



---

## Curriculum Vitae Prof. Dr. Axel Meyer



**Name:** Axel Meyer  
**Geboren:** 4. August 1960

### **Forschungsschwerpunkte: molekulare Phylogenetik, evolutionäre Genomik, genetische Basis von Adaptationen**

Axel Meyer ist Evolutionsbiologe. Seine Forschungsschwerpunkte umfassen molekulare Phylogenetik, evolutionäre Genomik und Probleme der genetischen Basis von Adaptationen und des Artbildungsprozesses. Mithilfe von Erbgut-Abschnitten untersucht er die Funktion und Veränderung bestimmter stammesgeschichtlich wichtiger Gene sowie die evolutionären Beziehungen verschiedener Arten, insbesondere Fischarten.

### **Akademischer und beruflicher Werdegang**

- 2017 - 2018 Radcliffe Fellowship am Radcliffe Institute for Advanced Study, Harvard University, Cambridge, USA
- seit 1997 Professor für Zoologie und Evolutionsbiologie an der Universität Konstanz
- 1993 - 1997 Associate Professor an der Stony Brook University, Southampton, USA
- 1990 - 1993 Assistant Professor an der Stony Brook University, Southampton, USA
- 1988 - 1990 Postdoc an der University of California, Berkeley, USA
- 1988 PhD im Fach Zoologie an der University of California, Berkeley, USA
- 1986 - 1987 Austauschjahr an der Harvard University, Cambridge, USA
- 1985 - 1988 PhD-Programm an der University of California, Berkeley, USA
- 1985 Master im Fach Zoologie an der University of California, Berkeley, USA

1979 - 1985 Studium der Biologie an der Philipps-Universität Marburg, der Christian-Albrechts-Universität Kiel, der University of Miami, USA und der University of California, Berkeley, USA

### **Projektkoordination, Mitgliedschaft in Verbundprojekten**

- seit 2020 DFG-Projekt „Anwendung von integrativen Multispezies-Koaleszenzmodellen zur Bewältigung des langwierigen Problems der Artenabgrenzung in allopatrisch vorkommenden Populationen“, Teilprojekt im Schwerpunktprogramm SPP 1991 „Taxon-OMICS: Neue Herangehensweisen zur Entdeckung und Benennung von Arten und Biodiversität“
- seit 2020 DFG-Projekt „Genomik von Hybridisierung und Artenabgrenzung in Cichliden“, Teilprojekt im Schwerpunktprogramm SPP 1991 „Taxon-OMICS: Neue Herangehensweisen zur Entdeckung und Benennung von Arten und Biodiversität“
- seit 2019 DFG-Projekt „Das Mega-Genom des Lungenfischs: Analyse der größten Wirbeltiergenome und der Evolution von Anpassungen der Tetrapoden“
- seit 2018 DFG-Projekt „Der Einfluß von phänotypischer Plastizität und genetischer Assimilation auf die konvergente Evolution und Diversifikation von Buntbarschen in Ostafrikanischen adaptiven Radiationen“, Teilprojekt im Schwerpunktprogramm SPP 1819 „Rapid evolutionary adaptation: Potential and constraints“
- 2017 - 2021 DFG-Graduiertenkolleg GRK 2272 „R3 - Reaktionen auf biotische und abiotische Veränderungen, Resilienz und Reversibilität von Seeökosystemen“
- seit 2017 DFG-Projekt „Arten und Artengrenzen in den drei adaptiven Radiationen der Buntbarsche Afrikas“, Teilprojekt im Schwerpunktprogramm SPP 1991: „Taxon-OMICS: Neue Herangehensweisen zur Entdeckung und Benennung von Arten und Biodiversität“
- 2015 - 2019 DFG-Projekt „Die Molekulare Grundlage von Phänotypischer Plastizität und Genetischer Assimilation in schnell evolvierender Linien Ostafrikanischer Buntbarsche“
- 2012 - 2017 DFG-Projekt „ Genetic mapping of the Midas cichlid GOLD locus“
- 2011 - 2016 DFG-Projekt „ Genetic investigation of mouth asymmetry and lateralized (handed) foraging behavior in the scale-eating cichlid fish, *Perissodus microlepis*, from Lake Tanganyika, Africa“
- 2005 - 2012 DFG-Projekt „Charakterisierung und Kartierung von ‚quantitative trait loci‘ (QTL) bei ostafrikanischen Buntbarschen der Tribus Haplochromini“
- 2005 - 2012 DFG-Projekt „Fischparasiten und Bakterienfilm als genetische Marker der Demographieänderung und der Migrationsrouten des Nordatlantischen Aals“

- 2004 - 2007 DFG-Projekt „Evolution der modernen Amphibien, erschlossen aus Phylogenien von Kerngenen“
- 2002 - 2009 DFG-Projekt „Mechanisms of speciation in sympatry in polymorphic crater lake cichlid fish: the Neotropical *Amphilophus citrinellus* species complex“
- 2002 - 2007 DFG-Projekt „Die Phylogenie der Buntbarsche des Tanganyikasees“
- 2002 - 2007 DFG-Projekt „In vivo Markierung GABAerger Interneurone“
- 2001 - 2010 Leiter des DFG-Projekts „Populationsstruktur und postglaziale Kolonisierung von exemplarisch ausgewählten Fischarten des Bodenseelittorals mit unterschiedlicher ökologischer Spezialisierung“, Teilprojekt im Sonderforschungsbereich SFB 454 „Bodenseelitoral“
- 2001 - 2009 DFG-Projekt „Gen- und Genomduplikationen und die Evolution neuer Genfunktionen bei Deuterostomiern“
- 2000 - 2006 DFG-Projekt „Molekulare Phylogenie der Poecillidae (Pisces), Rekonstruktion ihrer Biogeographie und sexuelle Selektion innerhalb der Gattung *Xiphophorus*“
- 2000 - 2003 DFG-Projekt „Phylogenie und adaptive Radiation thalassoider Gastropoden des Tanganjika-Sees (Ostafrika) auf der Grundlage neuer morphologischer und molekularer Befunde“
- 2000 - 2003 DFG-Projekt „Entwicklungsbiologische Basis der evolutionären Diversifizierung des Kiemenskeletts von Teleostern“
- 2000 - 2003 DFG-Projekt „Molekular-phylogenetische Analysen zur Evolution der Landwirbeltiere“
- 1998 - 2003 DFG-Projekt „Phylogenetisch-molekulare Systematik und Evolutionsökologie limnischer Gastropoden (Cerithioidea, Thiaridae s.l.) der Zentralseen von Sulawesi, Indonesien: Ein Modellfall adaptiver Radiation?“

### **Auszeichnungen und verliehene Mitgliedschaften**

- seit 2020 Associate des Museum of Comparative Zoology, Harvard University, Cambridge, USA
- seit 2020 Mitglied des Scientific Council der Stazione Zoologica Anton Dohrn, Neapel, Italien
- seit 2019 International Honorary Member der American Academy of Arts and Sciences (USA)
- 2018 Luigi Tartufari International Prize in Molecular, Cellular, Evolutionary Biology der Accademia Nazionale Dei Lincei, Rom, Italien
- 2017 Wahl in den Kreis der 500 wichtigsten Intellektuellen des Cicero Magazin für Politische Kultur
- 2013 Mitglied der Hector Fellow Academy
- 2012 - 2017 Advanced Grant of the European Research Council (ERC)

seit 2012	Mitglied der Academia Europaea
2012	Hector Wissenschaftspreis der Hector Stiftung
seit 2009	Mitglied der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften
seit 2009	Mitglied der Nationalen Akademie der Wissenschaften Leopoldina
2009	Carus-Medaille der Nationalen Akademie der Wissenschaften Leopoldina
seit 2009	Mitglied der European Molecular Biology Organisation (EMBO)
2008	EMBO Award for Commucation in the Life Sciences
2000	Akademiepreis der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften
1987	Ernst Mayr Award der Harvard University, Cambridge, USA

### Forschungsschwerpunkte

Axel Meyer ist Evolutionsbiologe. Seine Forschungsschwerpunkte umfassen molekulare Phylogenetik, evolutionäre Genomik und Probleme der genetischen Basis von Adaptationen und des Artbildungsprozesses. Mithilfe von Erbgut-Abschnitten untersucht er die Funktion und Veränderung bestimmter stammesgeschichtlich wichtiger Gene sowie die evolutionären Beziehungen verschiedener Arten, insbesondere Fischarten.

Axel Meyer trug mit seinen Erkenntnissen dazu bei, das traditionelle Verständnis der Entstehungsgeschichte verschiedener Arten im Licht der molekularen Phylogenetik zu revidieren. Insbesondere ermöglichte er ein tieferes Verständnis der Evolution von Hox-Genen, einer evolutiv besonders wichtigen Genfamilie, die die Entwicklung eines Lebewesens entlang der Körperlängsachse steuert.

Zusammen mit anderen Forschern und Forscherinnen gelang Axel Meyer die bedeutende Entdeckung, dass mehr als 25.000 Fischarten eine Extrakopie ihres Erbguts in ihren Körperzellen tragen. Eine solche Verdopplung des Erbguts fand mehrfach in der Evolution statt. Für die betreffenden Lebewesen hat die Erbgutverdopplung große Auswirkungen auf die Überlebenschancen und erlaubt eine evolutive Weiterentwicklung der morphologischen und physiologischen Komplexität.

An Buntbarschen aus einem Kratersee in Nicaragua konnte Axel Meyer neue, bislang unbekannte Mechanismen der Artentstehung nachweisen. So konnte er zeigen, dass nicht nur wie allgemein gedacht eine räumliche Trennung, sondern auch die unterschiedliche Färbung in einer Population über sexuelle Auslese zur Artaufspaltung führen kann, und zwar innerhalb von nur wenigen tausend Generationen und damit viel schneller, als bislang angenommen.