

EVOLUTION

Der Texas-Plattegel und die Evo-Devo-Forschung

*Im Jahr 1997 wurde der kalifornische Platt-Egel *Helobdella robusta* als Modellorganismus zur Analyse der Ringelwurm (Anneliden)-Entwicklung ausgewählt und dessen Genom sequenziert. Da diese Egel in Aquarien auf Dauer nicht haltbar waren, wurde eine ähnlich aussehende Art aus Austin (Texas), die leicht kultiviert werden kann, als Ersatzobjekt eingesetzt. Diese als Texas-Egel (*Helobdella austinensis*) beschriebene Spezies ist heute der zentrale Labor-Annelide für entwicklungsbiologisch-molekularphylogenetische Studien, obwohl sein Genom noch nicht sequenziert wurde.*

Egel (Hirudinea) unterscheiden sich von anderen Ringelwürmern (Annelida) durch zwei Saugnäpfe an den Körperenden und eine räuberische beziehungsweise parasitische Lebensweise. Diese agilen „Blut-sauger“ sind insbesondere durch den ca. 10 cm langen Europäischen Medizinischen Blutegel (*Hirudo medicinalis*) populär [1, 2].

Platt-Egel der Gattungen *Glossiphonia* und *Helobdella*, nur 1 bis

2 cm kleine, räuberisch lebende Süßwasserbewohner, sind hingegen weniger bekannt, obwohl man sie häufig in Bächen finden kann. Diese zum Schwimmen unfähigen „Körpersaft-Sauger“ stechen mit ihrem ausstülpbaren Rüssel kleine Wirbellose, wie Mückenlarven, Tubifexwürmer und Wasserschnecken an und saugen ihren Wirtsinhalte aus.

Seit Anfang der 1980er Jahre werden Platt-Egel der Gattung *Helobdella* als Modellorganismen zum Studium der Anneliden-Entwicklung (Ontogenese) eingesetzt, da die Eier beziehungsweise daraus hervorgegangenen Embryonen am Bauch des zwittrigen „Muttertiers“ festgeheftet umhergetragen werden. Nach Isolation können die Embryonen problemlos in Petrischalen kultiviert und mikroskopisch analysiert werden.

Auf der Suche nach einem Modellorganismus

Ausgehend von einigen Tieren, die in Teichen des Golden Gate Park von San Francisco (Kalifornien, USA) gesammelt und dem Südamerikanischen Dreistreifen-Egel (*Helobdella triserialis*) zugeordnet wurden, hat die Gruppe um David A. Weisblat an der UC Berkeley (Kalifornien) ein *Helobdella*-Forschungsprogramm etabliert. Bald zeigte sich jedoch, dass *H. triserialis* in Laborkulturen auf Dauer



ABB. 1 Ausgewachsenes Exemplar des Sacramento-Egels (*Helobdella robusta* Shankland et al. 1992) in kontrahiertem (a) und ausgestrecktem Zustand (b). Das Genom dieses kalifornischen Platt-Egels wurde vollständig sequenziert.

nicht haltbar ist [3]. Nachdem dann für die im Weisblatt-Labor beschriebene kalifornische Schwesterart *H. robusta* (Sacramento-Egel) [4] (Abbildung 1) das Genom sequenziert worden war, lag ein Modellorganismus für die Lophotrochozoa vor, eine Verwandtschaftsgruppe, die unter anderem die Anneliden, Mollusken und Planarien umfasst. Leider stellte sich aber bald heraus, dass auch die Sacramento-Egel (*H. robusta*) unter anderem wegen häufiger Selbstbefruchtungen im Labor nicht auf Dauer kultiviert werden können. Als 1997 im Shoal Creek in Austin, Texas (USA), Platt-Egel entdeckt wurden, die den *H. robusta*-Exemplaren aus Sacramento sehr ähneln, konnte das Forschungsvorhaben erfolgreich weitergeführt werden. Diese als „*H. robusta* (Austin, TX)“ bezeichneten Hirudineen sind leicht im Labor kultivierbar, da sie unter anderem mit Mückenlarven gefüttert werden können und sich nicht selbst befruchten. Der namenlose kalifornische Platt-Egel aus Texas diente daraufhin als

Modellsystem in der molekularphylogenetisch ausgerichteten Entwicklungsbiologie.

Zweifel an der Artzugehörigkeit

Unter Einsatz der DNA-Barcoding-Technik (Sequenzierung eines Fragments des mitochondrialen Gens Cytochrom *c* oxidase subunit I, CO-I) konnten Bely und Weisblatt 2006 [5] nachweisen, dass der sequenzierte Sacramento-Egel (*H. robusta*) im Vergleich zum „Labor-Anneliden“ aus Austin, TX, trotz großer morphologischer Ähnlichkeiten deutliche genetische Unterschiede aufweist: Die Autoren vermuteten, dass zwei verschiedene Arten vorliegen [5].

Obwohl der Artstatus des „Texas-Egels“ ungeklärt war, wurde über Jahre hinweg in hochrangigen Journalen Forschungsarbeiten zur Entwicklung der Platt-Egel, Versuchsobjekt *Helobdella* x, mit Bezug zur Ergründung der Evolution der Lophotrochozoa publiziert. Im September 2011 übergab dann der Evo-Devo-Forscher D. A. Weisblatt (Berkeley) dem Verfasser dieses Artikels dreißig ausgewachsene „*H. robusta* (Austin, TX)“-Egel, mit der Bitte, eine valide Artbeschreibung vorzubereiten. Zunächst wurde in Stanford das Fortpflanzungs- und Fressverhalten dieser unbeschriebenen Labor-Egel analysiert. Morphologisch-anatomische Studien sowie CO-I-Sequenzanalysen, die mit importierten Egel an der Universität Kassel durchgeführt wurden, konnten dann zwei Jahre später zu einer Spezies-Beschreibung ausgebaut werden [6]. Der gut im Labor kultivierbare Texas-Egel mit dem offiziellen Art-Namen „*Helobdella austinensis* Kutschera et al. 2013“ [6] (Abbildung 2) wird seither in der Evo-Devo-Forschung eingesetzt [7].

Die Anneliden-Forschung steht aber vor einem Dilemma: Das Genom des nicht kultivierbaren Sacramento-Egels (*H. robusta*) wurde – unter anderem mit finanzieller



ABB. 2 Vier ausgewachsene Texas-Egel (*Helobdella austinensis* Kutschera et al. 2013). Im Gegensatz zur Schwesterart *H. robusta* (siehe Abbildung 1) kann *H. austinensis* problemlos im Labor kultiviert werden. Die Spezies wird daher anstelle von *H. robusta* als Modellorganismus für entwicklungs- und evolutionsbiologische Studien eingesetzt, obwohl sich die Arten vor Jahrmillionen getrennt haben. Das Genom von *H. austinensis* wurde bisher nicht entschlüsselt.

Unterstützung des *US-Department of Energy* – sequenziert, aber der Texas-Egel (*H. austinensis*) ist inzwischen zum wichtigsten Modellorganismus in der Ringelwurm-Forschung herangereift [7]. Fazit: Man sollte erst die Biologie und Taxonomie einer Tierart erforschen und dann die aufwändige und teure Genom-Analytik vornehmen, denn wer auf das „falsche Pferd“ setzt, kann im Wettlauf der Wissenschaften zum Verlierer werden, zumindest was die verausgabten Forschungsgelder betrifft.

- [1] J. M. Elliott, U. Kutschera, *Freshwater Reviews*, 2011, 4, 21–41.
- [2] U. Kutschera, *Biol. Unserer Zeit*, 2012, 42, 352–353.
- [3] U. Kutschera, *Biol. Unserer Zeit*, 2011, 41, 288–289.
- [4] M. Shankland et al., *Canad. J. Zool.* 1992, 70, 1258–1263.
- [5] A. E. Bely, D. A. Weisblatt, 2006, *Evolution and Development*, 8, 491–501.
- [6] U. Kutschera et al., *Zoosyst. Evol.*, 2013, 89, 239–246.
- [7] S.-J. Cho et al., *Mol. Biol. Evol.*, 2013, doi:10.1093/molbev/mst201.

Ulrich Kutschera, Universität
Kassel/Stanford (USA)
www.evolutionsbiologen.de