokous honeybee population

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1761911430>

Beekman, Madeleine (Oxford [u.a.],2021)

Adaptation to vector-based transmission in a honeybee virus

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1758154705>

Beekman, Madeleine (Oxford,2020)

Paternally-biased gene expression follows kin-selected predictions in female honey bee embryos

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1726569039>

Beekman, Madeleine (London,2019)

Direct transmission by injection affects competition among RNA viruses in honeybees

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1724289799>

Beekman, Madeleine (Oxford,2017)

Uniparental inheritance promotes adaptive evolution in cytoplasmic genomes

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1724288865>

Beekman, Madeleine (Konstanz,2017)

Does the field of animal personality provide any new insights for behavioral ecology?

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=165563612X>

Beekman, Madeleine (London,2014)

A parent-of-origin effect on honeybee worker ovary size

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1725233037>

Beekman, Madeleine (Amsterdam [u.a.],2010)

Nature versus nurture in social insect caste differentiation

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=104621828X>

Beekman, Madeleine (Amsterdam [u.a.],2003)

Reproductive conflicts in social animals : who has the power?

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=869445561>

Beekman, Madeleine (London,2003)

Power over reproduction in social Hymenoptera

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=771357559>