

Einblicke in die Evolution von Parasitismus

Wissenschaftler des Max-Planck-Instituts für Entwicklungsbiologie haben zusammen mit amerikanischen Kollegen das Genom des Fadenwurms *Pristionchus pacificus* entschlüsselt. In ihrer in der aktuellen Ausgabe von *Nature Genetics* publizierten Arbeit zeigen die Tübinger Wissenschaftler aus der Abteilung von Professor Ralf J. Sommer, dass das Genom des Fadenwurms aus überraschend vielen Genen mit zum Teil unerwarteten Funktionen besteht. Durch diese Forschungsergebnisse können nun neue Einblicke in die Evolution des Parasitismus gewonnen werden.

Fadenwürmer, auch Nematoden genannt, sind mit weit über einer Million Arten die größte Gruppe des Tierreichs. Die meist nur einen Millimeter großen Würmer kommen auf allen Kontinenten und in allen Ökosystemen der Erde vor. Einige sind als Parasiten bedeutende Krankheitserreger bei Menschen, Tieren und Pflanzen. Parasitismus ist innerhalb der Gruppe der Nematoden mindestens siebenmal unabhängig voneinander entstanden. Ein Vertreter aus der Gruppe der Fadenwürmer hat es zu besonderem Ruhm gebracht: *Caenorhabditis elegans* ist aufgrund seiner anspruchslosen Lebensweise, seiner kleinen Größe und schnellen Generationsfolge eines der beliebtesten Modelltierchen im Labor von Biologen. Er war der erste Vielzeller, dessen Genom 1998 komplett entschlüsselt wurde.



Der Fadenwurm *Pristionchus pacificus* und sein Wirt, ein Mistkäfer (Foto: Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie)

Zehn Jahre später legt nun eine Gruppe von Wissenschaftlern des Max-Planck-Instituts für Entwicklungsbiologie in Tübingen zusammen mit Wissenschaftlern von der Washington University School of Medicine in St. Louis (USA) das Genom einer weiteren Nematodenart vor, des Modellorganismus *Pristionchus pacificus*. Darunter befinden sich viele Gene, die für den Abbau von Schadstoffen und das Überleben in einem ungewöhnlichen Lebensraum hilfreich sind. *Pristionchus*-Arten haben sich einen ganz besonderen Lebensraum erobert: Sie leben in Assoziation mit Maikäfern, Mistkäfern und Kartoffelkäfern, um sich nach dem Tod der Käfer an den Bakterien und Pilzen gütlich zu tun, die sich auf dem Kadaver entwickeln. Die Fadenwürmer nutzen die Käfer also als einen mobilen Lebensraum, der ihnen Schutz und Nahrung gewährt. *Pristionchus pacificus* liefert nun den Schlüssel, um die komplexen Interaktionen zwischen Wirt und Parasit zu verstehen. (*Nature Genetics*, 22. September 2008)

Überraschend viele Gene

Beim Übersiedeln vom Land auf den Käfer verändert sich der Lebensraum der Würmer dramatisch. So müssen sich die Würmer beispielsweise gegen toxische Substanzen in ihrem Wirt schützen. Die Wege, die sie eingeschlagen haben, um mit den Bedingungen im Käfer fertig zu werden, verdienen besondere Beachtung, da diese Lebensform möglicherweise als Vorstufe zu echten Parasiten angesehen werden kann. Das zumindest nahmen Forscher schon länger an.

Die Genomsequenzierung von *P. pacificus* bestätigt nun diese Vermutung: Das aus etwa 170 Megabasen bestehende Genom enthält mehr als 23.500 Protein kodierende Gene. Im Vergleich dazu haben der Modellorganismus *C. elegans* und der menschliche Parasit *Brugia malayi* (sein Genom wurde 2007 sequenziert) nur etwa 20.000 beziehungsweise 12.000 Protein kodierende Gene. "Der Zuwachs in *P. pacificus* geht zum Teil auf Gen-Duplikationen zurück", erklärt Ralf Sommer. "Darunter befinden sich viele Gene, die für den Abbau von Schadstoffen und das Überleben im komplexen Käfer-Ökosystem hilfreich sein könnten."

Überraschenderweise enthält das *Pristionchus*-Genom auch zahlreiche Gene, die aus *C. elegans* nicht bekannt sind, wohl aber aus Pflanzenparasiten. Vor allem Gene für Cellulasen, jene Enzyme, die für den Abbau der Zellwand von Pflanzen und Mikroorganismen benötigt werden, stoßen bei den Wissenschaftlern auf besonderes Interesse. "Die wirklich spannenden Fragen liegen noch vor uns", sagt Sommer. "Anhand der Sequenzdaten können wir testen, wie sich *Pristionchus* an seinen spezifischen Lebensraum angepasst hat. Und dabei werden wir ganz sicher auch neue Einblicke in die Evolution von Parasitismus gewinnen."