

University of Groningen

What lies beneath?

Janzen, Thijs

IMPORTANT NOTE: You are advised to consult the publisher's version (publisher's PDF) if you wish to cite from it. Please check the document version below.

Document Version
Publisher's PDF, also known as Version of record

Publication date:
2015

[Link to publication in University of Groningen/UMCG research database](#)

Citation for published version (APA):
Janzen, T. (2015). *What lies beneath? How patterns in ecology and evolution inform us about underlying processes.* [S.n.].

Copyright

Other than for strictly personal use, it is not permitted to download or to forward/distribute the text or part of it without the consent of the author(s) and/or copyright holder(s), unless the work is under an open content license (like Creative Commons).

The publication may also be distributed here under the terms of Article 25fa of the Dutch Copyright Act, indicated by the "Taverne" license. More information can be found on the University of Groningen website: <https://www.rug.nl/library/open-access/self-archiving-pure/taverne-amendment>.

Take-down policy

If you believe that this document breaches copyright please contact us providing details, and we will remove access to the work immediately and investigate your claim.

Downloaded from the University of Groningen/UMCG research database (Pure): <http://www.rug.nl/research/portal>. For technical reasons the number of authors shown on this cover page is limited to 10 maximum.

Samenvatting

Veel onderzoek kan gedaan worden door dingen direct te observeren in de natuur, of te bestuderen in het laboratorium. Sommige biologische processen zijn echter extreem langzaam, of geografisch ingewikkeld, waardoor het onmogelijk wordt om deze processen direct waar te nemen. Evolutie is bijvoorbeeld een erg langzaam proces, waarbij het soms miljoenen jaren duurt voordat een nieuwe dier- of plantensoort is ontstaan. Voor deze processen moeten we dus op zoek naar een andere manier om ze te bestuderen en beter te begrijpen.

Het is gelukkig mogelijk om de patronen te bestuderen die door deze processen worden veroorzaakt. Als je bijvoorbeeld een pot neemt met een kleur verf, dan kun je terugredeneren welke kleuren zijn gemengd om deze kleur verf te krijgen. Bij sommige kleuren is dat makkelijk, zoals bijvoorbeeld bij oranje. Een pot met oranje verf krijg je door rode verf te mengen met gele verf. In de biologie kunnen we iets vergelijkbaars doen, door bijvoorbeeld op zoek te gaan naar patronen in het DNA van twee soorten: als we vinden dat twee soorten vaak dezelfde stukjes DNA hebben, kunnen we die informatie gebruiken om te achterhalen in welke mate deze twee soorten verwant zijn en kunnen we terugrekenen hoe lang het geleden is dat ze zijn ontstaan.

Het omgekeerde is ook mogelijk: het bedenken van een proces en daarna zien wat voor patronen dit zou kunnen opleveren. Stel dat je niet logisch kunt beredeneren welke kleuren zijn gebruikt om een pot verf te krijgen, zoals bij bijvoorbeeld bruine verf. In plaats van te beredeneren welke kleuren verf er gemengd zijn, zou je ook heel veel verschillende combinaties kunnen proberen, net zolang tot je een combinatie hebt die lijkt op de kleur die je zoekt. Met behulp van een computermodel hoef je niet alles met de hand te mengen en kan je nog veel meer combinaties proberen, zodat je nog beter kunt achterhalen welke kleuren er gebruikt zijn.

In mijn thesis heb ik ook deze aanpak gebruikt, waarbij ik aan de hand van een patroon het onderliggende proces “reconstrueer” met behulp van computermodellen. Ik heb daarbij gekeken naar processen op het niveau van ecosystemen, en naar evolutie.

In het eerste deel van mijn thesis heb ik modellen ontwikkeld die kijken naar de soortensamenstelling van een ecosysteem. Kunnen bijvoorbeeld de eigenschappen van de soorten die we tegenkomen in een ecosysteem ons iets vertellen over hoeveel competitie er is in het ecosysteem? In **hoofdstuk 1** heb ik een computermodel ontwikkeld dat de soortensamenstelling van een ecosysteem simuleert aan de hand van drie verschillende processen: 1) competitie tussen soorten, 2) restricties van de omgeving en 3) een kansproces. Ik heb dit model getoetst op bekende soortensamenstellingen van bomen op de Savanne in Zuid Afrika. Het bleek dat 70% van de soortensamenstelling niet zozeer het gevolg was van competitie of limitaties van de omgeving, maar van kansprocessen. In **hoofdstuk 2** heb ik dit zelfde model toegepast op de soortensamenstelling van cichliden in het Tanganyikameer, in Zambia. Cichliden zijn een familie van vissen. In het Tanganyikameer komen ongeveer 250 soorten cichliden voor. Cichliden zijn daar in de afgelopen 10 miljoen jaar razendsnel geëvolueerd en de grote vraag is hoe het kan dat al deze soorten samen in één meer voorkomen. Met ons model vonden

we dat ook hier het kansproces de belangrijkste factor was en dat competitie en limitaties van de omgeving maar een klein deel van de soortensamenstelling verklaarden.

In het **derde hoofdstuk** heb ik mij verder verdiept in hoe kansprocessen soortensamenstellingen kunnen beïnvloeden. In een tropisch regenwoud vinden we bijvoorbeeld twee typen bomen: bomen die hun zaden verspreiden via de wind en bomen die hun zaden verspreiden met hulp van vogels en kleine zoogdieren. De kans dat een zaadje op een vruchtbare plek in het bos terecht komt, zou wel eens kunnen afhangen van hoe het verspreid wordt. Kunnen we misschien aan de hand van de soortensamenstelling van een tropisch regenwoud achterhalen welke manier van zaden verspreiden succesvoller is? Ik heb een al bestaand model van verspreiding aangepast zodat beide typen bomen er mee gemodelleerd kunnen worden en daarna het model toegepast op tropische bomen van het bos op Barro Colorado Island, in Panama. Met dat model heb ik weten te achterhalen dat bomen die gebruik maken van vogels of zoogdieren om hun zaden te verspreiden, tot wel vijf keer zo succesvol zijn als bomen die gebruikmaken van wind om hun zaden te verspreiden.

In het tweede deel van mijn thesis heb ik gekeken naar patronen in evolutionaire stambomen. Een evolutionaire stamboom werkt op dezelfde manier als een “normale” stamboom (zie ook figuren 1 en 2): de uiteinden van de boom (de blaadjes) zijn de soorten die nu voorkomen (de nu levende familieleden) en via de takken van de boom zien we hoe de soorten over de tijd uit elkaar zijn ontstaan (aan elkaar verwant zijn). Aan de wortel van de boom staat de overovergrootouder: de gemeenschappelijke voorouder. Zo’n evolutionaire stamboom wordt gereconstrueerd aan de hand van de gelijkenis in het DNA tussen soorten. Zo kunnen we terug in de tijd kijken en aan de hand van zo’n boom kunnen we niet alleen zien hoe soorten aan elkaar verwant zijn, maar ook hoe snel nieuwe soorten zijn ontstaan. Voordat ik in de hieropvolgende hoofdstukken naar deze stambomen ben gaan kijken, heb ik eerst in **hoofdstuk 4** gekeken naar aannames die worden gemaakt bij het reconstrueren van een evolutionaire stamboom. Daarbij heb ik vooral gekeken of deze aannames van invloed zijn op latere schattingen van soortsvormingssnelheid gebaseerd op dezelfde boom. Zo worden er bijvoorbeeld aannames gedaan over de snelheid van veranderingen in het DNA en

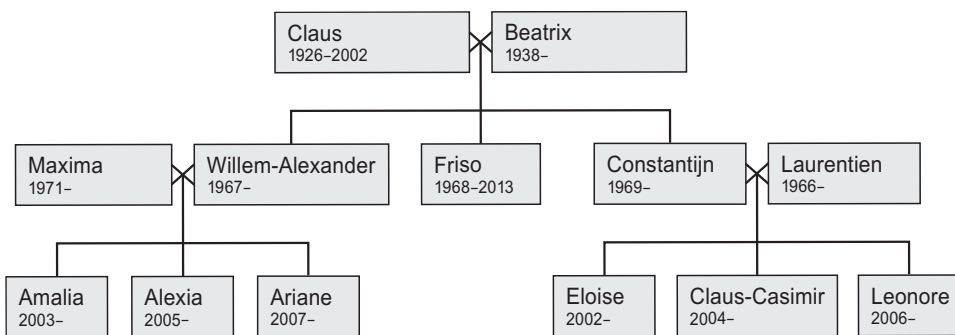


Figure 1. Gesimplificeerde stamboom van het Nederlandse koningshuis.

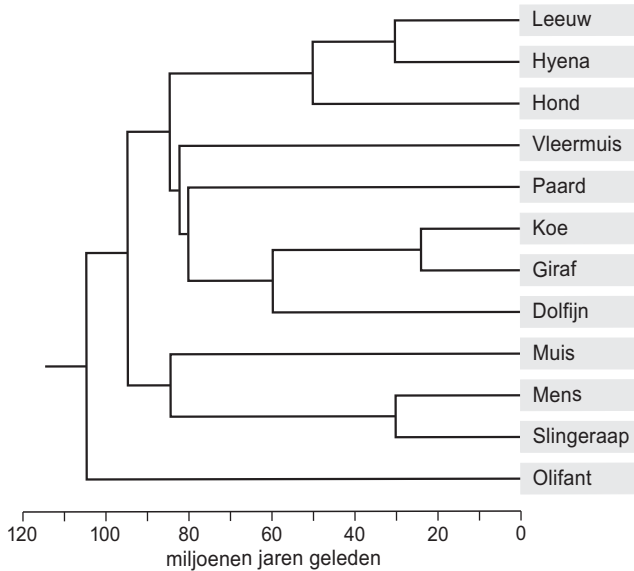


Figure 2. Gesimplificeerde evolutionaire stamboom van de zoogdieren (gebaseerd op Meredith *et al.* 2011). Waar de stamboom van het koningshuis (figuur 1) bijhoudt hoe de verschillende familieleden zich verhouden tot elkaar, geeft de evolutionaire stamboom van de zoogdieren op vergelijkende wijze weer hoe de verschillende families binnen de zoogdieren van elkaar afstammen.

aannames over de snelheid waarmee nieuwe soorten achter elkaar kunnen ontstaan. Uit mijn onderzoek bleek dat deze aannames uiteindelijk weinig tot geen invloed hebben op schattingen van soortsvormingssnelheid.

In **hoofdstuk 5** heb ik getoetst hoe goed verschillende eigenschappen van een evolutionaire stamboom gebruikt kunnen worden om de snelheid van soortsvorming terug te schatten. Aan de hand van het aantal soorten in de boom en de hoeveelheid tijd die er is verstreken sinds de gemeenschappelijke voorouder leefde, kunnen we bijvoorbeeld al een ruwe schatting maken van de soortsvormingssnelheid. Daarnaast heb ik een nieuwe eigenschap van een evolutionaire stamboom beschreven. Deze eigenschap maakt niet alleen gebruik van het aantal soorten aan de wortel en aan de uiteinden van de boom, maar ook van het aantal soorten op de tussenliggende takken. Het blijkt dat deze nieuwe eigenschap veel accurater is dan andere, eerder gebruikte, eigenschappen in het berekenen van de soortsvormingssnelheid.

In **hoofdstuk 6** heb ik aan de hand van patronen in de evolutionaire stamboom van een familie van cichliden (*Lamprologini*) uit het Tanganyikameer geprobeerd te achterhalen in hoeverre veranderingen in de waterstand van het Tanganyikameer van invloed zijn geweest op de grote biodiversiteit van deze familie. Hoewel de veranderingen in de waterstand vaak worden aangedragen als verklaring voor de soortenrijkdom in het meer, vind ik aan de hand van de evolutionaire stamboom geen aanwijzingen dat deze veranderingen in waterstand van belang zijn geweest.

Ook al kunnen we sommige biologische processen niet direct observeren, de patronen die deze processen veroorzaken blijken een schat van informatie te zijn en geven ons de mogelijkheid om indirect iets te weten te komen over deze processen. In mijn thesis heb ik patronen in ecosystemen en evolutionaire stambomen gebruikt om meer te weten te komen over competitie, migratie en de invloed van de omgeving op soortsvorming. Mijn bevindingen benadrukken vooral dat een groot deel van de patronen die we tegenkomen in ecosystemen en in evolutionaire stambomen het gevolg zijn van kansprocessen. Dat wil overigens niet zeggen dat al die patronen slechts door toeval zijn ontstaan. Hoewel het precieze nummer dat je gooit met een dobbelsteen toeval is, kunnen we wel de kans dat je drie ogen gooit berekenen en kunnen we uitrekenen wat het gemiddelde aantal ogen is na 100 worpen. De onderliggende processen die het ontstaan van nieuwe soorten beïnvloeden, of de processen die van invloed zijn op de soortensamenstelling van een ecosysteem werken op dezelfde manier. We kunnen dus niet precies bepalen op welk moment zo'n proces van belang is, maar we kunnen wel achterhalen wat de uitkomst is van het vaak herhalen van deze processen.

Huidig onderzoek naar evolutie en ecosystemen onderkent maar in beperkte mate het belang van deze kansprocessen. Met mijn thesis hoop ik te hebben laten zien dat het belangrijk is deze kansprocessen mee te nemen in onze studie van evolutie en ecosystemen.

