



Wayne Paul Maddison, Ph.D.

Professor und Canada Research Chair in Zoologie und Botanik

University of British Columbia, Vancouver

Born in 1958 in London, Canada

Studied Zoology and Biology at the University of Toronto and at Harvard University and Phylogenetic Theory at the University of California, Berkeley

SCHWERPUNKT

ARBEITSVORHABEN

Die Interpretation des Evolutionsprozesses mit Hilfe der phylogenetischen Geschichte

Underlying the diversification of life are processes on all scales, from the molecular - mutations affecting molecular and cellular function - to the ecological - population and community interactions directing natural selection and species evolution. These processes leave their imprints on which gene lineages survive both individually and as composed into genomes and species. The broad history of genetic descent, phylogeny, therefore contains clues about the biological processes on all levels of organization that generate diversity. I will continue to develop new perspectives and methods using phylogeny to interpret evolutionary

process. Three specific issues are the planned focus of my work in 2006/07: 1) How do we incorporate historical uncertainty into our interpretations about process? Bayesian methods can do this, but at the same time may yield biased results. How serious is this bias, and can we overcome it? 2) Functional relationships among characteristics can be revealed by phylogenetic correlations. Existing correlation methods have various flaws; I will work to improve them and develop new methods. 3) A relatively new approach, stochastic character mapping, holds promise to reveal patterns of differential speciation and character correlation. I will explore the applications of this approach.

Recommended Reading

Maddison, Wayne Paul. "A method for testing the correlated evolution of two binary characters: Are gains or losses concentrated on certain branches of a phylogenetic tree?" *Evolution* 44 (1990): 539-557.

- "Gene trees in species trees." *Systematic Biology* 46 (1997): 523-536.

Maddison, W. P. and D. R. Maddison. "Mesquite: A modular system for evolutionary analysis." 2005. Version 1.06. <http://mesquiteproject.org>.

KOLLOQUIUM, 12.12.2006

Lektionen der Evolutionsgeschichte

Unsere Haupterzählung: Der Baum

Genetisch betrachtet stammen wir von der Generation unserer Eltern ab, diese wiederum von ihren Eltern usw. Wenn wir uns die Weitergabe der Gene als Fäden vorstellen, die die Generationen miteinander verbinden, dann ist der menschliche Stammbaum wie ein riesiges geflochtenes Seil, das weit in die Zeit zurückreicht: Populationen

können sich für eine Weile trennen, jedoch haben über die Zeiten genug Migrationsfäden das Seil als ganzes zusammengehalten. Blicken wir jedoch weit genug in die Zeit zurück, erkennen wir, dass das genetische Seil in der Vergangenheit aufgespalten wurde. Das "Seil" unserer Vorfäter teilte sich in zwei, als sich die Neanderthaler abspalteten und ihren eigenen Weg gingen; davor hatten sich bereits andere Hominiden abgetrennt und waren auseinandergespalten. Davor wiederum hat sich die Familie der Schimpansen abgespalten und davor die Familie der Gorillas. Dieser Aufspaltungsprozess eines Stranges der genetischen Herkunft - die Stammbäume einer Art - in zwei wird Speziation oder Artbildung genannt. Während der Evolution wiederholte sich diese Trennung mehrfach, so dass es zu dem weit verzweigten Baum der genetischen Abstammung kam, den wir den evolutionären "Baum des Lebens" nennen. Wir Menschen sind ein "Blatt" dieses Baumes, der alles, von Bakterien über Rosen bis zu uns selbst, umfasst.

Dieser evolutionäre Baum, auch "Phylogenie" genannt, ist die vorherrschende Erzählung in unserem Bericht der Evolutionsgeschichte. Seit mehr als 150 Jahren versuchen wir diesen Baum zu rekonstruieren, um herauszufinden, welche Arten auf benachbarten Ästen sind. Es ist keine einfache Aufgabe, da wir die Echos einer genetischen Geschichte von Jahrtausenden hören müssen. Einige von uns waren überrascht, als wir vor kurzem herausfanden, dass wir den Baum recht genau rekonstruieren können. Gleichzeitig setzte sich in der Biologie die Erkenntnis durch, dass diese genetische Tiefengeschichte von entscheidender Bedeutung für die Erklärung ist, warum Arten so sind, wie sie sind. Geschichte - Phylogenetik - ist ein großes Geschäft in der Biologie.

Die Kunst der Natur

Wie kann Phylogenie zum Verständnis evolutionärer Muster beitragen? Um dies zu veranschaulichen, beziehe ich mich auf eine Gruppe von Spinnen. Männliche Springspinnen führen Werbungstänze vor den Weibchen auf: diese Tänze sind manchmal kunstvoll und farbig oder von Gesang begleitet. Die Untersuchung vieler Arten zeigt, dass einige Elemente des Tanzes sich mehrfach auf die gleiche Weise entwickelten. Die Phylogenie liefert einen wichtigen Beleg für diese Schlussfolgerung: Treten ähnliche Elemente auf weit voneinander entfernten "Blättern" des phylogenetischen Baumes auf, so ist das ein Zeichen dafür, dass sich diese ähnlichen Elemente selbständig entwickelten. Also können wir anhand der Phylogenie feststellen, wie viele Replikationen es in den evolutionären Experimenten der Natur gab.

Ich möchte auch Schönheit in der Natur betrachten und der Frage nachgehen, ob die Tänze der männlichen Spinnen uns vertrauter sind, als wir vielleicht glauben.

Lektionen der Geschichte

Wenn wir in der Lage sind, mit Hilfe der Phylogenie die Replikationen bei den Experimenten der Natur aufzudecken, können wir dann wiederum mit Phylogenie Statistik betreiben? Die Arten haben beobacht- und messbare Charakteristika - viele Käferarten fressen Pflanzen, einige Pflanzenarten pflanzen sich asexuell fort usw. Eine Richtung der Evolutionsbiologie stellt beispielsweise folgende Fragen: Neigen Pflanzenarten, die sich schnell und aggressiv ausbreiten (d.h. Unkräuter) auch dazu, sich asexuell fortzupflanzen? Teilen sich pflanzenfressende Käferarten tendenziell schneller in mehrere Arten als fleischfressende? Diese Fragen rufen nach Verallgemeinerungen und Wechselbeziehungen, sie sind von Interesse, weil sie allgemeine, durchgängig in der biologischen Evolution wirkende Kräfte aufdecken. Da sie sich replizierende Ereignisse aufzeigt, kann die Phylogenie die Antwort darauf geben, ob eine vermutete Kraft allgemeiner Natur ist.

Die Diversifikationsquote ist eine Bilanz von Artbildung (Addieren neuer Arten) und Artensterben (Subtraktion von Arten). Wir Biologen möchten wissen, ob die Wahrscheinlichkeit zur Artbildung oder zum Artensterben von den Merkmalen einer Art gesteuert wird. Folglich können wir ein einfaches Modell konstruieren, welches die Wahrscheinlichkeit angibt, ob eine Art mit Merkmal 0 innerhalb eines bestimmten Zeitintervalls aussterben oder sich als Art bilden wird, ebenso für Arten mit Merkmal 1. Das Modell gibt außerdem die Wahrscheinlichkeit an, ob sich eine Art von Status 0 zu 1 bzw. 1 zu 0 verändern wird. Es ist vorstellbar, dieses Modell zu nutzen, um einen Evolutionsbaum mit Artbildung, Artensterben und Merkmalsveränderungen zu simulieren. Dann können wir die Simulationen mit den Beobachtungen vergleichen. Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, dass mit Hilfe des Modells ein phylogenetischer Baum erstellt werden kann, der dem tatsächlich beobachteten (oder besser gesagt, dem rekonstruierten) vergleichbar ist? Wir bevorzugen immer jenes Modell, mit dem wir mit größerer Wahrscheinlichkeit den beobachteten Baum vorhersagen können. So schätzen wir die "maximale Wahrscheinlichkeit" (maximum likelihood estimation).

Wir haben (zum ersten Mal, die Arbeit wurde hier am Wiko fertiggestellt) Methoden entwickelt, um diese Wahrscheinlichkeit zu berechnen, und damit ein Mittel, um die Auswirkungen eines Merkmals auf die Häufigkeit der Artbildung und des Artensterbens zu schätzen. Manch einer wird fragen, was es bringt, ein sehr vereinfachtes Modell zu entwickeln, da der Evolutionsprozess von deutlich mehr als einem Steuerungsmerkmal gekennzeichnet ist. Eine Antwort ist optimistisch: vielleicht haben wir Glück und stoßen auf ein Merkmal, das eine dominierende Wirkung hat. Eine andere Antwort ist heuristisch: Durch eine bestimmte Berechnung werden die Unzulänglichkeiten des einfachen Modells aufgedeckt und somit wird deutlich gemacht, dass mehr Faktoren einbezogen werden müssen. Und eine weitere Antwort ist subversiv: vielleicht wird durch die Theorie ein neues Prinzip der Ungewissheit aufgedeckt, nämlich dass wir die Fragen, auf die wir Antworten suchen, prinzipiell nicht beantworten können. Auch wenn die Idee eines Umsturzes verführerisch gewesen wäre, legen unsere ersten Untersuchungen nahe, dass Parameter geschätzt werden können und dass es also kein einfaches Prinzip der Ungewissheit gibt.

Der Rahmen des Fensters

Sowohl zum Datensammeln (DNA-Sequenzierung) als auch für die Analyse (hochentwickelte Rechnungen) werden in der phylogenetischen Biologie seit kurzem Technologien angewendet. Da die Hypothesen zwar eine bestimmte beschränkte Form haben (ein Baum), aber auch variabel und komplex sind, hat sich gezeigt, dass bildliche Darstellungen im Computer für uns Biologen wichtig sind, um die Implikationen unserer Daten zu untersuchen. Diese Implikationen leiten sich aus bestimmten Methoden und Vermutungen ab, die, wenn auch anfangs akzeptiert, so doch letztendlich bezweifelt werden dürften. Aber "Sehen ist Glauben", und viele Biologen haben die bildlichen Darstellungen im Computer zu unkritisch als die Wahrheit akzeptiert. Ein Werkzeug, von dem wir hofften, es würde die Fantasie beflügeln, ist zu seiner Beschränkung geworden. Wir arbeiten daran, diese Beschränkungen zu überwinden, wenn auch mit begrenztem Erfolg.

PUBLIKATIONEN AUS DER FELLOWBIBLIOTHEK

Maddison, Wayne Paul (San Francisco, California, 2008)

Converting endangered species categories to probabilities of extinction for phylogenetic conservation prioritization

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1726094855>

Maddison, Wayne Paul (2007)

A basal phylogenetic placement for the salticid spider *Eupoa*, with descriptions of two new species (Araneae: Salticidae)

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1047194279>

Maddison, Wayne Paul (2007)

Estimating a binary character's effect on speciation and extinction

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=1043339396>

Maddison, Wayne Paul (2007)

The phylogeny of the social *Anelosimus* spiders (Araneae: Theridiidae) inferred from six molecular loci and morphology

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=776789341>

Maddison, Wayne Paul (2006)

A new independently derived social spider with explosive colony proliferation and a female size dimorphism

<https://kxp.k10plus.de/DB=9.663/PPNSET?PPN=776783696>