



## Felix Breden, Ph.D.

Professor of Biological Sciences

Simon Fraser University, Burnaby

Born in 1952 in Evanston, Illinois

Studied Zoology and Mathematics at the University of South Florida and the University of Georgia, and Biology at the University of Chicago

SCHWERPUNKT

© privat

---

# Effects of Gene Duplication on the Evolution of Exaggerated Traits in Sender/Receiver and Immune Systems

One of the focus questions for our group is the role of gene duplication and other elements of genetic architecture (e.g., linkage of these genes to sex chromosomes versus autosomes, or the size of the effect of each gene on the resulting phenotype) on the expression and perception of exaggerated traits. As in so many fields of modern biology, these questions are being revolutionized by the deluge of genomic data being produced for both model and non-model organisms. I will apply this revolutionary ability to study the genomics of exaggerated traits to two complementary systems:

First, in guppies and closely related species, genes for male coloration are highly duplicated on sex chromosomes, and genes for perceiving this coloration (opsins) have duplicated and differentiated in the most colorful lineages. I hypothesize that "runaway selection" for the duplication of coloration genes and duplication of sensory genes has driven diversification in these species in a self-reinforcing feedback loop. Using the comparative method I will look for a correlation between gene copy number underlying these two types of traits. This idea of reciprocal gene duplication in co-evolving signal/receiver systems may drive a rapid expansion of gene families in other systems, such as olfactory receptors and the desaturases that modify chemosensory chemicals, and sperm-binding proteins and the receptors that bind these on egg membranes.

Second, jawed vertebrates respond to the diversity of pathogens they encounter by producing an almost limitless antibody repertoire, based on three expanded gene families. I will explore the effect of gene duplication on the expansion of the highly exaggerated antibody repertoire and the contradictory effects that pathogen recognition versus recognition of self and autoimmunity has had on the evolution of these gene families.

The study of these two systems will be complementary in that in both cases the organism must sense and adapt to rapidly changing environmental constraints, and then these adaptive genomic changes select for further diversification in the environmental pressures.

## Recommended Reading

Watson, C. T. and F. Breden (2012). "The immunoglobulin heavy chain locus: genetic variation, missing data, and implications for human disease." *Genes and Immunity* 13: 363-373.

Sandkam, B. A., J. B. Joy, C. T. Watson, P. Gonzalez-Bendiksen, C. R. Gabor, and F. Breden (2012). "Hybridization leads to sensory repertoire expansion in a gynogenetic fish, the Amazon Molly (*Poecilia formosa*): a test of the hybrid-sensory expansion hypothesis." *Evolution* 67, 1: 120-130.

doi:10.1111/j.1558-5646.2012.01779.x.

Hoffmann, M., N. Tripathi, S. R. Henz, A. K. Lindholm, D. Weigel, F. Breden, and C. Dreyer (2007). "Opsin gene duplication and diversification in the guppy, a model for sexual selection." *Proceedings of the Royal Society of London, Series B*, 274: 33-42.

## Hybris im postgenomischen Zeitalter

Mit den neuen Sequenzierungstechniken, die alle paar Jahre entwickelt werden, ist auf dem Feld der Genomforschung viel erreicht worden. Allerdings ging die Entwicklung dieser neuen Verfahren mit sehr starken Versprechen einher (etwa "Ihr persönliches Genom für 1000 Dollar" und der Vorstellung, dass die Genomsequenz eines Menschen ein Gutteil seiner Anfälligkeit für bestimmte Krankheiten festlegt) und in einigen Fällen haben diese übertrieben ehrgeizigen Versprechen vielleicht eher eine Behinderung des Fortschritts bewirkt. In meinem Vortrag möchte ich mich auf die eher technischen Aspekte bei der genauen Genombestimmung eines Organismus - ein sehr schwieriges Unterfangen - konzentrieren. Zunächst möchte ich mit Ihnen etwas Genetik wiederholen und den Ansatz der Hochdurchsatz-Sequenzierung erklären. Dann möchte ich zwei genetische Studien aus meinem Labor erörtern; bei diesen Studien war die genetische Struktur der fraglichen Merkmale nur mit Schwierigkeiten anhand von Hochdurchsatz-Sequenzierungen zu klären.

Das erste Beispiel kommt aus der Immunologie und bezieht sich auf das Immunsystem des Menschen. Organismen sind einem anscheinend unüberschaubaren Spektrum von Pathogenen ausgesetzt (also Viren und Bakterien) und man kann unmöglich vorhersagen, welche neuen Bedrohungen als nächstes auftreten. Im Verlauf der Evolution haben die Wirbeltiere ein anpassungsfähiges Immunsystem entwickelt, um ein riesiges Spektrum an Molekülen produzieren zu können, die diese Pathogene erkennen und beseitigen. Doch die komplizierte Struktur der Gene, in denen das anpassungsfähige Immunsystem kodiert ist, stellt für die Hochdurchsatz-Sequenzierungstechnik eine Schwierigkeit dar, wenn man die Unterschiede zwischen Individuen messen will. Daher sind wir bisher nicht in der Lage, die Verbindungen zwischen diesen Genen und der Krankheitsanfälligkeit im Einzelnen zu untersuchen - was eines der Hauptziele der Erforschung des menschlichen Genoms ist. Das zweite Beispiel hat mit der Evolution des Sehsystems von Fischen zu tun. Wie beim Beispiel der Antikörper gibt es in diesem System einander sehr ähnliche und duplizierte Gene, die sich mit den üblichen Herangehensweisen der Genomforschung nur schwer entschlüsseln lassen.

Zum Schluss möchte ich einige Vorschläge machen, wie man gegen die Tendenz angehen könnte, die Komplikationen der Genetik zu ignorieren, auch im postgenomischen Zeitalter.

---

### PUBLIKATIONEN AUS DER FELLOWBIBLIOTHEK

Breden, Felix (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>

Breden, Felix (2013)

Hybridization leads to sensory repertoire expansion in a gynogenetic fish, the Amazon molly (*poecilia formosa*): a test of the hybrid-sensory expansion hypothesis

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=751895970>

Breden, Felix (2012)

The immunoglobulin heavy chain locus : genetic variation, missing data, and implications for human disease

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=751895024>

Breden, Felix (2007)

Opsin gene duplication and diversification in the guppy, a model for sexual selection

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=751896713>

Breden, Felix (2002)

Sex chromosomes and sexual selection in poeciliid fishes

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=751897167>