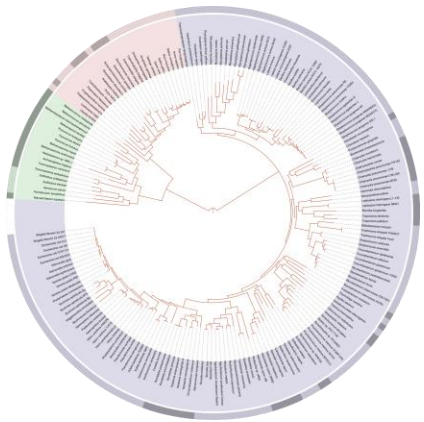


Evoluutiotutkimus nyt

Heikki Helanterä
Evoluutiobiologian ja genomiikan professori

Oulun yliopisto
Ekologian ja genetiikan tutkimusyksikkö



Evoluutioteorian lyhyt historia

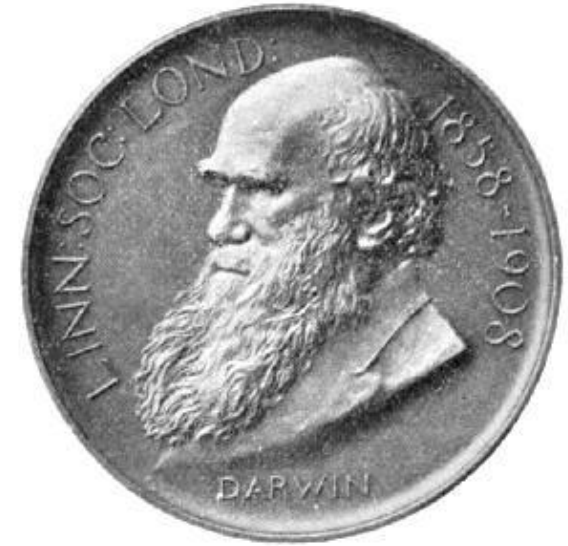
Antiikin filosofit, Cuvier, Lamarck, brittiläiset luonnonteologit

Darwin & Wallace: luonnonvalinnan teoria

Populaatiogeneettinen teoria: mendelismi, biometriikka, Darwinin ja Wallacen teoria

Moderni synteesi: ekologia ja evoluutio, lajiutuminen, paleontologia, botaniikka

Sukulaisvalinnan teoria, käyttäytymisekologian teorit: merkitystä sikäli että kiteytti yksilötason keskeisyyden ja ennusteita luovan teorian merkityksen



DARWIN-WALLACE MEDAL.
1st July, 1908.

Evoluutioteorian lyhyt historia

1859: Darwin & Wallace: luonnonvalinnan teoria

1920-luku: Populaatiogeneettinen teoria: mendelismi, biometriikka, Darwinin ja Wallacen teoria

1930-40 -luvut: Moderni synteesi - ekologia ja evoluutio, lajiutuminen, paleontologia, botaniikka

1960-70 -luvut: Sukulaisvalinnan teoria, käyttäytymisekologian teorit: merkitystä sikäli että kiteytti yksilötason keskeisyyden ja ennusteita luovan teorian merkityksen

1950-luku: DNA:n ”löytäminen”

1960-luku: entsyymielektroforeesi

1977: Sanger-sekvensointi

2000-luku: Modernit sekvensointimenetelmät

Darwinin & Wallacen teorian ydin: Sopeuttava evoluutio luonnonvalinnan kautta

Populaatioissa on muuntelua: yksilöiden välillä on eroja, jotka vaikuttavat niiden lisääntymismenestykseen

Populaatiot eivät voi kasvaa rajatta, joten yksilöt kilpailevat keskenään edustuksesta tulevaisuuden sukupolvissa

Yksilöiden väliset erot periytyvät

→ Lisääntymiskilpailussa hyödylliset ominaisuudet yleistyvät ja näin populaatio ajan myötä sopeutuu ympäristöönsä yhä paremmin

→ Sopeumien perusta on yksilöiden suhteellinen lisääntymismenestys, ei populaation tai lajin selviytyminen

Darwinin & Wallacen teorian käsitteellinen merkitys

Yhtäältä koko eliökunnan yhteinen
alkuperä ja polveutuminen

Toisaalta ”miksi”-selitykset jotka ovat
mekanistisen tieteellisen maailmankuvan
piirissä (vrt. luonnonteologit)

Kattoteoria:

”Nothing in biology makes sense, except in
the light of evolution”

Theodosius Dobzhansky



Luonnonvalinta: millaiset fenotyypit menestyvät missäkin oloissa ja miksi

**Populaatiogenetiikka,
evoluutiivinen genetiikka,
kvantitatiivinen
(jalostus)genetiikka**

**Evoluutiivinen ekologia,
luonnonhistoria**

**Genotyypit: minkälainen
geenipooli valinnan jäljiltä
siirtyy seuraavaan
sukupolveen**

**Fenotyypit: minkälainen
jakauma fenotyyppejä
geenipoolista syntyy ja
kehittyy**

**Molekyyli­genetiikka, kvantitatiivinen
(jalostus)genetiikka, kehitysbiologia:
miten geenit ja ympäristö tuottavat
yksilön ominaisuuksineen**

Luonnonvalinta: millaiset fenotyypit menestyvät missäkin oloissa ja miksi

Genomisekvenssit ja laskentatehon kehitys

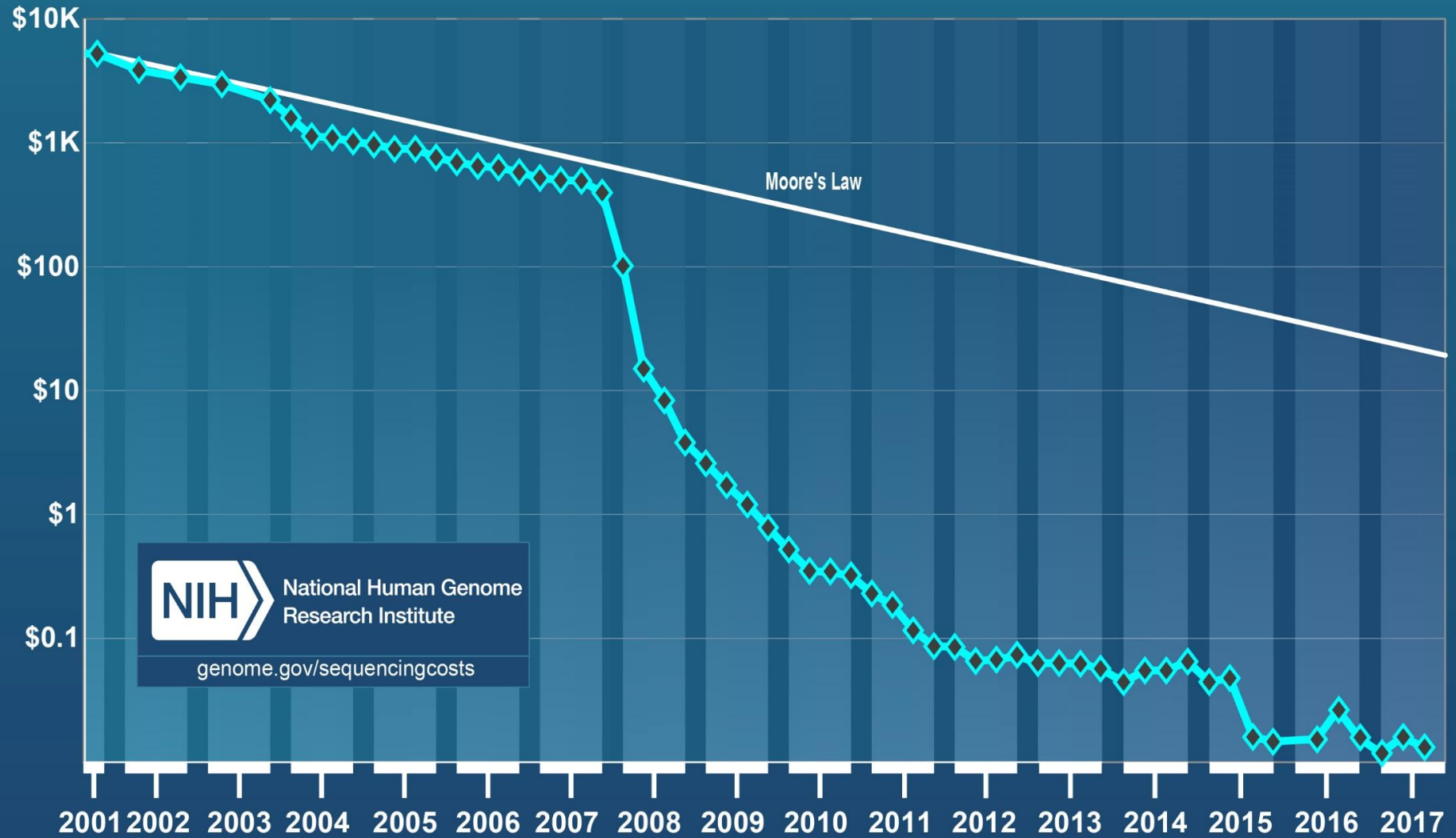
Teoreettiset työkalut, kokeellinen evoluutio, vertaileva fylogeneettinen tutkimus, big data

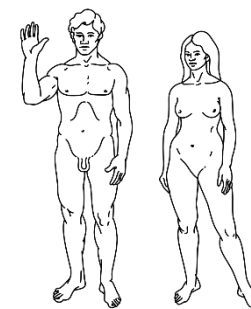
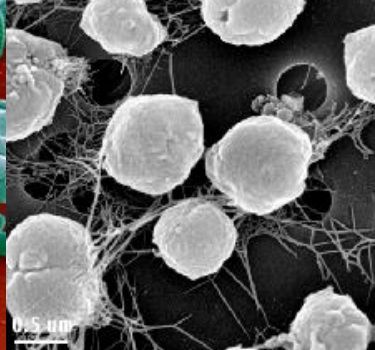
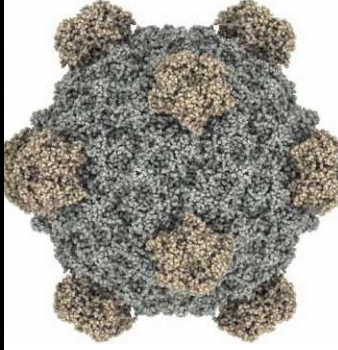
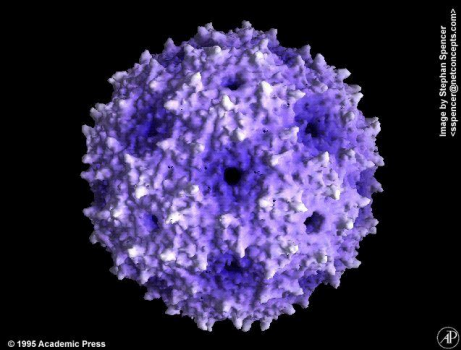
Genotyypit: minkälainen geenipooli valinnan jäljiltä siirtyy seuraavaan sukupolveen

Fenotyypit: minkälainen jakauma fenotyyppejä geenipoolista syntyy ja kehittyy

Geeniteknologia, genomikartoituksen menetelmät, epigenetiikan tutkimus

Cost per Raw Megabase of DNA Sequence





Genomisekvensoinnin lyhyt historia:

1976: faagit MS2 (RNA) ja PhiX174 (DNA)

**1995: *Haemophilus influenzae* (bakteeri),
Methanococcus jannaschii (arkki)**

1996: *Saccharomyces cerevisiae* (eukaryootti)

**2001: Human genome project ”valmistui”
(3 miljardia \$, 13 vuotta, 20 tutkimuslaitosta)**

2000

THE *DROSOPHILA* GENOME
REVIEW

The Genome Sequence of *Drosophila melanogaster*

Mark D. Adams,^{1*} Susan E. Celniker,² Robert A. Holt,¹ Cheryl A. Evans,¹ Jeannine D. Gocayne,¹ Peter G. Amanatides,¹ Steven E. Scherer,³ Peter W. Li,¹ Roger A. Hoskins,² Richard F. Galle,² Reed A. George,² Suzanna E. Lewis,⁴ Stephen Richards,² Michael Ashburner,⁵ Scott N. Henderson,¹ Granger G. Sutton,¹ Jennifer R. Wortman,¹ Mark D. Yandell,¹ Qing Zhang,¹ Lin X. Chen,¹ Rhonda C. Brandon,¹ Yu-Hui C. Rogers,¹ Robert G. Blazej,² Mark Champe,² Barret D. Pfeiffer,² Kenneth H. Wan,² Clare Doyle,² Evan G. Baxter,² Gregg Helt,⁶ Catherine R. Nelson,⁴ George L. Gabor Miklos,⁷ Josep F. Abril,⁸ Anna Agbayani,² Hui-Jin An,¹ Cynthia Andrews-Pfannkoch,¹ Danita Baldwin,¹ Richard M. Ballew,¹ Anand Basu,¹ James Baxendale,¹ Leyla Bayraktaroglu,⁹ Ellen M. Beasley,¹ Karen Y. Beeson,¹ P. V. Benos,¹⁰ Benjamin P. Berman,² Deepali Bhandari,¹ Slava Bolshakov,¹¹ Dana Borkova,¹² Michael R. Botchan,¹³ John Bouck,³ Peter Brokstein,⁴ Phillipe Brottier,¹⁴ Kenneth C. Burtis,¹⁵ Dana A. Busam,¹ Heather Butler,¹⁶ Edouard Cadieu,¹⁷ Angela Center,¹ Ishwar Chandra,¹ J. Michael Cherry,¹⁸ Simon Cawley,¹⁹ Carl Dahlke,¹ Lionel B. Davenport,¹ Peter Davies,¹ Beatriz de Pablos,²⁰ Arthur Delcher,¹ Zuoming Deng,¹ Anne Deslattes Mays,¹ Ian Dew,¹ Suzanne M. Dietz,¹ Kristina Dodson,¹ Lisa E. Doup,¹ Michael Downes,²¹ Shannon Dugan-Rocha,³ Boris C. Dunkov,²² Patrick Dunn,¹ Kenneth J. Durbin,³ Carlos C. Evangelista,¹ Concepcion Ferraz,²³ Steven Ferreira,¹ Wolfgang Fleischmann,⁵ Carl Fosler,¹ Andrei E. Gabrielian,¹ Neha S. Garg,¹ William M. Gelbart,⁹ Ken Glasser,¹ Anna Glodek,¹ Fangcheng Gong,¹ J. Harley Gorrell,³ Zhiping Gu,¹ Ping Guan,¹ Michael Harris,¹ Nomi L. Harris,² Damon Harvey,⁴ Thomas J. Heiman,¹ Judith R. Hernandez,³ Jarrett Houck,¹ Damon Hostin,¹ Kathryn A. Houston,² Timothy J. Howland,¹ Ming-Hui Wei,¹ Chinyere Ibegwam,¹ Mena Jalali,¹ Francis Kalush,¹ Gary H. Karpén,²¹ Zhaoxi Ke,¹ James A. Kennison,²⁴ Karen A. Ketchum,¹ Bruce E. Kimmel,² Chinnappa D. Kodira,¹ Cheryl Kraft,¹ Saul Kravitz,¹ David Kulp,⁶ Zhongwu Lai,¹ Paul Lasko,²⁵ Yiding Lei,¹ Alexander A. Levitsky,¹ Jiayin Li,¹ Zhenya Li,¹ Yong Liang,¹ Xiaoying Lin,²⁶ Xiangjun Liu,¹ Bettina Mattei,¹ Tina C. McIntosh,¹ Michael P. McLeod,³ Duncan McPherson,¹ Gennady Merkulov,¹ Natalia V. Milshina,¹ Clark Mobarry,¹ Joe Morris,⁶ Ali Moshrefi,² Stephen M. Mount,²⁷ Mee Moy,¹ Brian Murphy,¹ Lee Murphy,²⁸ Donna M. Muzny,³ David L. Nelson,³ David R. Nelson,²⁹ Keith A. Nelson,¹ Katherine Nixon,² Deborah R. Nusskern,¹ Joanne M. Pacleb,² Michael Palazzolo,² Gjange S. Pittman,¹ Sue Pan,¹ John Pollard,¹ Vinita Puri,¹ Martin G. Reese,⁴ Knut Reinert,¹ Karin Remington,¹ Robert D. C. Saunders,³⁰ Frederick Scheeler,¹ Hua Shen,³ Bixiang Christopher Shue,¹ Inga Sidén-Kiamos,¹¹ Michael Simpson,¹ Marian P. Skupski,¹ Tom Smith,¹ Eugene Spier,¹ Allan C. Spradling,³¹ Mark Stapleton,² Renee Strong,¹ Eric Sun,¹ Robert Svirskas,³² Cyndee Tector,¹ Russell Turner,¹ Eli Venter,¹ Aihui H. Wang,¹ Xin Wang,¹ Zhen-Yuan Wang,¹ David A. Wassarman,³³ George M. Weinstock,³ Jean Weissenbach,¹⁴ Sherita M. Williams,¹ Trevor Woodage,¹ Kim C. Worley,³ David Wu,¹ Song Yang,² Q. Alison Yao,¹ Jane Ye,¹ Ru-Fang Yeh,¹⁹ Jayshree S. Zaveri,¹ Ming Zhan,¹ Guangren Zhang,¹ Qi Zhao,¹ Liansheng Zheng,¹ Xiangqun H. Zheng,¹ Fei N. Zhong,¹ Wenyan Zhong,¹ Xiaojun Zhou,³ Shiaooping Zhu,¹ Xiaohong Zhu,¹ Hamilton O. Smith,¹ Richard A. Gibbs,³ Eugene W. Myers,¹ Gerald M. Rubin,³⁴ J. Craig Venter¹

The fly *Drosophila melanogaster* is one of the most intensively studied organisms in biology and serves as a model system for the investigation of many developmental and cellular processes common to higher eukaryotes, including humans. We have determined the nucleotide sequence of nearly all of the ~120-megabase euchromatic portion of the *Drosophila* genome

some (BAC) map and other genomic resources available for *Drosophila* serve both as an independent confirmation of the assembly of data from the shotgun strategy and as a set of resources for further biological anal-

Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera*

The Honeybee Genome Sequencing Consortium*

2006

The Honeybee Genome Sequencing Consortium

Overall project leadership: George M. Weinstock^{1,2}, Gene E. Robinson^{7,9,13,14}

Principal investigators: Richard A. Gibbs^{1,2}, George M. Weinstock^{1,2}

Community coordination: George M. Weinstock (leader)^{1,2}, Gene E. Robinson (leader)^{7,9,13,14}, Kim C. Worley (leader)^{1,2}, Jay D. Evans⁴, Ryszard Maleszka⁶, Hugh M. Robertson^{7,9,13,14}, Daniel B. Weaver⁶

Annotation section leaders: Martin Beye¹⁷, Peer Bork^{18,19}, Christine G. Elsik²⁰, Jay D. Evans⁴, Klaus Hartfelder²⁵, Greg J. Hunt²⁷, Hugh M. Robertson^{7,9,13,14}, Gene E. Robinson^{7,9,13,14}, Ryszard Maleszka⁶, George M. Weinstock^{1,2}, Kim C. Worley^{1,2}, Evgeny M. Zdobnov^{18,28}

Caste development and reproduction: Klaus Hartfelder (leader)²⁵, Gro V. Amdam²⁹, Márcia M. G. Bitondi²⁶, Anita M. Collins⁴, Alexandre S. Cristino²⁰, Jay D. Evans⁴, H. Michael G. Lattorff³¹, Carlos H. Lobo²⁴, Robin F. A. Moritz³¹, Francis M. F. Nunes²⁴, Robert E. Page Jr²⁹, Ziliá L. P. Simões²⁶, Diana Wheeler³²

EST sequencing: Piero Carninci (leader)³³, Shiro Fukuda³³, Yoshihide Hayashizaki³³, Chikatoshi Kai³³, Jun Kawai³³, Naoko Sakazume³³, Daisuke Sasaki³³, Michihira Tagami³³

Brain and behaviour: Ryszard Maleszka (leader)⁶, Gro V. Amdam²⁹, Stefan Albert³⁴, Geert Baggerman³⁵, Kyle T. Beggs³⁷, Guy Bloch³⁸, Giuseppe Cazzamali⁴¹, Mira Cohen³⁸, Mark David Drapeau⁴², Dorothea Eisenhardt⁴³, Christine Emore²⁷, Michael A. Ewing¹⁵, Susan E. Fahrbach⁴⁸, Sylvain Forêt⁶, Cornelis J. P. Grimmelikhuijzen⁴¹, Frank Hauser⁴¹, Amanda B. Hummon¹⁵, Greg J. Hunt²⁷, Jürgen Huybrechts³⁵, Andrew K. Jones⁴⁴, Tatsuhiko Kadowaki⁵⁵, Noam Kaplan⁴⁰, Robert Kucharski⁶, Gérard Leboulle⁴³, Michal Linial^{39,40}, J. Troy Littleton⁴⁵, Alison R. Mercer²⁷, Robert E. Page Jr²⁹, Hugh M. Robertson^{7,9,13,14}, Gene E. Robinson^{7,9,13,14}, Timothy A. Richmond⁵³, Sandra L. Rodriguez-Zas¹², Elad B. Rubin³⁸, David B. Sattelle⁴⁴, David Schlipalius²⁷, Liliane Schoofs³⁵, Yair Shemesh³⁸, Jonathan V. Sweedler^{13,15}, Rodrigo Velarde², Peter Verleyen³⁵, Evy Vierstraete³⁵, Michael R. Williamson⁴¹

Development and metabolism: Martin Beye (leader)¹⁷, Seth A. Ament¹³, Susan J. Brown⁵⁰, Miguel Corona⁷, Peter K. Dearden³⁶, W. Augustine Dunn⁵², Michelle M. Elekonich⁵³, Christine G. Elsik²⁰, Sylvain Forêt⁶, Tomoko Fujiyuki⁵⁴, Irene Gattermeier¹⁷, Tanja Gempe¹⁷, Martin Hasselmann¹⁷, Tatsuhiko Kadowaki⁵⁵, Eriko Kage⁵⁴, Azusa Kamikouchi⁵⁴, Takeo Kubo⁵⁴, Robert Kucharski⁶, Takekazu Kunieda⁵⁴, Marcé Lorenzen⁴⁹, Ryszard Maleszka⁶, Natalia V. Milshina²⁰, Mizue Morioka⁵⁴, Kazuaki Ohashi⁵⁴, Ross Overbeek³⁷, Robert E. Page Jr²⁹, Hugh M. Robertson^{7,9,13,14}, Gene E. Robinson^{7,9,13,14}, Christian A. Ross⁵³, Morten Schioett¹⁷, Teresa Shippy⁵¹, Hideaki Takeuchi⁵⁴, Amy L. Toth¹⁴, Judith H. Willis⁵², Megan J. Wilson³⁶

Comparative and evolutionary analysis: Hugh M. Robertson (leader)^{7,9,13,14}, Evgeny M. Zdobnov (leader)^{18,28}, Peer Bork^{18,19}, Christine G. Elsik²⁰, Karl H. J. Gordon⁴⁶, Ivica Letunic¹⁸

Funding agency management: Kevin Hackett⁵, Jane Peterson⁵⁸, Adam Felsenfeld⁵⁸, Mark Guyer⁵⁸

Physical and genetic mapping: Michel Solignac (leader)⁵⁶, Richa Agarwala⁵⁹, Jean Marie Cornuet⁶⁰, Christine G. Elsik²⁰, Christine Emore²⁷, Greg J. Hunt²⁷, Monique Monnerot⁵⁶, Florence Mougé⁵⁶, Justin T. Reese²⁰, David Schlipalius²⁷, Dominique Vautrin⁵⁶, Daniel B. Weaver⁶

Ribosomal RNA genes and related retrotransposable elements: Joseph J. Gillespie (leader)^{21,62}, Jamie J. Cannone⁶¹, Robin R. Gutell⁶¹, J. Spencer Johnston²¹

Gene prediction and consensus gene set: Christine G. Elsik (leader)²⁰, Giuseppe Cazzamali⁴¹, Michael B. Eisen^{63,64}, Cornelis J. P. Grimmelikhuijzen⁴¹, Frank Hauser⁴¹, Amanda B. Hummon¹⁵, Venky N. Iyer⁶³, Vivek Iyer⁶⁵, Peter Kosarev⁶⁶, Aaron J. Mackey⁶⁷, Ryszard Maleszka⁶, Justin T. Reese²⁰, Timothy A. Richmond⁵³, Hugh M. Robertson^{7,9,13,14}, Victor Solovyev⁶⁸, Alexandre Souvorov⁶⁹, Jonathan V. Sweedler^{13,15}, George M. Weinstock^{1,2}, Michael R. Williamson⁴¹, Evgeny M. Zdobnov^{18,28}

Honeybee disease and immunity: Jay D. Evans (leader)⁴, Katherine A. Aronstein⁶⁹, Katarina Bilikova⁷⁰, Yan Ping Chen⁴, Andrew G. Clark⁷², Laura I. Decanini⁷, William M. Gelbart⁷³, Charles Hetru⁷⁴, Dan Hultmark⁷⁵, Jean-Luc Imler⁷⁴, Haobo Jiang⁷⁶, Michael Kanost⁵¹, Kiyoshi Kimura⁷⁷, Brian P. Lazzaro⁷¹, Dawn L. Lopez⁴, Jozef Simuth⁷⁰, Graham J. Thompson⁷⁸, Zhen Zou⁷⁶

BAC/fosmid library construction and analysis: Pieter De Jong (leader)⁷⁹, Erica Sodergren (leader)^{1,2}, Miklós Csűrös⁸⁷, Aleksandar Milosavljevic^{1,2}, J. Spencer Johnston²¹, Kazutoyo Osoegawa⁷⁹, Stephen Richards^{1,2}, Chung-Li Shu⁷⁹, George M. Weinstock^{1,2}

G+C content: Christine G. Elsik (leader)²⁰, Laurent Duret⁸⁰, Eran Elhaik²³, Dan Graur²³, Justin T. Reese²⁰, Hugh M. Robertson^{7,9,13,14}

Transposable elements: Hugh M. Robertson (leader)^{7,9,13,14}, Christine G. Elsik²⁰

Gene regulation including miRNA and RNAi: Ryszard Maleszka (leader)⁶, Daniel B. Weaver (leader)¹⁶, Gro V. Amdam²⁹, Juan M. Anzola²⁰, Kathryn S. Campbell⁷³, Kevin L. Childs²⁰, Derek Collinge¹⁶, Madeline A. Crosby⁷³, C. Michael Dickens²⁰, Christine G. Elsik²⁰, Karl H. J. Gordon⁴⁶, L. Sian Grametes⁷³, Christina M. Grozinger⁸¹, Peter L. Jones⁹, Mireia Jorda⁸⁹, Xu Ling⁸, Beverly B. Matthews⁷³, Jonathan Miller^{1,3}, Natalia V. Milshina²⁰, Craig Mizzen¹⁷, Miguel A. Peinado⁸⁹, Justin T. Reese²⁰, Jeffrey G. Reid^{3,22}, Hugh M. Robertson^{7,9,13,14}, Gene E. Robinson^{7,9,13,14}, Susan M. Russo⁷³, Andrew J. Schroeder⁷³, Susan E. St Pierre⁷³, Ying Wang⁷, Pinglei Zhou⁷³

Superscaffold assembly: Hugh M. Robertson (leader)^{7,9,13,14}, Richa Agarwala⁵⁹, Christine G. Elsik²⁰, Natalia V. Milshina²⁰, Justin T. Reese²⁰, Daniel B. Weaver⁶

Data management: Kim C. Worley (leader)^{1,2}, Kevin L. Childs²⁰, C. Michael Dickens²⁰, Christine G. Elsik²⁰, William M. Gelbart⁷³, Huaiyang Jiang^{1,2}, Paul Kitts⁵⁹, Natalia V. Milshina²⁰, Justin T. Reese²⁰, Barbara Ruef⁵⁹, Susan M. Russo⁷³, Anand Venkatraman²⁰, George M. Weinstock^{1,2}, Lan Zhang^{1,2}, Pinglei Zhou⁶⁹

Chromosome structure: J. Spencer Johnston (leader)²¹, Gildardo Aquino-Perez²¹, Jean Marie Cornuet⁶⁰, Monique Monnerot⁵⁶, Michel Solignac⁵⁶, Dominique Vautrin⁵⁶

Population genetics and SNPs: Charles W. Whitfield (leader)^{7,13,14}, Susanta K. Behura⁷, Stewart H. Berlocher^{7,14}, Andrew G. Clark⁷², Richard A. Gibbs^{1,2}, J. Spencer Johnston²¹, Walter S. Sheppard⁸², Deborah R. Smith⁸³, Andrew V. Suarez^{7,11}, Neil D. Tsutsui⁸⁴, Daniel B. Weaver¹⁶, Xuehong Wei^{1,2}, David Wheeler^{1,2}

Genome assembly: George M. Weinstock (leader)^{1,2}, Kim C. Worley (leader)^{1,2}, Paul Havlak^{1,2}, Bingshan Li^{1,2}, Yue Liu^{1,2}, Erica Sodergren^{1,2}, Lan Zhang^{1,2}

(A+T)-rich DNA generation: Martin Beye (leader)¹⁷, Martin Hasselmann¹⁷, Angela Jolivet^{1,2}, Sandra Lee^{1,2}, Lynne V. Nazareth^{1,2}, Ling-Ling Pu^{1,2}, Rachel Thorn^{1,2}, George M. Weinstock^{1,2}

Tiling arrays: Viktor Stolic (leader)⁸⁵, Gene E. Robinson (leader)^{7,9,13,14}, Ryszard Maleszka⁶, Thomas Newman⁷, Manoj Samanta^{85,86}, Waraporn A. Tongprasit⁸⁵

Antimicrobial defense mechanisms: Katherine A. Aronstein (leader)⁶⁹, Charles Claudianos (leader)^{6,46}, Mau B. Benabib⁷, Sunita

15k: Sequencing Five Thousand Arthropod Genomes



A transformative, broad, & inclusive initiative to organize sequencing and analysis of 5,000 arthropod genomes

FOCUS ON SPECIES KNOWN TO BE IMPORTANT TO:

- WORLDWIDE AGRICULTURE
- FOOD SAFETY
- MEDICINE
- ENERGY PRODUCTION
- MODELS IN BIOLOGY
- MOST ECOSYSTEMS
- EVERY BRANCH OF THE PHYLOGENY



PERSPECTIVE

Earth BioGenome Project: Sequencing life for the future of life

Harris A. Lewin^{a,b,c,d,1}, Gene E. Robinson^e, W. John Kress^f, William J. Baker^g, Jonathan Coddington^f, Keith A. Crandall^h, Richard Durbin^{i,j}, Scott V. Edwards^{k,l}, Félix Forest^g, M. Thomas P. Gilbert^{m,n}, Melissa M. Goldstein^o, Igor V. Grigoriev^{p,q}, Kevin J. Hackett^r, David Haussler^{s,t}, Erich D. Jarvis^u, Warren E. Johnson^v, Aristides Patrinos^w, Stephen Richards^x, Juan Carlos Castilla-Rubio^{y,z}, Marie-Anne van Sluys^{aa,bb}, Pamela S. Soltis^{cc}, Xun Xu^{dd}, Huanming Yang^{ee}, and Guojie Zhang^{dd,ff,gg}

Edited by John C. Avise, University of California, Irvine, CA, and approved March 15, 2018 (received for review January 6, 2018)

Increasing our understanding of Earth's biodiversity and responsibly stewarding its resources are among the most crucial scientific and social challenges of the new millennium. These challenges require fundamental new knowledge of the organization, evolution, functions, and interactions among millions of the planet's organisms. Herein, we present a perspective on the Earth BioGenome Project (EBP), a moonshot for biology that aims to sequence, catalog, and characterize the genomes of all of Earth's eukaryotic biodiversity over a period of 10 years. The outcomes of the EBP will inform a broad range of major issues facing humanity, such as the impact of climate change on biodiversity, the conservation of endangered species and ecosystems

Esimerkkitutkimuksia:

Evoluutiota koeputkessa – bakteerien sopeutuminen muuttuvaan ympäristöön

Lajiutuminen ja risteytyminen kekomuurahaispopulaatioissa

Yhteistyön evoluutio fylogeneettisessä katsannossa

Sukulaisvalinta, yhteistyö ja konfliktit

Esimerkki I: Evoluutiota koeputkessa – bakteerien sopeutuminen muuttuvaan ympäristöön

Evoluutiota ajatellaan usein hyvin hitaana prosessina jota voimme lähestyä vain epäsuorasti, mutta tämä ei aina pidä paikkaansa

Evoluutiota voidaan tutkia laboratoriossa reaaliajassa mikrobien populaatioita käyttäen: kokeellinen evoluutiotutkimus hyvin kontrolloiduissa oloissa

Jopa kymmeniä tuhansia sukupolvia!



Richard Lenski

Ketola, T., Mikonranta, L., Zhang, J. I., Saarinen, K., Örmälä, A. M., Friman, V. P., ... & Laakso, J. (2013). Fluctuating temperature leads to evolution of thermal generalism and preadaptation to novel environments. *Evolution*, 67(10), 2936-2944.

Bruneaux, M., Kronholm, I., Ashrafi, R., & Ketola, T. (2022). Roles of adenine methylation and genetic mutations in adaptation to different temperatures in *Serratia marcescens*. *Epigenetics*, 17(8), 861-881.



Tarmo Ketola, JY

Sopeutuminen muuttuvaan ympäristöön ja sopeutumisen evoluutio

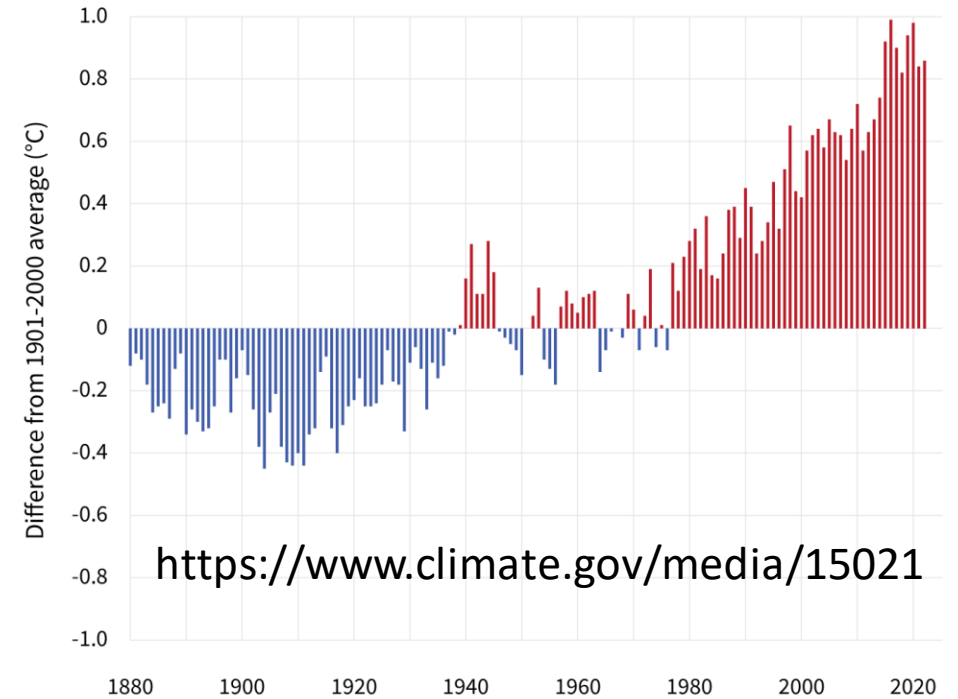
Teoreettinen tausta:

Evoluutio ei katso kauas tulevaisuuteen, vaan toimii tässä ja nyt, yksilöiden tasolla

Miten evoluutio sitten ”takaa” kyvyn jatkuvaan sopeutumiseen?

Käytännön merkitys: pelastava evoluutio ja ympäristönmuutos → millä ehdoilla evoluutio voi parantaa populaatioiden tulevaisuuden näkymiä ennustamattomien muutosten edessä?

GLOBAL AVERAGE SURFACE TEMPERATURE



MORE EXTREME WEATHER

CLIMATE EXTREMES INDEX: TEMPERATURES, PRECIPITATION, TROPICS



CLIMATE CENTRAL

<https://www.climatecentral.org/climate-matters/climate-extremes>

Kysymys ja koeasetelma

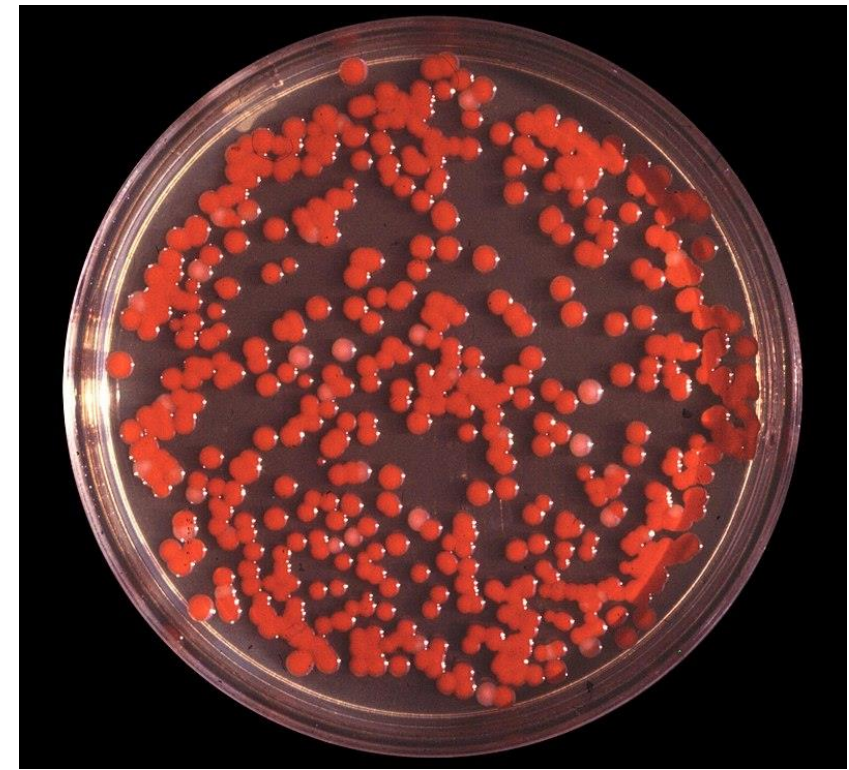
Johtaako vaihteleva ympäristö

- sopeutumiseen laajaan kirjoon eri olosuhteita
- parempaan kykyyn sopeutua myös ennen kokemattomiin muutoksiin

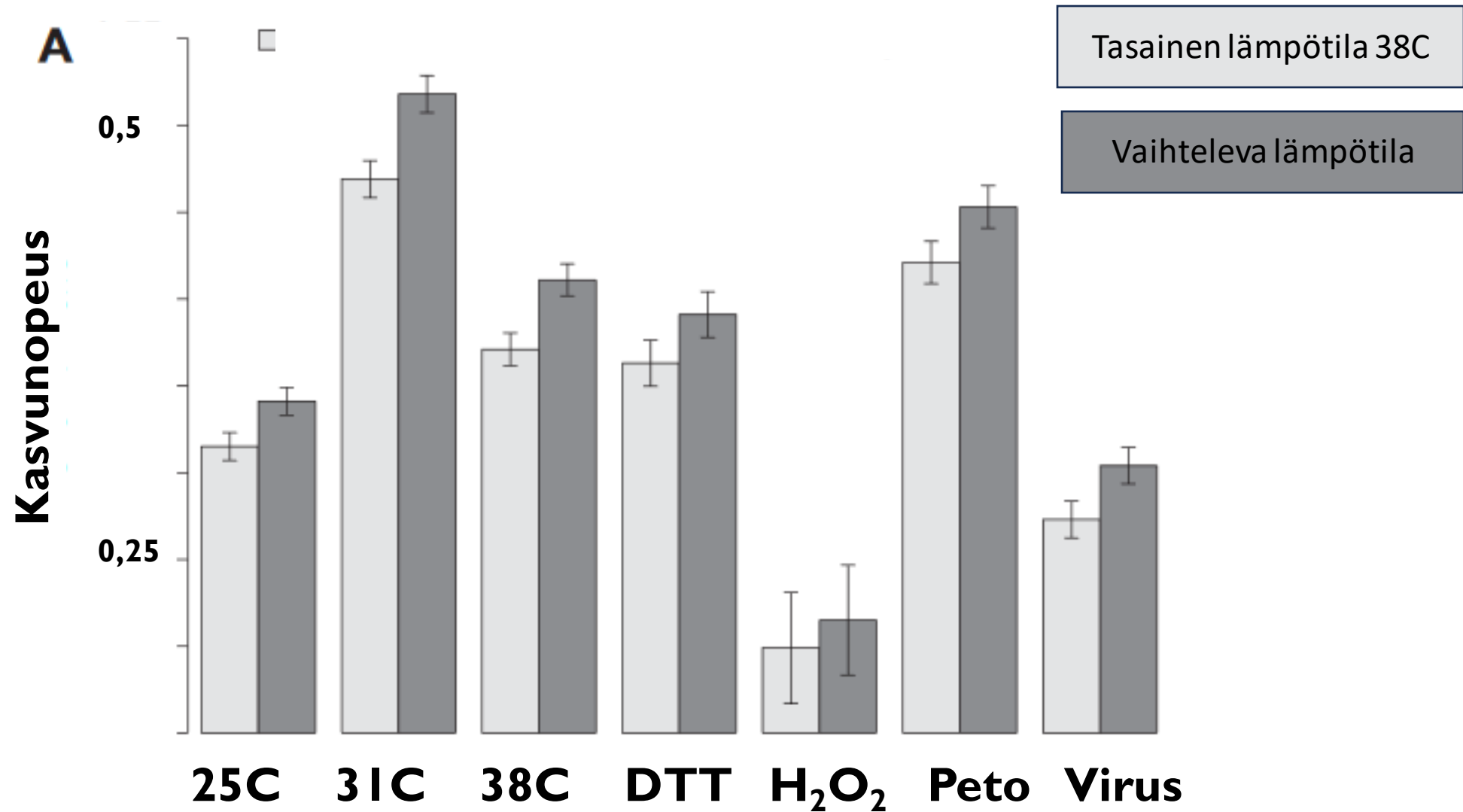
Onko vaihtelevaan ympäristöön sopeutumisella hintansa sopeutumisessa muihin tekijöihin?

**Tutkimuslaji bakteeri *Serratia marcescens*
(mm. sairaalabakteerina tunnettu)**

20 tutkimuspopulaatiota, alun perin samasta kloonista, jaettiin kahteen käsittelyyn: tasainen 31C tai päivittäin välillä 24 – 38C, jatkettiin n. 1000 sukupolvea

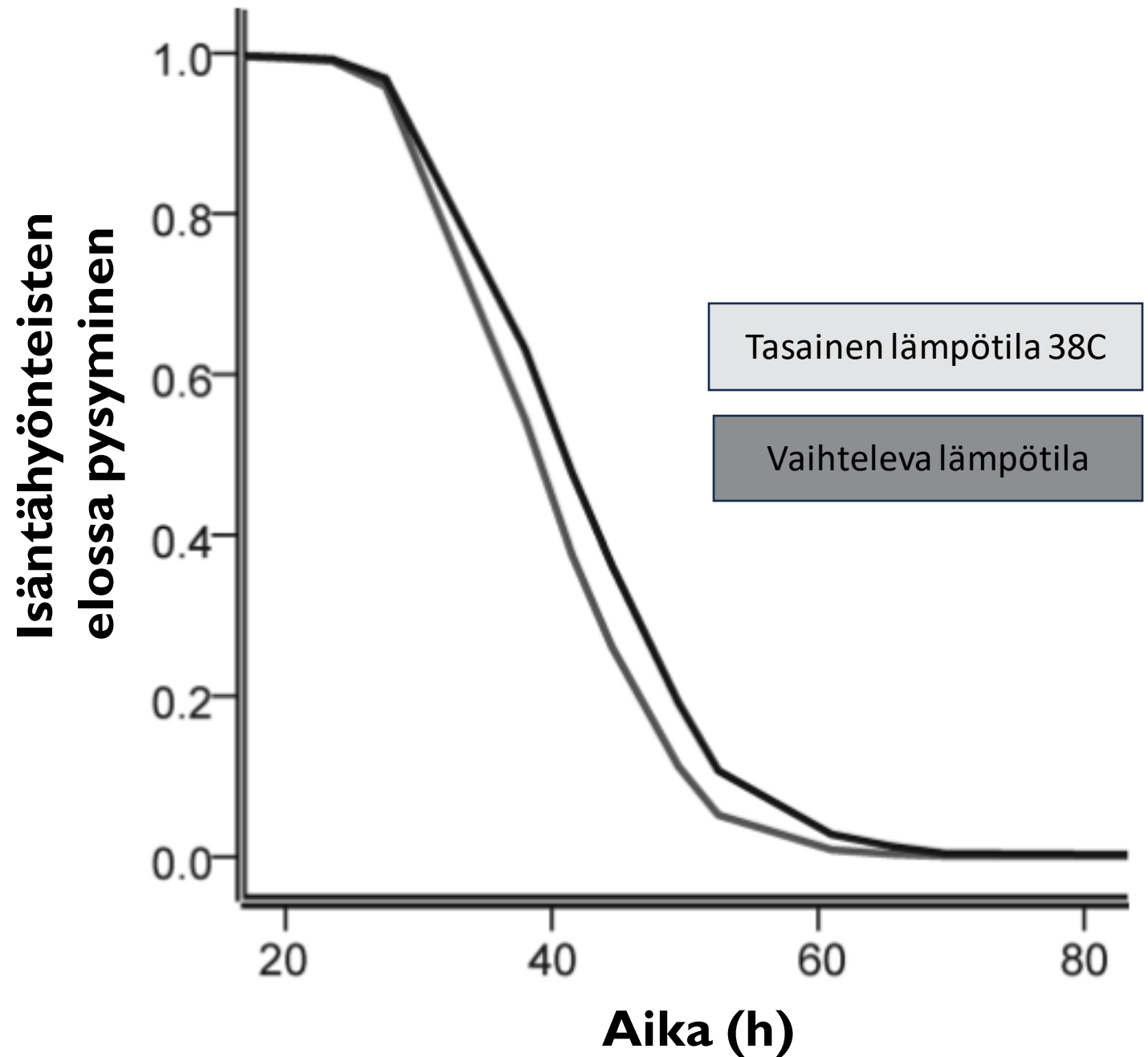


By de:Benutzer:Brudersohn -
German Wikipedia:
[http://de.wikipedia.org/wiki/Bild:
SerrmarcKol.jpg](http://de.wikipedia.org/wiki/Bild:SerrmarcKol.jpg), CC BY-SA 3.0



Lämpötilavaihteluun sopeutuneet kannat menestyivät parhaiten kaikissa lämpötiloissa sekä uusia haasteita kohdatessaan!

Mutta olivat vähemmän virulentteja taudinaiheuttajina: evolutiivinen ”vaihtokauppa” (trade-off)



Sopeutumisen geneettinen ja epigeneettinen tausta?

**Sekvenssianalyysit yhdistettynä geenipankkien ja –
tietokantojen aineistoihin antavat vinkkejä siitä mitkä
mekanismit sopeutumisen taustalla ovat**

**Kokeessa evolvoituneissa kannoissa havaittiin geneettisiä
muutoksia jotka liittyivät metaboliaa ja ravinnon saantia
säätelviin geeneihin**

**Mutta myös epigeneettisiä (adeniinimetylaatiota) muutoksia
jotka voivat liittyä geenien säätelyyn**

**Epigeneettisen muuntelun periytyvyys ja sen suhde
genotyyppiin ja ympäristöön on hyvin aktiivisen tutkimuksen
kohde**

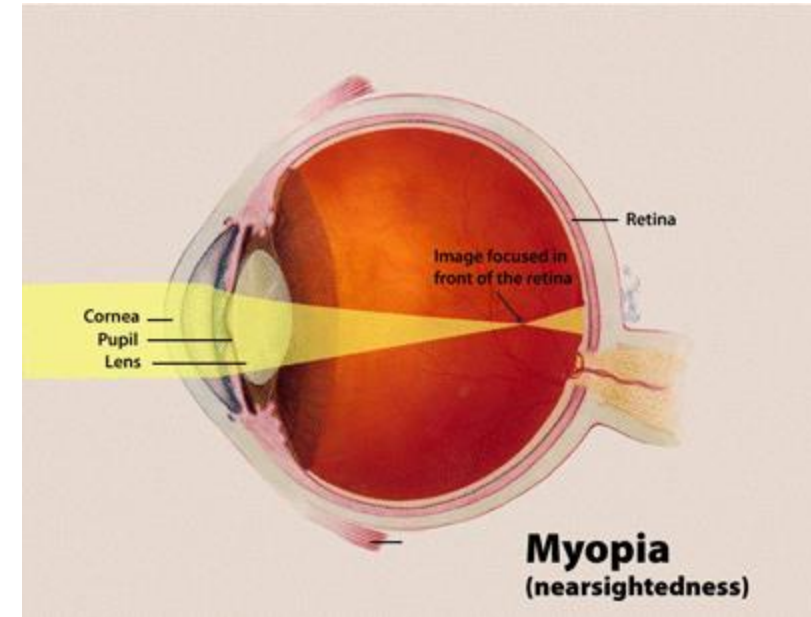
Yhteenveto

Evoluutiohistorialla ja ympäristön vaihtelulla on merkitystä tulevaisuuden sopeumille, vaikka evoluutio onkin ”likinäköinen”

Sopeutumisella on kustannuksia: kaikkeen ei voi sopeutua, ja ”vaihtokauppojen” ymmärtäminen on keskeinen osa evoluution tutkimista

Sekvenssianalyysit tuovat arvokkaan lisän kokeelliseen tutkimukseen

Epigenetiikka: sopeutuminen ei aina ole yksinomaan geenisekvenssin muutosta



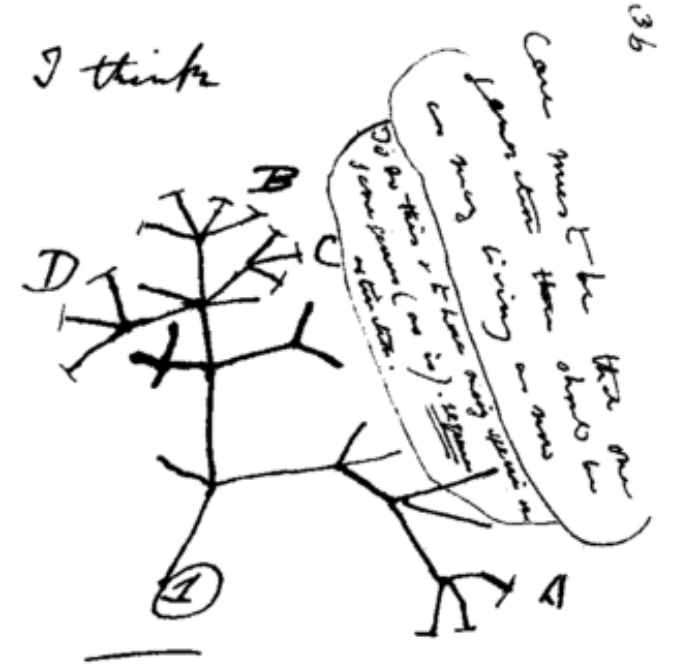
By National Eye Institute -
http://www.nei.nih.gov/healthyeyes/eye_images/Myopia.gif,
Public Domain

Esimerkki II: Lajiutuminen ja risteytyminen kekomuurahaispopulaatioissa

Lajiutuminen prosessina klassinen
evoluutiobiologian kysymys

Lajit syntyvät yleensä maantieteellisen eristyksen
aikana, mutta miksi lajit eivät sulaudu takaisin
yhteen kun ne taas kohtaavat?

Lisääntymisesteiden etsintä on saanut valtavasti
uutta vauhtia genomitutkimusten myötä



There's between A & B. Various
sort of relation. C + B. The
first predation, B & D
rather greater distinction
Then genes would be
formed. - binary relation

Kekomuurahaiset

Pitkä tutkimushistoria Suomessa

**Hankalasti toisistaan erotettavia lajeja,
lajiutumisen melko tuoretta**

**Mainio mallisysteemi lisääntymisesteiden synnyn
ymmärtämiselle:**

- mikä on risteymien menestys ja kuinka yleisiä ne ovat?
- Miten risteytyminen ja lisääntymisesteet näkyvät genomeissa: ”lajiutumisloukukset”?

Ja risteymien positiivisen roolin ymmärtämiselle:

- voiko geenivirta lajien välillä auttaa sopeutumisessa?

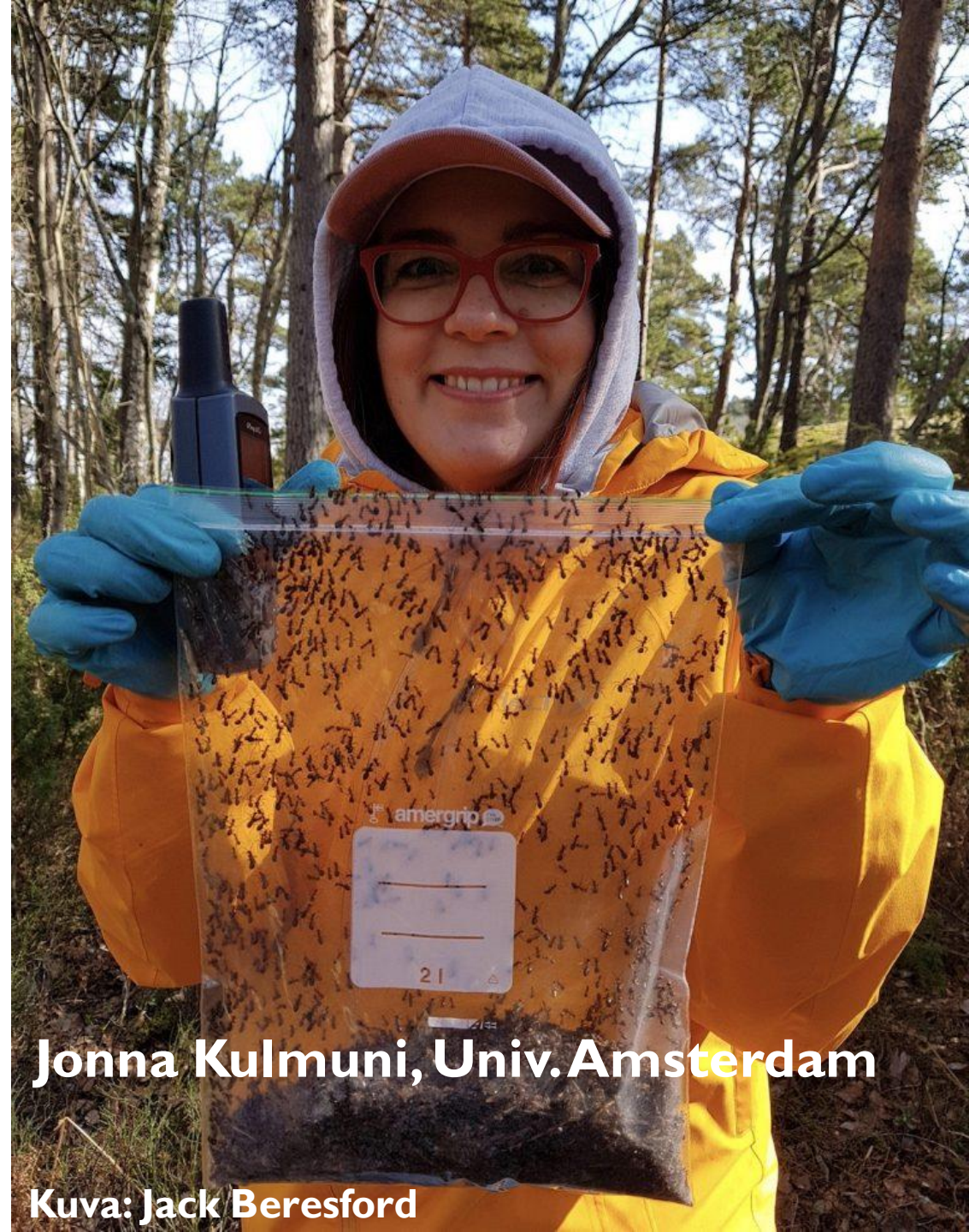


Satokangas, I., Nouhaud, P., Seifert, B., Punntila, P., Schultz, R., Jones, M. M., ... & Kulmuni, J. (2023). Semipermeable species boundaries create opportunities for gene flow and adaptive potential. *Molecular Ecology*.

Nouhaud, P., Martin, S. H., Portinha, B., Sousa, V. C., & Kulmuni, J. (2022). Rapid and predictable genome evolution across three hybrid ant populations. *PLoS Biology*, 20(12), e3001914.

Martin-Roy, R., Nygård, E., Nouhaud, P., & Kulmuni, J. (2021). Differences in thermal tolerance between parental species could fuel thermal adaptation in hybrid wood ants. *The American Naturalist*, 198(2), 278-294.

Beresford, J., Elias, M., Pluckrose, L., Sundström, L., Butlin, R. K., Pamilo, P., & Kulmuni, J. (2017). Widespread hybridization within mound-building wood ants in Southern Finland results in cytonuclear mismatches and potential for sex-specific hybrid breakdown. *Molecular Ecology*, 26(15), 4013-4026.



Jonna Kulmuni, Univ. Amsterdam

Kuva: Jack Beresford

Geneettiset markkerit paljastavat lajirajojen hataruuden

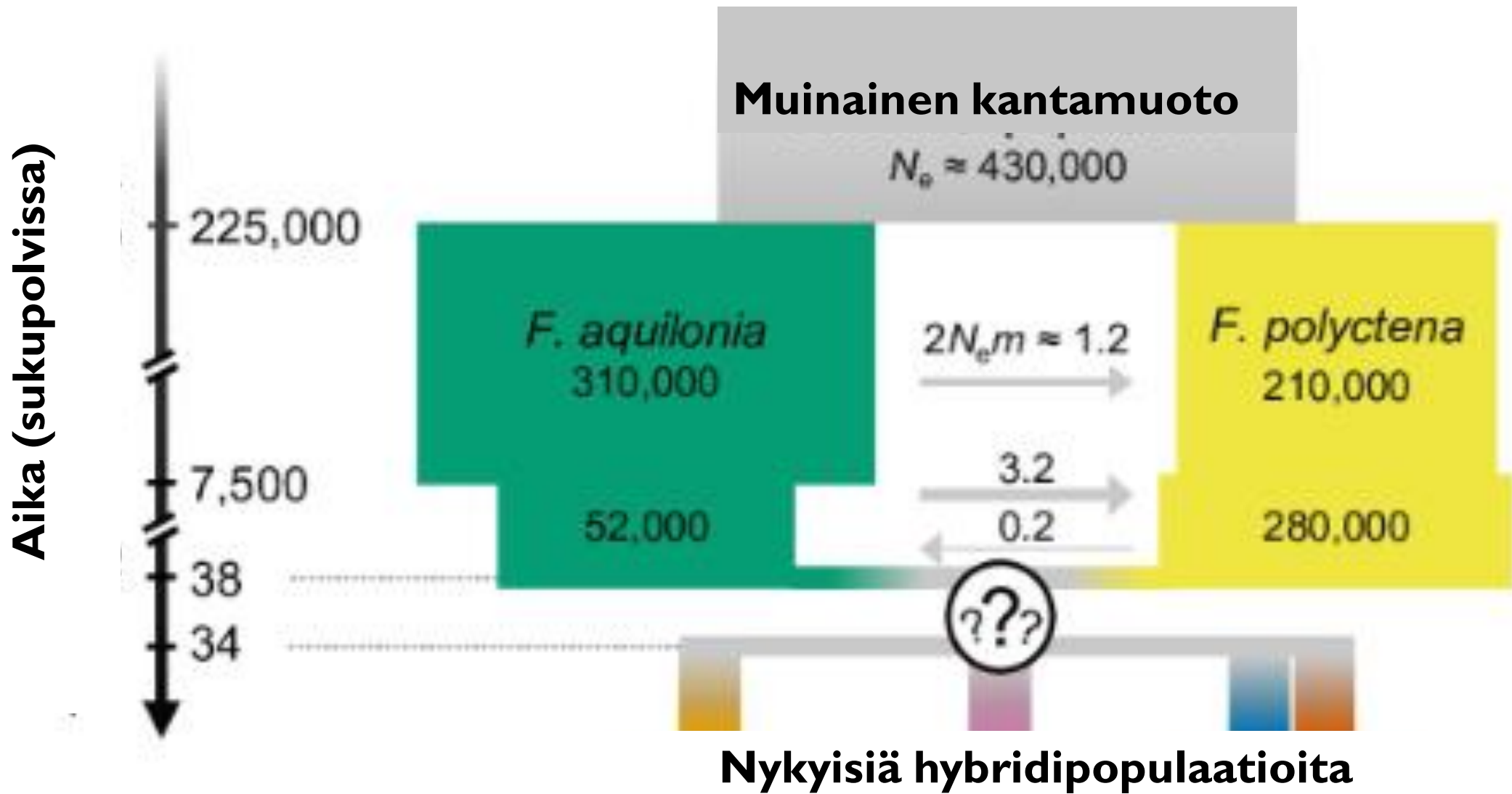


Mitokondrio (äitilinja)
Formica polycytena
Formica aquilonia

Etelä-Suomen populaatioissa paljon hybridejä!



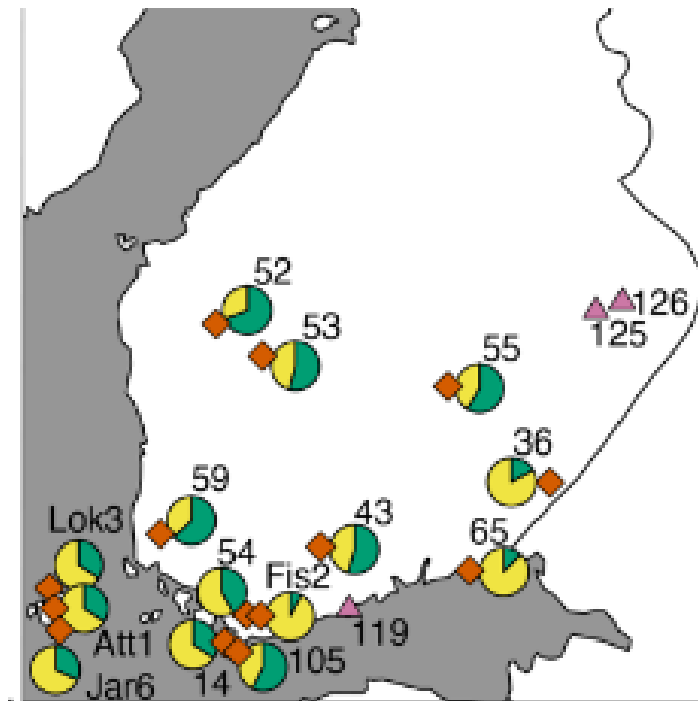
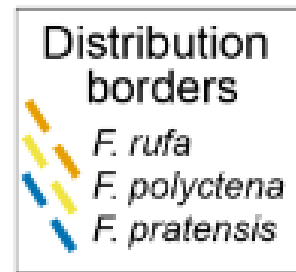
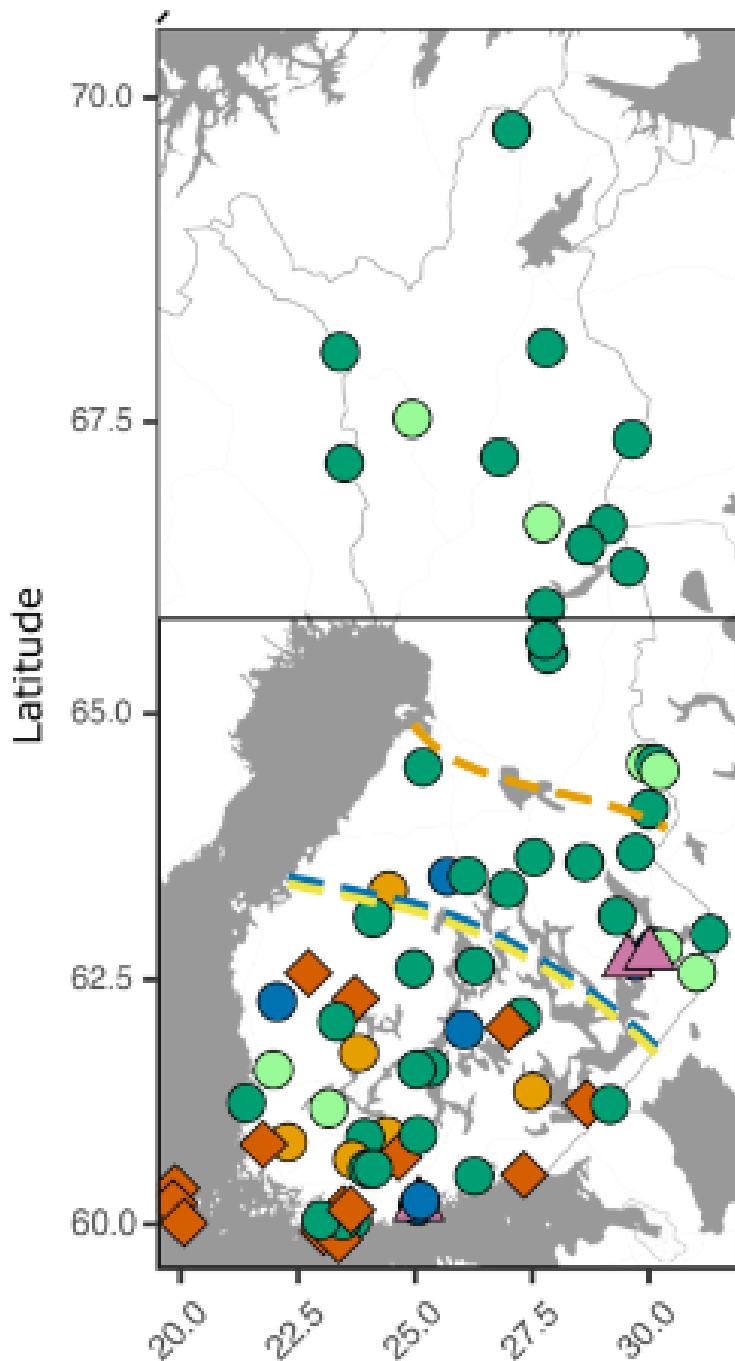
Geneettisen analyysin 1. pääkomponentti

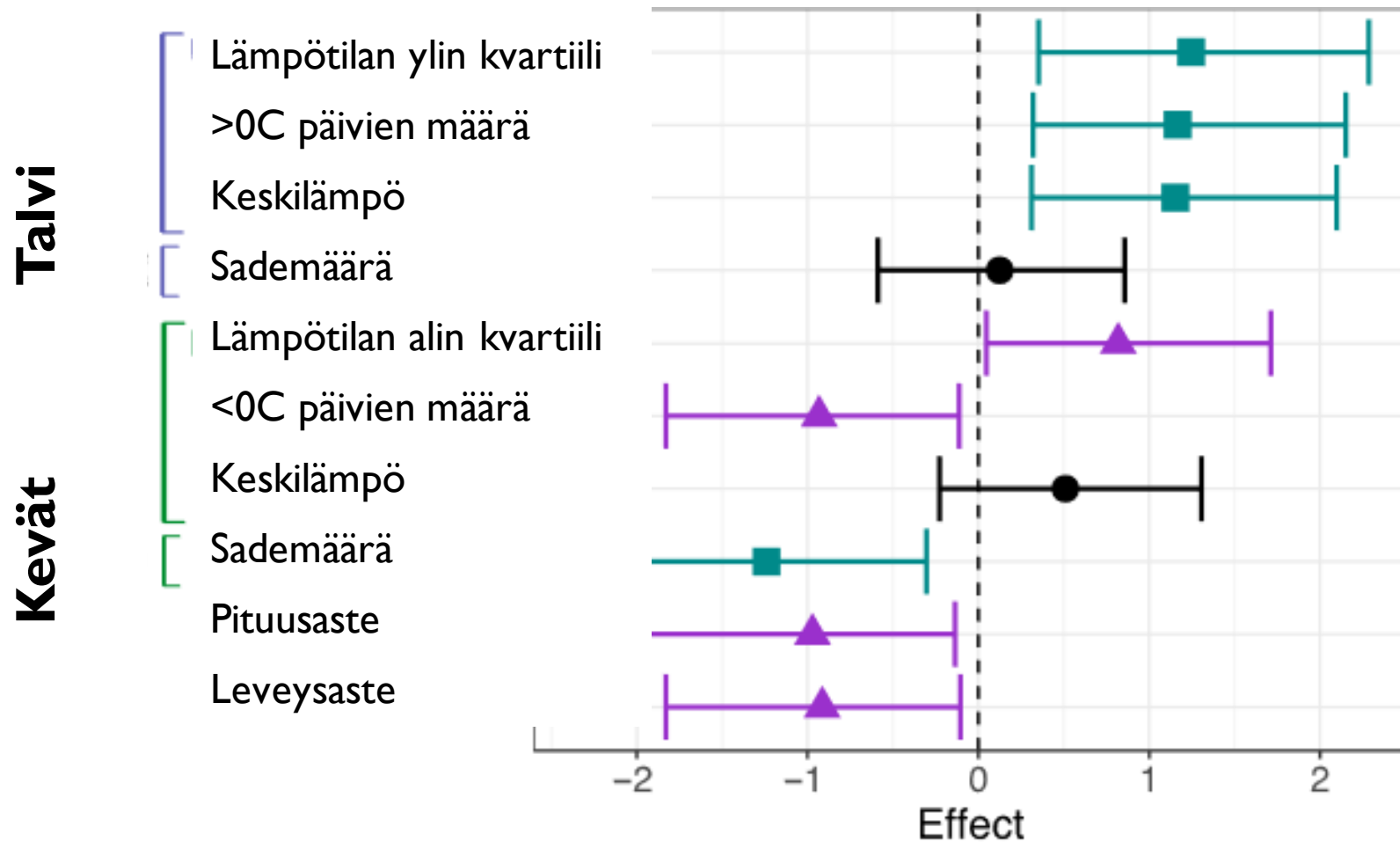


Koko genomien sekvenssidatasta voidaan arvioida simulaatioiden tukemana lajien todennäköistä historiaa: koska lajit erkaantuneet, minkälaista geenivirtaa on todennäköisimmin tapahtunut

Maanlaajuinen tutkimus jossa hyödynnettiin suurta määrää genomisekvenssejä:




Useat lajit risteytyvät keskenään, mutta erityisesti pohjoinen *F. aquilonia* ja eteläisemmät *F. polyctena* ja *F. rufa*

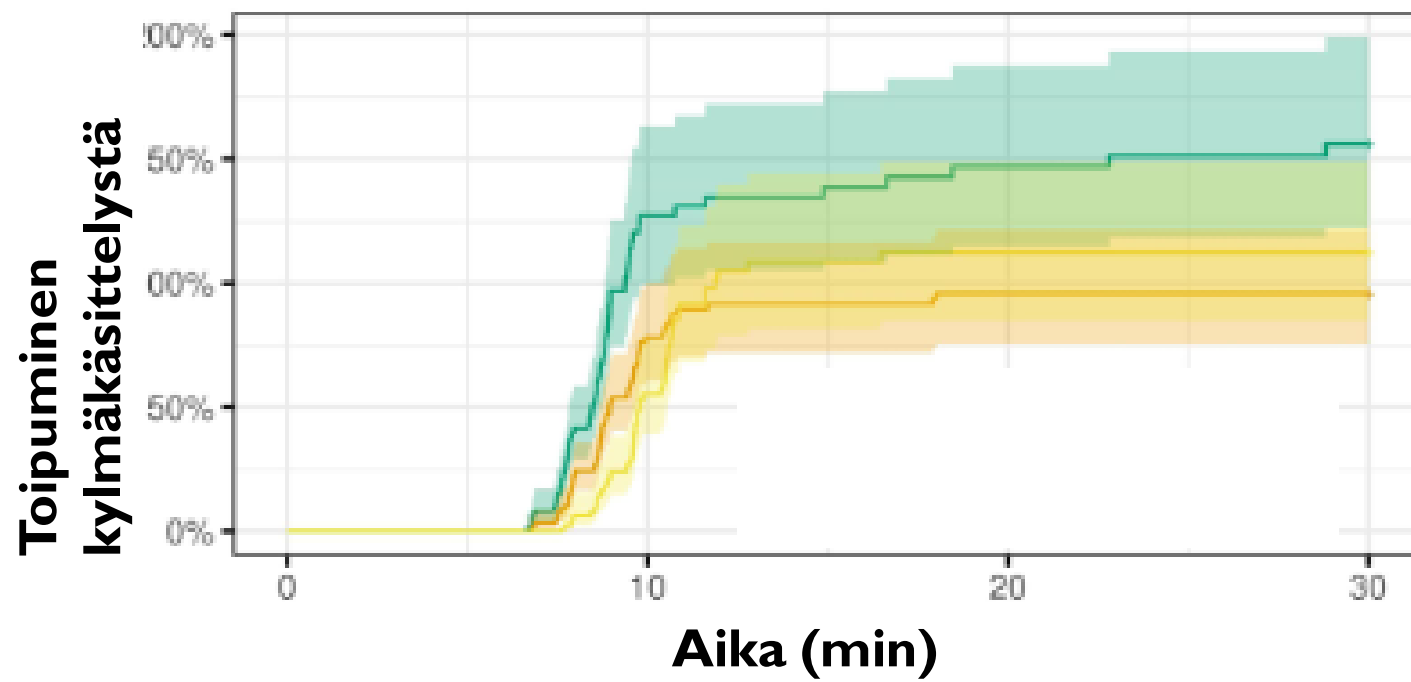
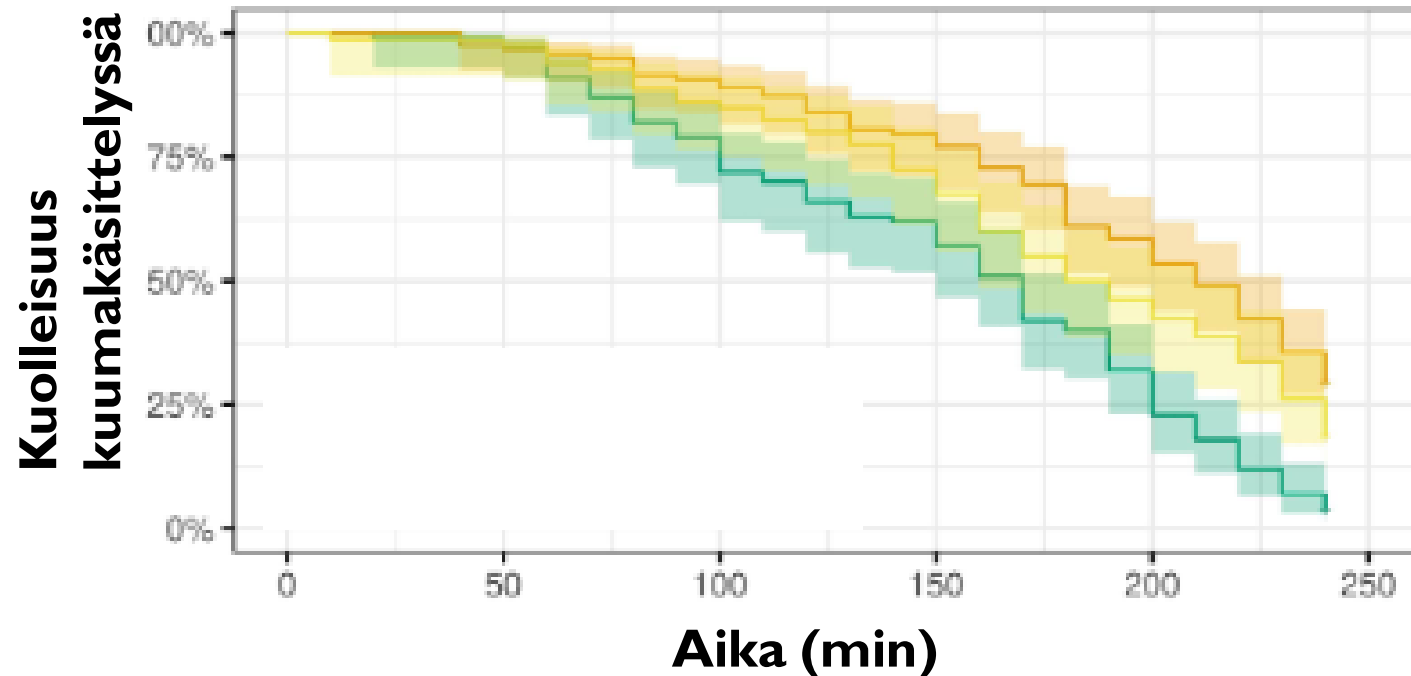




**Genomidata yhdistettiin sää- ja ilmastodataan:
 risteymät esiintyvät pohjoista kantalajia
 lämpimämmillä ja keväällä kuivemmilla paikoilla**

**Risteymien
lämmönkestävyys
on parempi kuin pohjoisen
kantatalajin, mutta
kylmänkestävyys kehnompi**

-  *Formica polyctena*
-  **Hybridi**
-  *Formica aquilonia*



Yhteenveto:

Populaatioiden historiaa voidaan rekonstruoida genomidatan avulla

Lajivertailut paljastavat myös risteymien yleisyyden

Mutta pelkkä genomidata ei riitä pitkälle: tarvitaan huolellisia morfologisia analyysseja ja monipuolista ekologista dataa

On mahdollista, että risteytyminen eteläisempien lajien kanssa voi tulevaisuudessa auttaa pohjoisia kekomuurahaisia sopeutumaan muuttuvaan ympäristöön

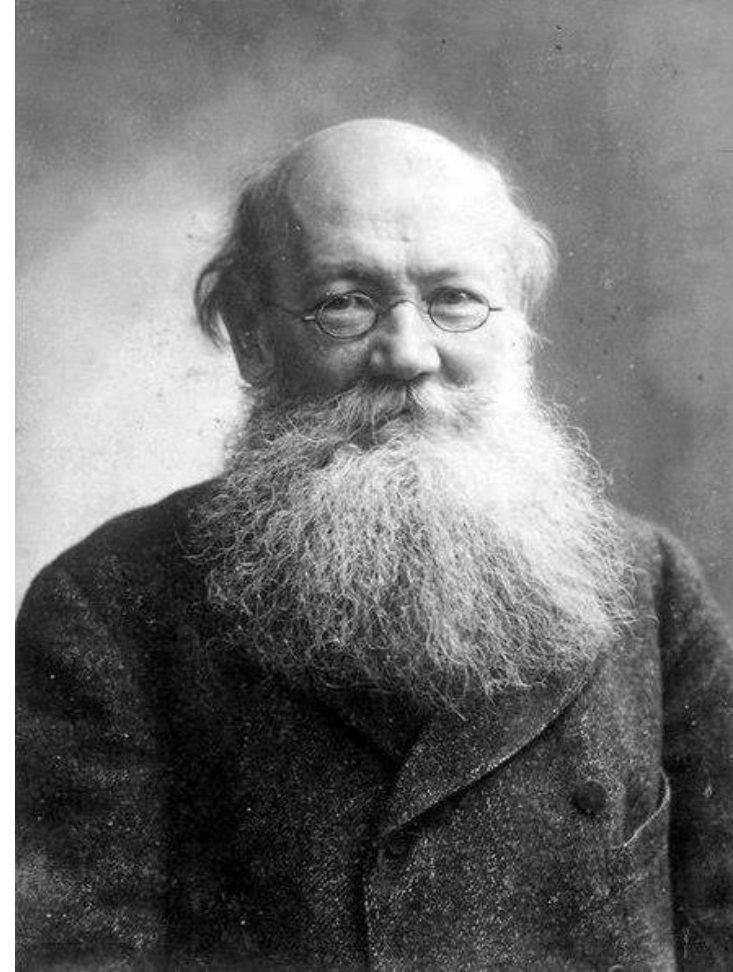


Esimerkki III: Yhteistyön evoluutio fylogeneettisessä katsannossa

**Lisääntymisyhteistyö on yksi evoluution ja käyttäytymis-
ekologian suuria kysymyksiä**

**Jos luonnonvalinta kerran toimii yksilötasolla, niin
mikä selittää niiden systeemien evoluution missä
kaikki yksilöt eivät lisäännä, tai missä yksilöt auttavat
toisia lisääntymään?**

**Sama teema toistuu monella tasolla: monisoluiden
organismien evoluutio!**



**Pjotr Kropotkin:
” Sociability is as much a
law of nature as mutual
struggle.”**

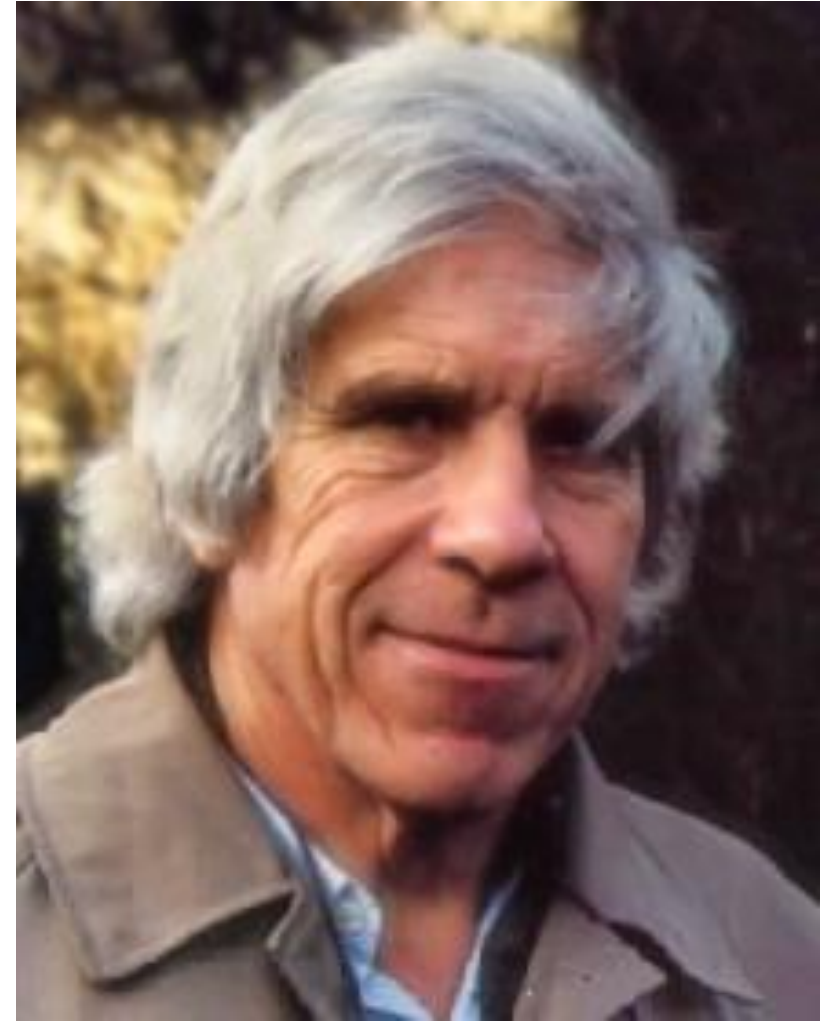
Ratkaisu äärimmäisten yhteistyön muotojen evolutiiviseen ongelmaan on sukulaisuus

Yksilö voi luopua omasta lisääntymisestään jos se sitä kautta voi auttaa sukulaisiaan lisääntymään

”Sukulaisvalinnan” tai kokonaiskelpoisuuden teoria: geneettinen sukulaisuus keskeinen tekijä sosiaalisen käyttäytymisen evoluutiossa

Muurahaisten, mehiläisten, termiittien pesät ovat perheryhmiä, ja monisoluiset organismit klooneja

”Evoluution siirtymät”, uusien hierarkiatasojen synty



**William D. Hamilton
(1936-2000)**

Ongelma:

Miten sukulaisuuden tärkeän roolin voi näyttää toteen, jos yhteistyön evoluutio on tapahtunut jossain kaukana historiassa?

Vertaileva fylogeneettinen tutkimus on tärkeä tapa adaptiivisten hypoteesien testaamiseen

”Fylogeneettinen rekonstruktio” auttaa selvittämään piirteen evoluutiohistorian ja muutoksia mahdollisesti ajavat tekijät

Eliöiden polveutumisjärjestyksen huomioon ottaminen on myös tilastollisen analyysin kannalta tärkeää: jos lajit ovat toisilleen sukua, jokaista lajia ei ole oikein käsitellä riippumattomana datapisteenä

I think



There's between A & B. Various
sort of relation. C + B. The
first predation, B & D
rather greater distinction
Then genus would be
formed. - binary relation

Cornwallis, C. K., West, S. A., Davis, K. E., & Griffin, A. S. (2010). Promiscuity and the evolutionary transition to complex societies. *Nature*, 466(7309), 969-972.

Cornwallis, C. K., Botero, C. A., Rubenstein, D. R., Downing, P. A., West, S. A., & Griffin, A. S. (2017). Cooperation facilitates the colonization of harsh environments. *Nature Ecology & Evolution*, 1(3), 0057.

Downing, P. A., Griffin, A. S., & Cornwallis, C. K. (2020). Group formation and the evolutionary pathway to complex sociality in birds. *Nature Ecology & Evolution*, 4(3), 479-486.



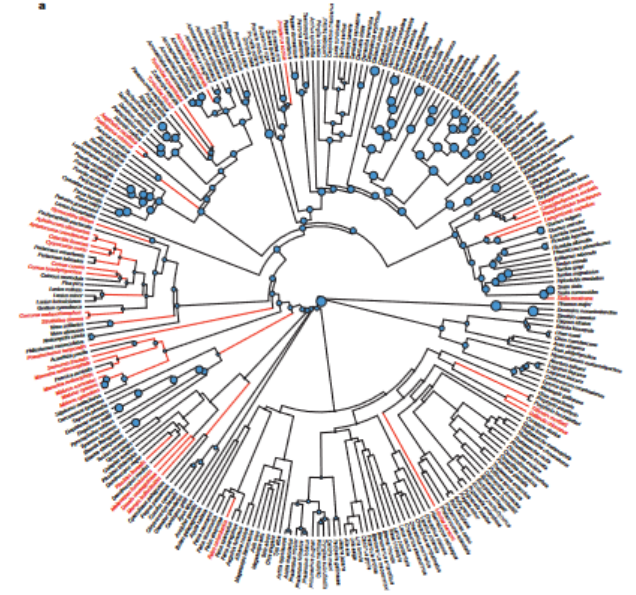
Sukulaisuuden merkitys avustamiskäyttäytymisen evoluutiossa

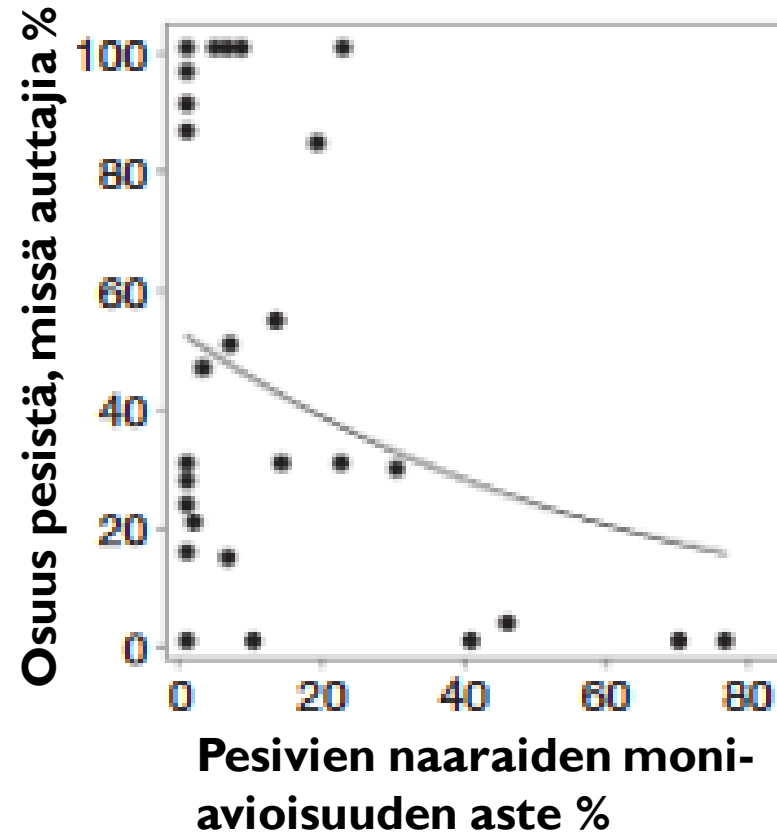
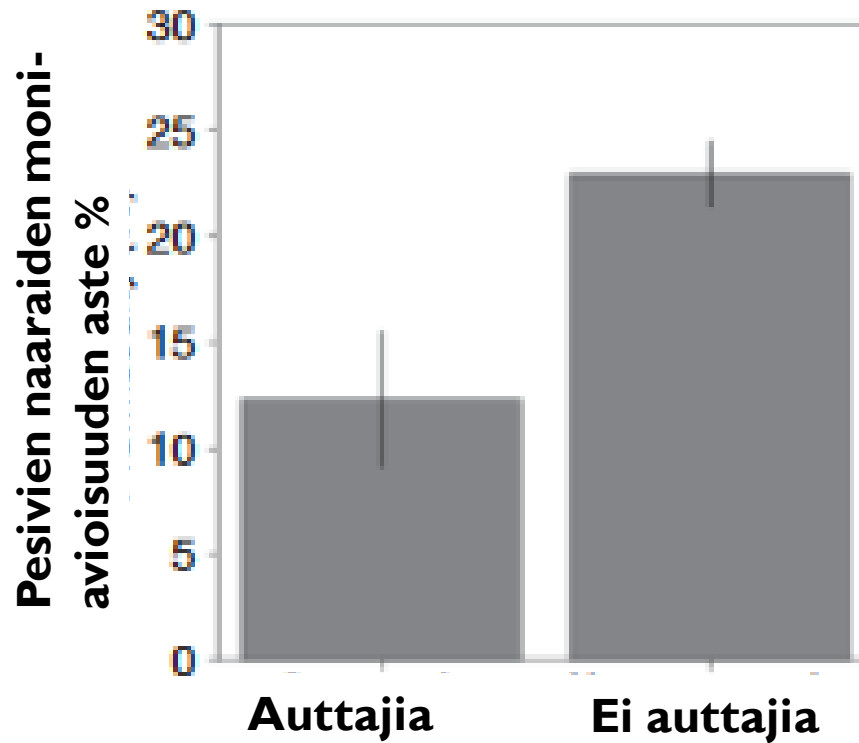
Eri asteisia avustamisen muotoja
on dokumentoitu useissa lintulajeissa

Myöskin lintujen fylogenia on hyvin tunnettu

Nämä tiedot yhdistämällä voidaan selvittää
minkälaisissa ryhmissä avustamisen evoluutio on
voinut tapahtua!

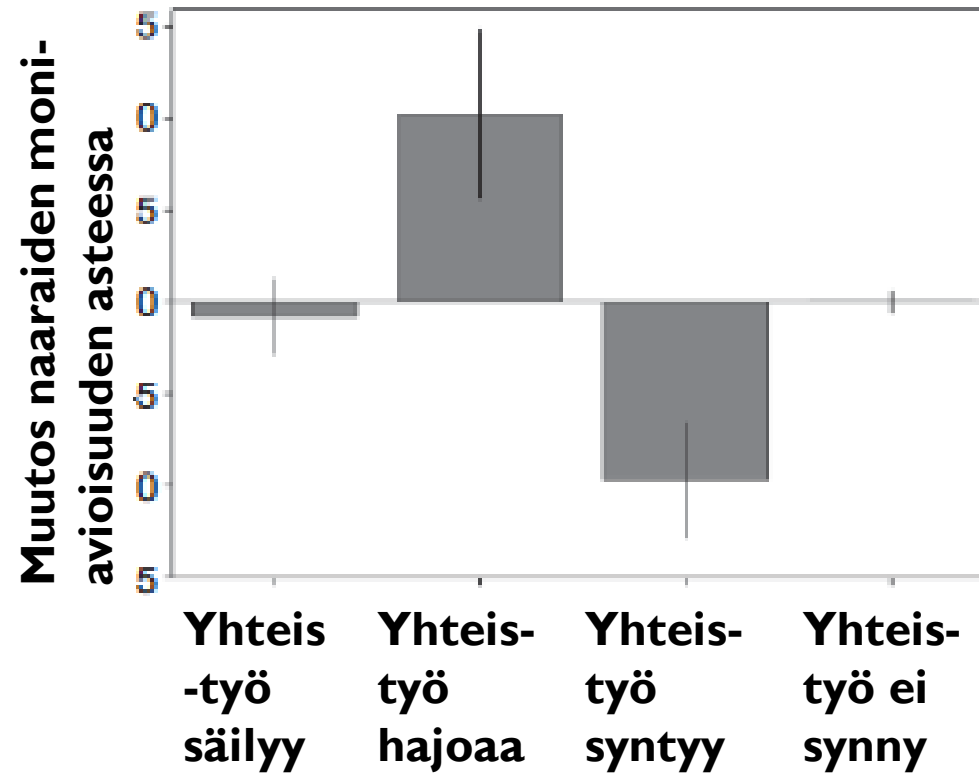
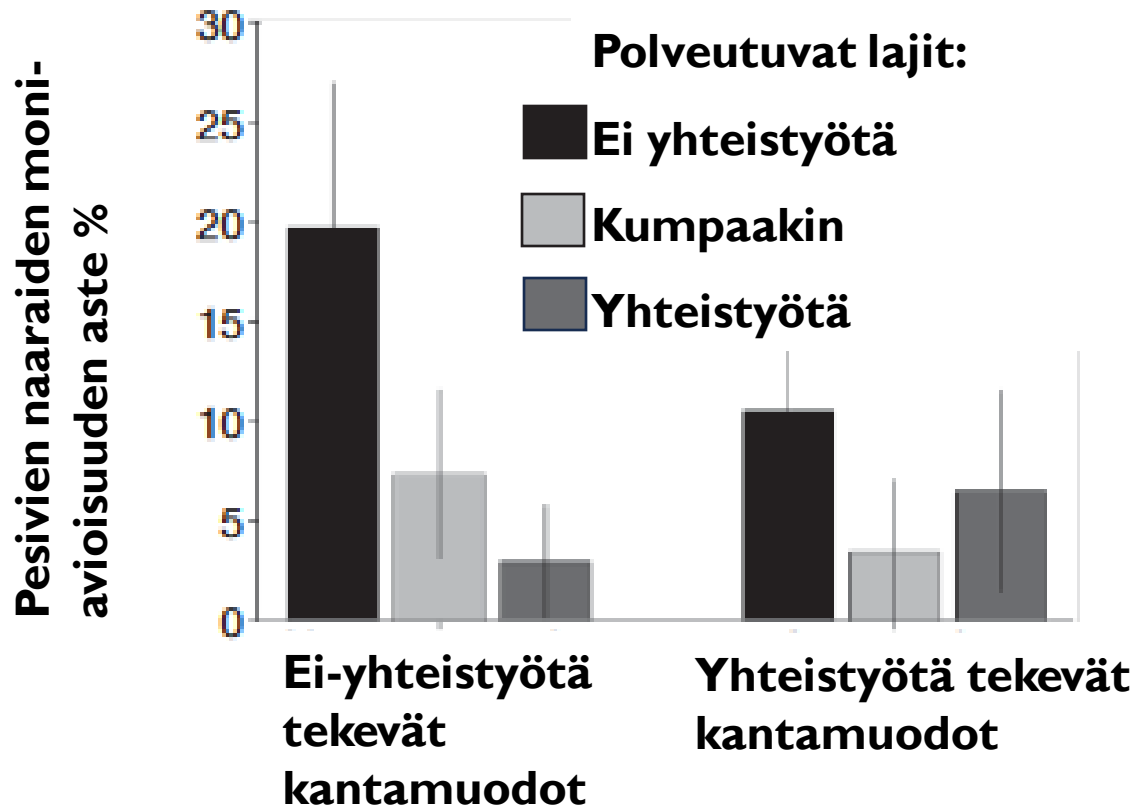
Ympäristöstä kertovien tietokantojen yhdistäminen
tähän antaa lisää tietoa





Lisääntymisyhteistyö, missä jälkeläiset auttavat vanhempiaan, on yleisempää yksiavioisissa lajeissa: näissä kaikki jälkeläiset ovat läheistä sukua keskenään

Mutta tämä ei kerro piirteiden evoluutiojärjestyksestä: piirteiden kartoittaminen fylogeniaan kertoo mikä on evolutiivinen alkutilanne

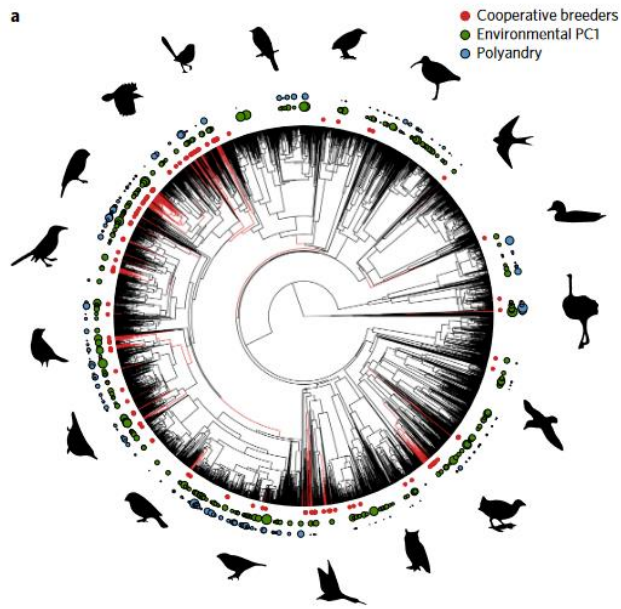


Yhteistyötä tekevien lajien kantamuodot ovat todennäköisemmin sellaisia, joissa auttajien ja jälkeläisten sukulaisuus on korkea (yksiavioisia)

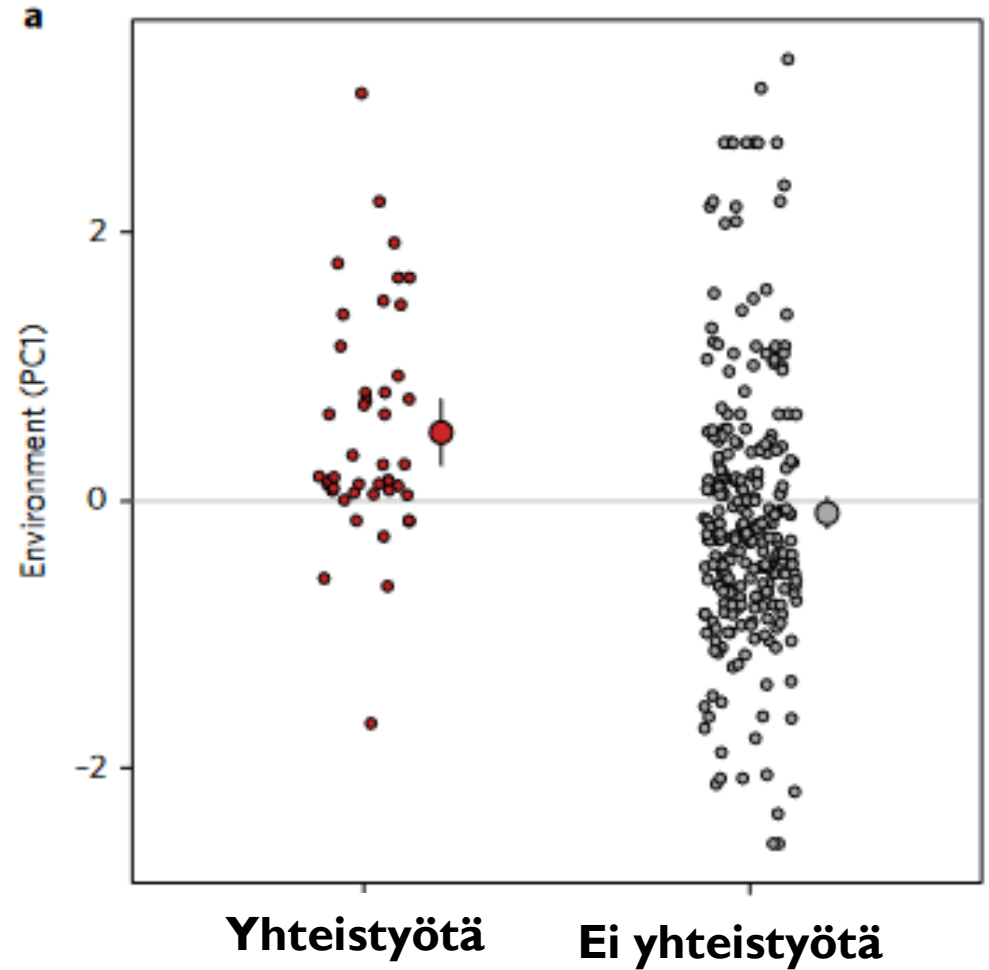
Yhteistyön synty ja hajoaminen liittyvät sukulaisuusasteen muutoksiin

Entä ympäristön rooli - pelkkä sukulaisuus ei tietenkään riitä, eikä sukulaisuus selitä kaikkea yhteistyötä

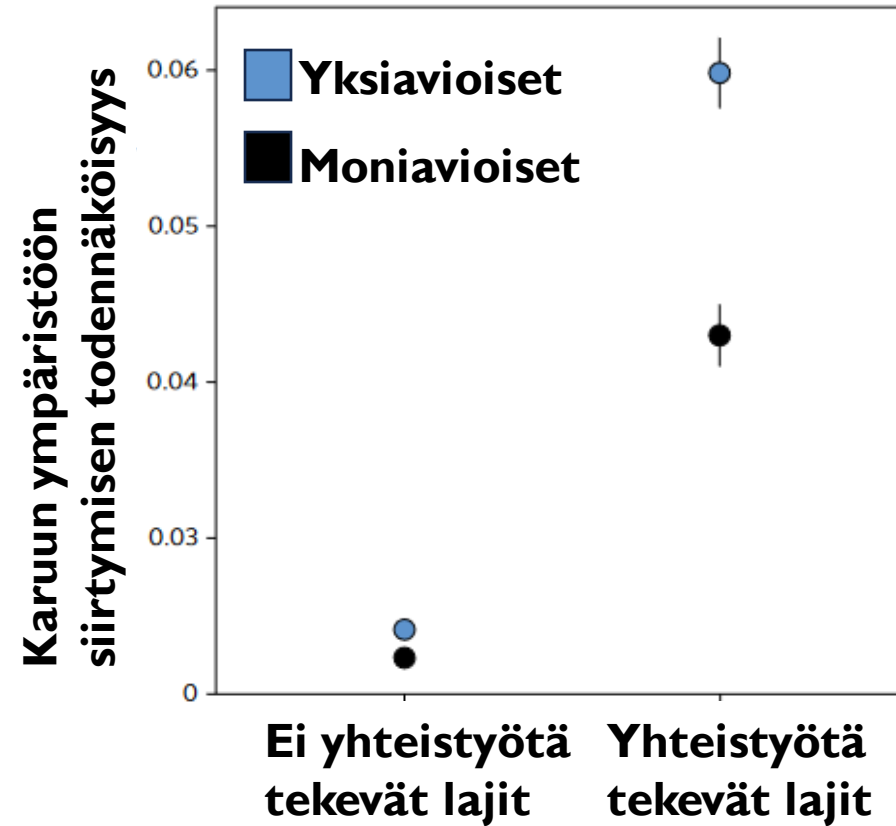
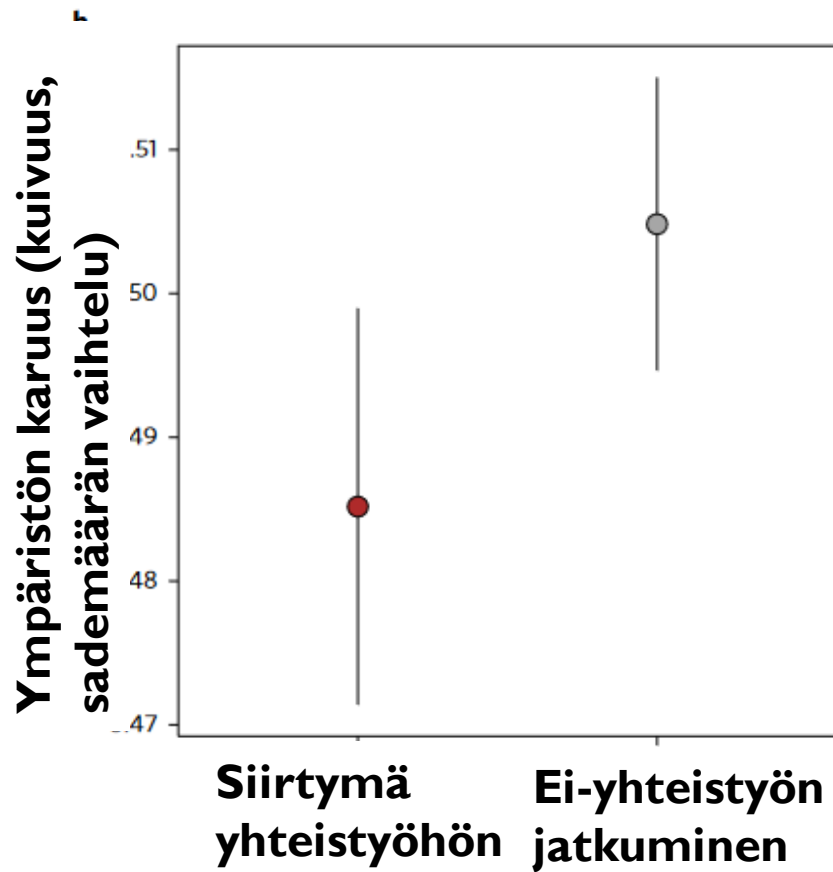
Perinteinen näkemys: avustaminen ja yhteistyö syntyy karuissa oloissa, joissa yksin lisääntyminen on haastavaa, tällöin avusta on vain pienet kustannukset ja paljon hyötyä



Ympäristön karuus (kuivuus, sademäärän vaihtelu)



Fylogeneettinen analyysi yhdistettynä ympäristödataan auttaa testaamaan tätä hypoteesia: voidaan rekonstruoida kohdat joissa yhteistyö on syntynyt ja niissä vallinneet ympäristöolot



**Fylogeneettinen analyysi paljastaa toisenlaisen selityksen:
Yhteistyön evoluutio ei ole todennäköisempää karuissa oloissa,
mutta yhteistyötä tekevät lajit pystyvät paremmin valtaamaan
karuja elinympäristöjä**

Yhteenveto:

Nykyhetken fenotyyppidata yhdistettynä yhä parempaan eliökunnan sukupuun tuntemukseen ja tehokkaisiin tilastomenetelmiin on voimakas keino adaptiivisten hypoteesien testaamiseen

Eri lajeista kerätyn tiedon koostaminen tietokantoihin on tärkeä osa alan kehitystä: meta-analyysit, vertailevat työt

Vertailevat analyysit useassa eliöryhmässä tukevat sukulaisvalintateorian ennusteita: sukulaisuus on keskeistä yhteistyön evoluutiolle, ja siten koko elonkirjon historialle – monimutkainen elämä perustuu pohjimmiltaan yhteistyölle

Esimerkki IV: sukulaisvalinta, yhteistyö ja konfliktit

Sukulaisvalinta teoria selittää miten sukulaisten välinen yhteistyö voi kehittyä, mutta sama teoria voi myös ennustaa konflikteja ryhmien sisälle

Kun eletään ryhmissä joiden sisällä yksilöiden väliset sukulaisuuden asteet vaihtelevat, on yksilöiden evolutiivisten ”intressien” välillä eroja

Mitä kaukaisempaa sukua yksilöt ovat, sen todennäköisempää konflikti on





Ozan, M., Helanterä, H., d'Ettorre, P., & Sundström, L. (2023). Queen fecundity, worker entourage and cuticular chemistry in the ant *Formica fusca*. *Proceedings of the Royal Society B*, 290(2004), 20230861.

Helanterä, H., Ozan, M., & Sundström, L. (2023). Relatedness modulates reproductive competition among queens in ant societies with multiple queens. *Behavioral Ecology*, 34(3), 340-345.

Schultner, E., Gardner, A., Karhunen, M., & Helanterä, H. (2014). Ant larvae as players in social conflict: relatedness and individual identity mediate cannibalism intensity. *The American Naturalist*, 184(6), E161-E174.



Lotta Sundström



Eva Schultner



Martina Ozan

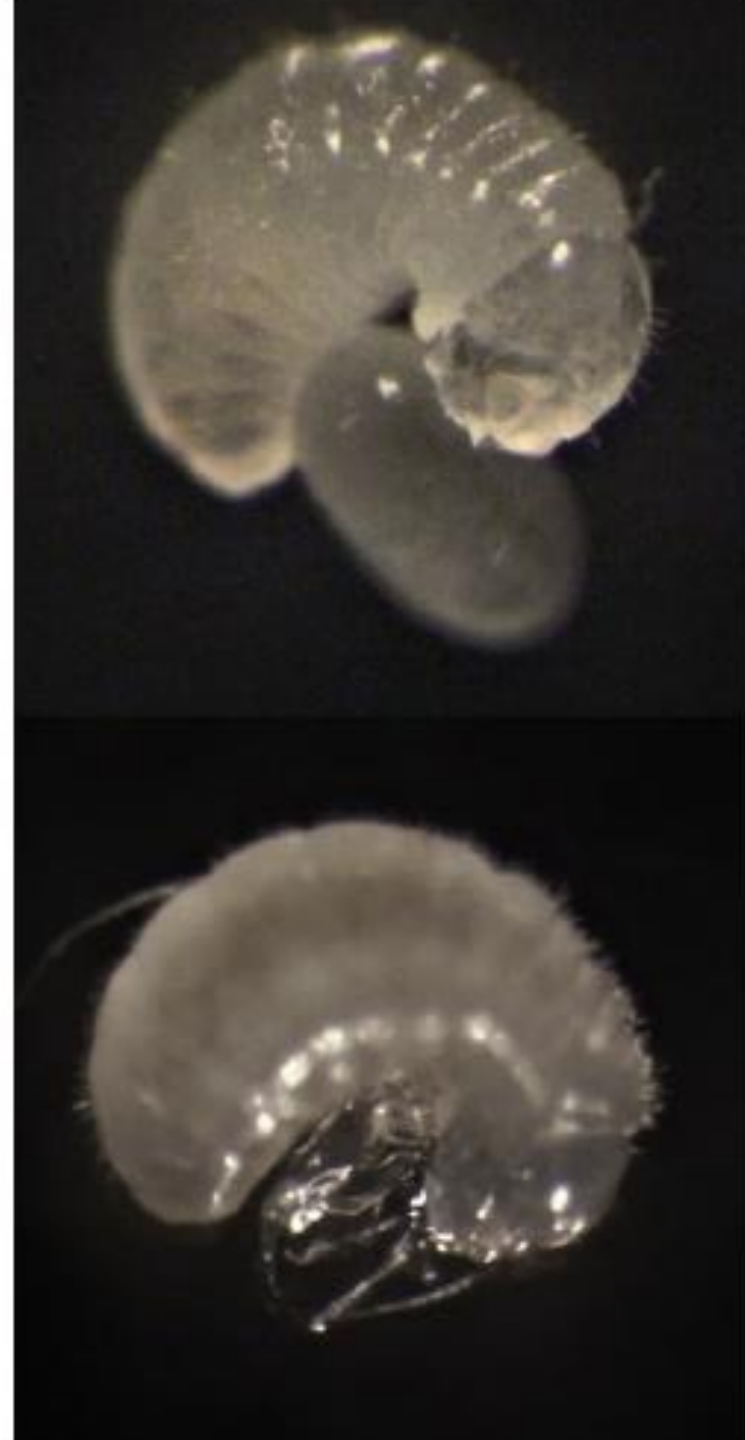
Esimerkki *Formica*-suvun muurahaisista

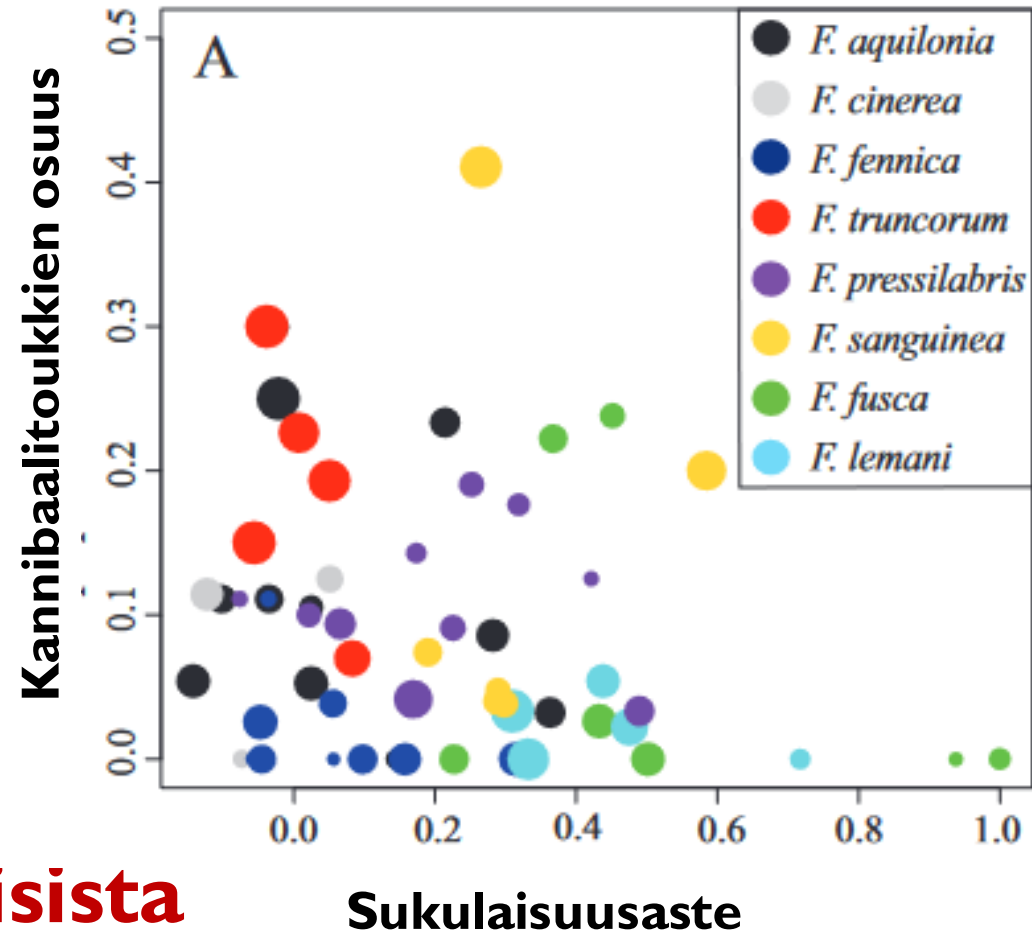
Toukat syövät usein pesissä kasvaessaan munia

**Tämä voidaan nähdä kilpailuna ja ”itsekkäänä”
resurssien haalimisena**

**Sukulaisvalintateoriasta johdetut matemaattiset
mallit osoittavat että tällaisen käytöksen tulisi olla sitä
yleisempää, mitä matalampi sukulaisuus pesän sisällä
vallitsee**

***Formica*-suvun lajien ja pesien välillä suurta vaihtelua
kuningatarten määrässä ja siten myös sukulaisuudessa**





Esimerkki *Formica*-suvun muurahaisista

Eli voimme kokeellisesti testata teorian ennustetta:
onko ”kannibalismi” yleisempää pesissä joissa sukulaisuus on matala?

Kyllä on: sukulaisvalintateoriasta johdettu matemaattinen malli selittää
kannibalismin esiintymisen

Entä samassa pesässä asuvat ja lisääntyvät kuningattaret?

Miten kuningattaret jakavat lisääntymisen ja miten sukulaisuus vaikuttaa tähän?

Koordinaatiota vai kilpailua?

Tutkimuslaji mustamuurahainen *Formica fusca*: pesissä usein muutamia kuningattaria, ja näiden keskinäinen sukulaisuuden aste voi olla hyvin vaihteleva





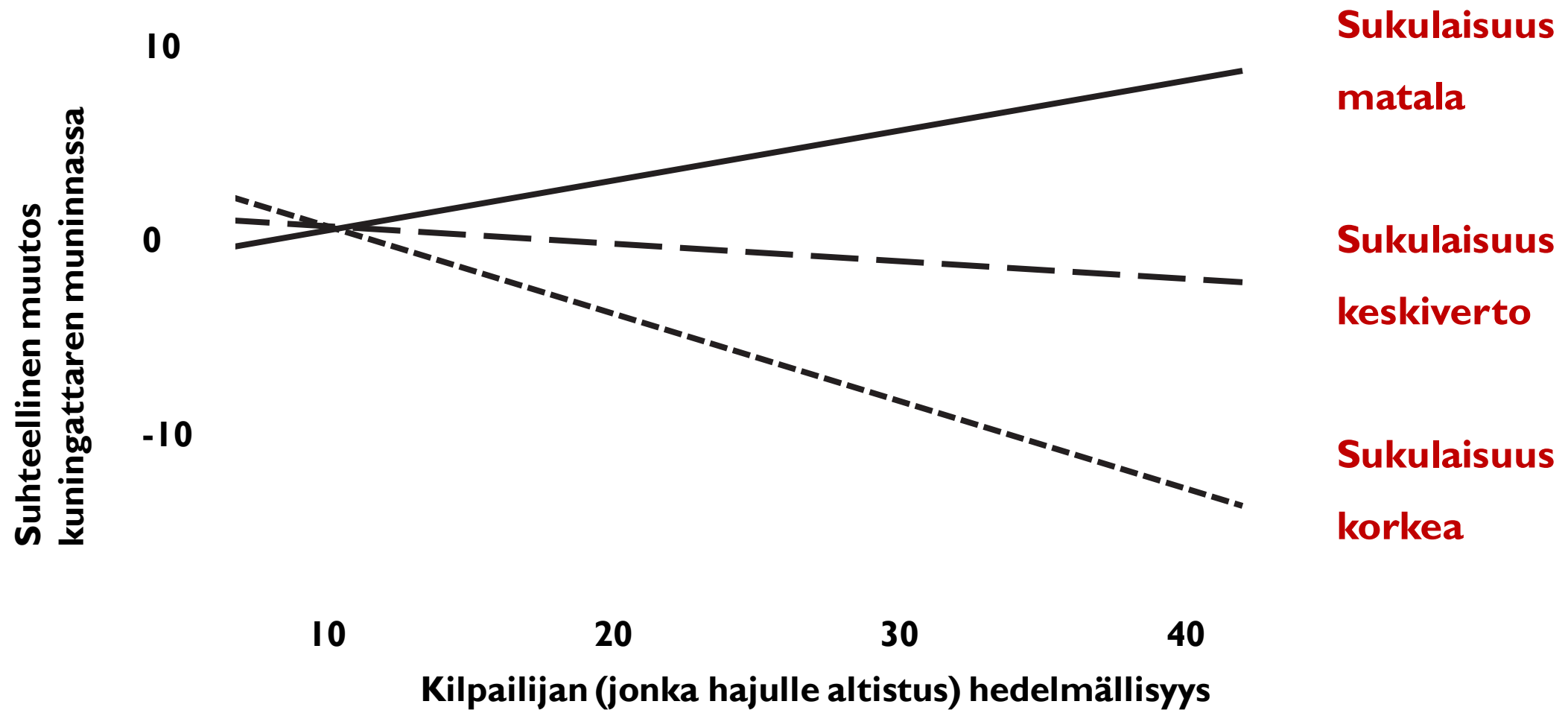
Kuva: Lotta Sundström

Koordinaatiota vai kilpailua?

Koe: kuningattaret altistettiin kemikaaleille jotka olivat peräisin joko lähisukuisen tai etäisen sukulaisen pinnalta, ja joiden hedelmällisyys vaihteli

Jos kuningattaret kilpailevat, pitäisi kuningattaren lisätä omaa munintaansa aistiessaan kilpailijan

Jos kuningattaret lisääntyvät koordinoitusti, pitäisi kuningattaren hillitä munimistaan aistiessaan toisen kuningattaren läsnäolon



Vaste riippui sukulaisuudesta: lähisukulaisten kanssa lisääntymistä koordinoitiin, kaukaiset sukulaiset puolestaan johtivat kiihtyneeseen kilpailuun

Kaikki tämä pelkästään kuningattaren pinnasta eristettyjen kemikaalien haistamisen perusteella!

Yhteenveto:

Eli muurahaiset voivat tehdä yhteistyötä, tai toisaalta kilpailla kiihkeästi, hyvin joustavasti tilanteen mukaan

Sukulaisuus tässäkin keskeinen selittävä tekijä

Kemialliset analyysit paljastavat että pintakemikaalit kertovat kuningattaren hedelmällisyydestä, ja mahdollisesti myös sukulaisuuden asteesta

Evoluutiotutkimus on hyvin monipuolista:

Mikä eliö vaan on sopiva tutkimuskohde

Matemaattista teoriaa, viimeisintä teknologiaa

Kokeita, maastotöitä

Eliöiden perusbiologian tuntemuksen merkitys yhä korvaamaton

Evolutiivista ymmärrystä voidaan syventää mekanismien ja organismien fysiologian ja molekyylitason toiminnan kautta, ja päinvastoin

Mekanistiset ”miten” –selitykset täydentävät evolutiivisia ”miksi” -selityksiä

Vaikka evoluutioteorian keskeinen asema onkin vankkumaton, avoimia kysymyksiä tietysti riittää

Epigeneettisen ja muun ei-geneettisen periytymisen laajuus ja merkitys

Genomien evoluutio: roska-DNA ja erilaiset säätelyelementit, neutraalin ja adaptiivisen evoluution suhde

Genomidatan valtava määrä antaa mahdollisuuksia lopultakin toden teolla testata 1900-luvun alkupuolen teorioita, mutta valtavat datamassat tuovat uusia haasteita

Kehitysbiologia, morfologinen evoluutio ja evoluution innovaatiot

Evoluutiopotentiaalinen evoluutio, miten esim. säätelyverkostojen monimutkaisuus vaikuttaa evoluution kulkuun

Biodiversiteettikriisi: huonosti tunnettuja ja monimuotoisia eliöryhmiä yhä paljon, ja voi olla että niitä ei ikinä ehditä kuvaamaankaan – tässäkin DNA-menetelmillä keskeinen osuus

Miksi evoluutiotutkimusta?

Keskeinen teoria tieteelliselle maailmankatsomukselle

Emme voi ymmärtää elonkirjon tulevaisuutta ymmärtämättä prosesseja sen synnyn taustalla

Evoluutio on muutoksen teoria, ja tämän muutoksen rajoitteiden, reunaehtojen ja potentiaalain ymmärtäminen on välttämätöntä ympäristönmuutoksen pitkän aikavälin seurausten ymmärtämiseksi