



© privat

Britt Koskella, Ph.D.

Associate Professor of Integrative Biology

University of California, Berkeley

Born in 1980 in Stuttgart, Germany
Studied Biology at the University of Virginia and Ecology and Evolution at Indiana University

ARBEITSVORHABEN

Adaptation of Microbial Communities: When Some of the Parts Rely on the Sum of the Parts

Microbiomes (the microorganisms living in/on eukaryotes) critically shape the evolution, ecology, and disease epidemiology of host populations, influencing everything from disease susceptibility, to metabolism and growth, to an organism's ability to adapt to human-mediated change. The advent of "next-generation" sequencing has offered unprecedented insight into the complex and dynamic nature of microbiomes, but we still understand little of how these diverse, multi-kingdom communities function. Much like actors in a play, protists, bacteria, fungi, and viruses all interact in ways that can benefit themselves directly, but also benefit other members of their community, including the host. In this way natural selection, which we typically think of as acting on individual organisms, can act on the level of the "holobiont" (the host and its microbiome). For such selection to result in (co)evolution (whereby each species influences the evolution of the other via imposed reciprocal selection pressure), host-microbiome associations must remain relatively stable over time, and there is to date very limited evidence that this is the case. During my fellowship, I plan to synthesize the history of multi-level selection in evolutionary theory and to use this synthesis to bring together recent data from across systems with the goal of identifying when and how we might predict selection on host-microbiome interactions to result in (co)evolutionary change.

Recommended Reading

Koskella, Britt, Lindsay J. Hall, and C. Jessica E. Metcalf (2017). "The Microbiome beyond the Horizon of Ecological and Evolutionary Theory." *Nature Ecology & Evolution* 1, no 11: 1606-1615. <https://doi.org/10.1038/s41559-017-0340-2>.
Koskella, Britt, and Joy Bergelson (2020). "The Study of Host-Microbiome (Co)Evolution across Levels of Selection." *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 375, no. 1808: 20190604. <https://doi.org/10.1098/rstb.2019.0604>.
Morella, Norma M., Francis Chen-Hsuan Weng, Pierre M. Joubert, C. Jessica E. Metcalf, Steven Lindow, and Britt Koskella (2020). "Successive Passaging of a Plant-Associated Microbiome Reveals Robust Habitat and Host Genotype-Dependent Selection." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 117, no. 2: 1148-1159. <https://doi.org/10.1073/pnas.1908600116>.

Die Evolution des Wirts und seines Mikrobioms

Derzeit werden die Biologielehrbücher umfassend überarbeitet, da unser Verständnis für die entscheidende Bedeutung wächst, die den in Wirten lebenden Mikrobiomen (das sind die Gemeinschaften von Mikroorganismen, die in und auf Eukaryoten leben) für die Physiologie, Gesundheit, Ökologie und Evolution eukaryotischer Organismen auf diesem Planeten zukommt. Daraus folgt, dass es auch ein großes Interesse an der Erforschung der Frage gibt, ob, wann und wie wir uns die bestehenden Interaktionen zwischen Wirt und Mikrobiom zunutze machen oder neue entwickeln können, um die menschliche Gesundheit und nachhaltige Landwirtschaft zu verbessern und Naturschutzbemühungen zu verstärken. Der Schlüssel dazu ist allerdings, Grundwissen darüber zu gewinnen, wie diese Gemeinschaften entstehen und funktionieren. Daher sollten wir fragen: 1. Welche Spezies gehören zum Mikrobiom und welche nicht (d. h. wo fängt es an und wo hört es auf)? 2. Wie funktioniert die natürliche Auslese, dass problematische Mikroben effizient eliminiert werden können und das Wachstum von nützlichen ermöglicht wird (d. h. woher "Wissen" wir, wer gut ist)? 3. Gibt es ein optimales Maß an Vielfalt mit Blick auf die Gesundheit und Fitness des Wirtsorganismus (d. h. wie viel ist genug)? Und schließlich 4. Wie haben sich Wirte und ihre Mikrobiome in ihrer Evolution gegenseitig beeinflusst und tun dies weiterhin?

Viele Forscherinnen und Forscher in diesem Bereich fordern eine neue Evolutionstheorie, um diese komplexen Interaktionen so zu parametrisieren, dass wir ihre Dynamik vorhersagen – und letztlich kontrollieren – können. Derzeit wird eine lebhafte Debatte darüber geführt, ob wir für unser Verständnis der Evolutionsprinzipien einen neuen Ansatz finden müssen, um dem "Holobionten" (d. h. dem Wirt und sein Mikrobiom) gerecht zu werden. In der Tat gibt es einen Vorstoß, den Holobionten als sinnvolle Einheit für die natürliche Auslese im Zuge der evolutionären Anpassung zu betrachten und die Gene des Wirts und die aller Mikroben in und auf uns als ein "Hologenom" zu verstehen. Doch diese scheinbar elegante Lösung hat (mindestens) zwei entscheidende Probleme: Erstens ignoriert sie einige Jahrzehnte der Forschung zur Multilevel-Selektion, die durchaus genügen könnten, um die Interaktionen zwischen Wirt und Mikrobiom zu erklären, und zweitens beruht sie auf Annahmen, die in der Regel ungenau oder undefiniert und in biologischer Hinsicht oft unrealistisch sind. Daher könnte die Einführung eines neuen evolutionstheoretischen Rahmens (und Wortschatzes) für das Mikrobiom in der Tat mehr schaden als nützen, wenn sich das Forschungsfeld weiterentwickelt.

In meinem Vortrag möchte ich untersuchen, wie sich das Ergebnis der Auslese, der Gene in verschiedenen Genomen gleichzeitig unterliegen (z. B. die Gene mehrerer Arten innerhalb eines Mikrobioms oder mikrobielle Gene und die des Wirtsgenoms), zu der klassischen natürlichen Auslese verhält, die auf Gene innerhalb desselben Genoms einwirkt. Ich führe Sie (noch einmal) in die Grundprinzipien der Evolution durch natürliche Auslese ein, um Hypothesen darüber aufzustellen, wie die Vielfalt unter den Genomen optimiert wird, und frage, ob ähnliche Mechanismen die Vielfalt des gesamten Mikrobioms erklären könnten. Dabei stelle ich Aspekte bestehender Theorien vor (z. B. die Multilevel-Selektion), die funktionieren, und solche, die möglicherweise nicht funktionieren, und überlege, ob und wofür die Einführung einer neuen Terminologie auf diesem Gebiet gerechtfertigt ist. Anhand aktueller Ergebnisse aus meiner eigenen Forschung möchte ich erläutern, wie diese Wechselwirkungen derzeit untersucht werden und an welchen Punkten dieses Forschungsgebiet hoffentlich einen Beitrag zur menschlichen Gesundheit, zur Nachhaltigkeit in der Landwirtschaft und zum Funktionieren der Ökosysteme leisten kann.

Koskella, Britt (Washington, DC,2020)

Successive passaging of a plant-associated microbiome reveals robust habitat and host genotype-dependent selection
<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1764087569>

Koskella, Britt (London,2017)

The microbiome beyond the horizon of ecological and evolutionary theory
<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1764086554>

Koskella, Britt (2013)

The origin of specificity by means of natural selection : evolved and nonhost resistance in host-pathogen interactions
<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=104328205X>

Koskella, Britt (2009)

Evidence for negative frequency-dependent selection during experimental coevolution of a freshwater snail and a sterilizing trematode
<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=757170277>

Koskella, Britt (2007)

Advice of the rose : experimental coevolution of a trematode parasite and its snail host
<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=75717065X>