

Abschließender Sachbericht

**Funktionelle GENomik
biologischer ARTbildung (GENART)**

Museum für Naturkunde – Leibniz-Institut für Evolutions- und Biodiversitätsforschung (MfN)

Aktenzeichen: SAW-2012-MfN-3

Laufzeit: 1. Juli 2012 bis 30. Juni 2016

Ansprechpartner: PD Dr. Frieder Mayer

Inhaltsverzeichnis

Executive Summary	Seite 2
Zielsetzung des Vorhabens	Seite 3
Durchführung, Ergebnisse und Diskussion	Seite 3
Wirtschaftliche Verwertbarkeit	Seite 7
Kooperationen	Seite 7
Qualifikationen und Karrierewege von GENART-Mitarbeitern	Seite 7
Nachhaltigkeit und Zukunftsperspektiven	Seite 8
GENART-Publikationen	Seite 8

Executive Summary

Die Hochdurchsatzsequenzierung von DNA eröffnet neue Perspektiven für die Erforschung der molekularen Mechanismen von grundlegenden evolutionären Prozessen wie z.B. die Entstehung von biologischen Arten. Das Forschungsvorhaben GENART (Funktionelle GENomik biologischer ARTbildung) hatte sich zum Ziel gesetzt, Kandidatengene für die reproduktive Isolation zwischen nah verwandten, d.h. jungen Arten zu identifizieren und ihren Einfluss auf die auf den Phänotyp zu überprüfen. Die Untersuchungen wurden jeweils an zwei bis drei Arten innerhalb von drei unterschiedlichen Tiergruppen (schwach elektrische Nilhechte und akustisch kommunizierende Feldheuschrecken und Grillen) durchgeführt, die sich alle in Ihren Kommunikationssignalen unterscheiden.

Die wissenschaftlichen Ergebnisse des GENART-Projekts waren thematisch sehr breit und vielfältig: Es wurden für drei evolutions- und verhaltensbiologische Modellsysteme erstmals umfassende genomische Ressourcen bereitgestellt. Es wurden wichtige neue Erkenntnisse für die Zucht der Tiere erzielt, die zukünftig zuverlässigere und effizientere Laborzuchten erlauben. Es wurden in allen drei Tiergruppen vielversprechende Kandidatengene identifiziert, deren evolutionäre Bedeutung z.T. bereits innerhalb von GENART genauer untersucht wurden, aber insbesondere in Folgeprojekten weiter vertieft werden. Es wurde ein Netzwerk von Wissenschaftlern gebildet, die auch über die Laufzeit des GENART-Projektes hinaus eng zusammenarbeiten werden. Mit GENART wurden außerdem auf dem Gebiet der Genomforschung an den beteiligten Institutionen neue Kompetenzen aufgebaut, die zahlreichen Forschungsprojekten auch jenseits von GENART zugute kamen und noch kommen werden. Ein wichtiges Ergebnis war zudem die Förderung und Ausbildung des wissenschaftlichen Nachwuchses, was in mehreren Promotionen und erfolgreichen Anschlussfinanzierungen für Postdoktoranden deutlich wird.

Zielsetzung des Vorhabens

Die Evolution neuer biologischer Arten ist der grundlegende Prozess der zur Entstehung biologischer Vielfalt führt. Neue Arten entstehen im Verlauf langer – evolutionärer – Zeiträume. Eine Vielzahl an Mechanismen tragen dazu bei, dass sich Populationen zunächst differenzieren, Hybridisationsbarrieren entstehen und so im Verlauf der Zeit neue, reproduktiv isolierte Arten entstehen. Die Erforschung der Artbildung ist seit mehr als 150 Jahren ein Kernthema evolutionsbiologischer Forschung. Durch die Entwicklung neuer Hochdurchsatzverfahren der DNA-Sequenzierung (Genomik) hat es in jüngster Zeit einen enormen Innovationsschub in der biologischen Forschung gegeben, was auch dem traditionellen Gebiet evolutionsbiologischer Forschung neue Perspektiven eröffnet hat.

Diese aktuellen Entwicklungen aufgreifend verfolgte das GENART-Projekt das Kernziel, mit Hilfe eines interdisziplinären Forschungsansatzes die genetischen Grundlagen von biologischer Artbildung zu untersuchen. Dies sollte vergleichend an drei verschiedenen Tiergruppen erfolgen. Alle drei Gruppen (Feldheuschrecken, Grillen und schwach elektrische Fische) haben sich im Verlauf der Evolution im selben Merkmalskomplex (Kommunikationssignale) differenziert, was zur Entstehung neuer Arten führte. Dies wirft die grundsätzliche Frage auf, inwieweit ähnliche molekulare Mechanismen bei verschiedenen Tiergruppen zur Diversifizierung beigetragen haben. Da alle drei Tiergruppen evolutionsbiologisch interessante, nicht aber genetische Modellorganismen darstellen, galt es in einem ersten Arbeitspaket (A) erste genomische Grundlagen für die zu untersuchenden Arten zu schaffen. Darauf aufbauend sollten dann mit Hilfe von Artvergleichen Gene identifiziert werden, die zur Differenzierung nah verwandter Arten geführt haben (so genannte Kandidatengene für die Artbildung). Parallel dazu sollten in einem zweiten Arbeitspaket (B) die phänotypische Differenzierung zwischen den nah verwandten Arten untersucht und quantifiziert werden. Dabei sollten sowohl die Kommunikationssignale der Männchen als auch deren Wahrnehmung durch die Weibchen analysiert werden. Die genomischen und phänotypischen Datensätze sollten schließlich in einem dritten Arbeitspaket (C) zusammengeführt werden, um Kopplungen (Ko-Segregation) zwischen einem Genomabschnitt und einem phänotypischen Merkmal zu identifizieren, was ein wichtiger Hinweis auf einen kausalen Zusammenhang wäre, der dann in Folgeprojekten weiter zu vertiefen wäre.

Durchführung, Ergebnisse und Diskussion

Genomische Grundlagen und Identifizierung von Kandidatengenen (Arbeitspaket A)

De novo-Assemblierungen von Transkriptomen wurden für alle drei Tiergruppen durchgeführt und publiziert (Lamanna et al. 2014, Berdan et al. 2015, 2016). Dabei wurden unterschiedliche Verfahren angewandt und verschiedene Qualitätskriterien angewandt, um einerseits möglichst viele Transkripte zu erfassen und andererseits eine hohe Qualität der Sequenzen zu gewährleisten. Je nach Fragestellung wurden Transkriptome für das gesamte Tier (Lamanna et al. 2014, Berdan et al. 2015, 2016), für ausgewählte Gewebe (Lamanna et al. 2014, 2015), für Weibchen und Männchen (Mayer et al. Manuskript) und für verschiedene Entwicklungsstufen (Berdan et al. 2016, Berdan et al. Manuskript) erstellt. Entgegen unserer ursprünglichen Planung basierten die Transkriptomassemblierungen auf nicht-normalisierten cDNA-Banken. Dadurch wurden sehr schwach exprimierte Transkripte nicht erfasst, aber aufgrund der hohen Sequenzierentiefe wurde eine recht umfassende Transkriptomanalyse erzielt. Bei den schwach elektrischen Fischen aus der Gruppe der Nilhechte (Mormyridae, Gattung *Campylomormyrus*) wurden für mehrere repräsentative Arten Transkriptome erzeugt. Mit dem Gesamtmaterial konnten robuste Artdefinitionen und die Phylogenie analysiert werden (Lamanna et al. 2016).

Die Identifizierung von Kandidatengenen erfolgte über verschiedene methodische Ansätze bei allen drei Tiergruppen. Dazu wurden paarweise Transkriptomvergleiche zwischen Arten,

Entwicklungsstadien, Geschlechtern oder Geweben durchgeführt. Da sich die Transkriptome in jedem paarweisen Vergleich sehr ähnelten, konnten die Gene identifiziert werden, die einen sehr großen Unterschied aufwiesen (s.g. ‚outlier‘-Analysen). Diese Gene bzw. Genomabschnitte können als Kandidatengene für die phänotypischen Unterschiede im jeweiligen paarweisen Vergleich angesehen werden (Kandidatengene für Unterschiede zwischen nah verwandten Arten, zwischen Männchen und Weibchen oder zwischen unterschiedlichen Geweben oder Entwicklungsstufen). ‚Outlier‘-Analysen lassen sich zum einen auf der Ebene der Sequenzvariabilität (Nukleotidsubstitutionen) untersuchen, als auch auf der Ebene der Expressionsunterschiede der Transkripte.

Sowohl bei Feldheuschrecken und Grillen konnten sehr nah verwandte Arten, die sich in ihren Kommunikationssignalen und -präferenzen deutlich unterscheiden, mit Hilfe eines populationsgenomischen Ansatzes verglichen werden. Bei den Feldheuschrecken wurden drei nah verwandte Arten (*Chorthippus biguttulus*, *C. brunneus* und *C. mollis*) untersucht (Berdan et al 2015). In allen drei paarweisen Artvergleichen erwiesen sich ca. ein Prozent der untersuchten Genomabschnitte als ‚outlier‘, d.h. Kandidatengene. Dass es sich dabei tatsächlich um Genomregionen handelt, die zur phänotypischen Differenzierung der Arten beitragen, legen unabhängig von der ‚outlier‘-Analyse durchgeführte Neutralitätstest nahe. Unter den gefundenen Kandidatengenen befinden sich einige vielversprechende Gene, die zur Ausprägung artspezifischer Kommunikationssignale bzw. deren Präferenzen beitragen könnten. Ein unerwartetes und besonders interessantes Ergebnis war ein hoher Anteil an Stoffwechselgenen unter den Kandidatengenen. Dies legt erstmals nahe, dass sich die nah verwandten Arten nicht nur in ihren Gesängen sondern auch in ihrer Ernährung unterscheiden und sich ökologisch differenziert haben (Berdan et al. 2015). Bei den Grillen erfolgte die Identifizierung von Kandidatengenen durch den genomischen Vergleich der beiden nordamerikanischen Grillenarten *Gryllus rubens* und *G. texensis*. Auch hier ließen sich mehrere vielversprechende Kandidatengene identifizieren, die in einem funktionellen Zusammenhang mit der Gesangserzeugung stehen können, wie z.B. ein Natrium-Ionenkanal (Blankers et al. Manuskript). Der Überprüfung funktioneller Zusammenhänge zwischen einzelnen Genen bzw. Genomabschnitten und einzelnen phänotypischen Merkmalen dient die Kopplungsanalyse, die allerdings sehr aufwändig ist. Innerhalb des GENART-Projekts wurde diese bei den Grillen begonnen (s.u.). Bei den schwach Nilhechten musste zwar auf eine populationsgenetische ‚outlier‘-Analyse verzichtet werden, da im Freiland (Kongo) nur wenige Tiere gefangen und lebend nach Deutschland gebracht werden konnten. Stattdessen konnte mit den wenigen Tieren u.a. eine sehr erfolgreiche Zucht der Tiere im Labor etabliert werden, was neue Forschungsperspektiven eröffnet (s.u.).

Die Analyse genomischer Differenzierung beschränkte sich nicht nur auf die Sequenzvariabilität (Nukleotidsubstitutionen). Mit verschiedenen Zielsetzungen wurden auch Expressionsunterschiede analysiert. Bei den beiden Feldheuschrecken-Schwesterarten *Chorthippus biguttulus* und *C. brunneus* wurden Populations-, Geschlechts- und Artunterschiede hinsichtlich möglicher Unterschiede in der Genexpression untersucht. Im Vergleich der drei Faktoren waren – wie zu erwarten – die deutlichsten Unterschiede zwischen Männchen und Weibchen. Immerhin wiesen fast 600 von 8529 (7%) Genombereichen auch deutliche Artunterschiede auf. Sie betrafen ein breites Spektrum an Genfunktionen. Auffallend viele Gene hatten einen Bezug zu Retroelementen. Dies war nicht überraschend, nachdem die Transkriptomassemblierung bereits auf einen hohen Anteil von Retroelementen im sehr großen Genom der Feldheuschrecken hinwies. Interessanterweise waren unter den Genen mit zwischenartlichen Expressionsunterschieden auch erneut Stoffwechselgene (Mayer et al. Manuskript). Dies unterstützt sehr schön die Ergebnisse der DNA-Sequenzanalyse bezüglich einer ökologischen Differenzierung zwischen den untersuchten Feldheuschreckenarten (Berdan et al. 2015). Bei den schwach elektrischen Fischen wurden für repräsentative Arten Transkriptome erzeugt. In vergleichenden Expressionsstudien wurden Kandidatengene identifiziert, die einerseits unterschiedlich zwischen Skelettmuskel und elektrischem Organ exprimiert wurden und andererseits Expressionsunterschiede im elektrischen Organ zwischen Arten mit kurzer und langer Entladung zeigen (Lamanna et al. 2014, 2015). Eine detaillierte Genexpressionsstudie

an ausgewählten Kandidatengeneten zeigte, dass die phylogenetisch abgeleitete stark verlängerte Entladung bei *Campylomormyrus tshokwe* mit einer erhöhten Expression in Ionenkanalgenen einhergeht (Nagel et al. 2017). In verhaltensbiologischen Untersuchungen wurde die Bedeutung von Entladungsmerkmalen zur Arterkennung und Partnerfindung verifiziert (Nagel et al., Manuskript).

Phänotypische Differenzierung (Arbeitspaket B)

Sowohl die Ausgangslage als auch der Projektverlauf war bei den drei untersuchten Tiergruppen verschieden. Während die Gesänge und die Gesangspräferenzen der untersuchten Feldheuschreckenarten aus früheren Arbeiten beschrieben waren, war das bei den untersuchten Grillen nur zum Teil und bei den Nilhechtarten gar nicht der Fall. Dazu kam, dass die im Rahmen von GENART zu etablierenden Laborzuchten bei den drei Tiergruppen unterschiedlich erfolgreich waren.

Bei den Feldheuschrecken stieß die Laborzucht auf zwei Schwierigkeiten. Zum einen konnten nur wenige zwischenartliche Hybridpaarungen ausgelöst werden und zum anderen zeigten die Hybride reduzierte Schlupfraten und eine erhöhte Mortalität. Beides resultierte in einer geringen Anzahl an Hybriden, die für eine Kopplungsanalyse nicht ausreichten. Diese Schwierigkeiten bei der Zucht zeigten interessanterweise, dass sich die untersuchten Schwesternarten nicht nur in akustischen Kommunikationssignalen unterscheiden, sondern dass sowohl die olfaktorische Kommunikation als auch Probleme in der Ontogenese zusätzliche Hybridisationsbarrieren darstellen. Dies führte zu einer umfassenden Beschreibung des Beitrages verschiedener Artisolationbarrieren (Finck & Ronacher, Manuskript). Entsprechend dieser neuen Erkenntnisse verlagerte sich der Untersuchungsschwerpunkt bei den Feldheuschrecken. In ausgedehnten Verhaltensexperimenten konnte gezeigt werden, dass bereits das arteigene Kohlenwasserstoffprofil auf der Körperoberfläche (kutikuläre Kohlenwasserstoffe) der Weibchen den Werbebesang der Männchen auslösen kann, während artfremde kutikuläre Kohlenwasserstoffe die Männchen verstummen ließen (Finck et al. 2016a). Eine chemische Analyse der kutikulären Kohlenwasserstoffe zeigte neben Unterschieden zwischen Arten auch unterschiedliche Muster bei Weibchen und Männchen. Diese Untersuchungen ergaben außerdem, dass bereits kleine Änderungen im Profil der kutikulären Kohlenwasserstoffe wahrgenommen werden, wie z.B. die chemische Verlagerung einer Methylgruppe (Finck et al. 2016b). Schließlich konnten auch auf genetischer Ebene Art- und Geschlechtsunterschiede bei den Genen gefunden werden, die für die Produktion der kutikulären Kohlenwasserstoffe verantwortlich sind (Fettsäuresynthetasen und Elongasen; Finck et al. 2016b).

Bei den Grillen wurden sehr umfassende Untersuchungen der Gesänge und der Gesangspräferenzen durchgeführt. Zum einen wurden zahlreiche Arten diesbezüglich untersucht (d.h. nicht nur das genetisch untersuchte Artenpaar) und zum anderen konnten über 300 Hybride aus Kreuzungen von *Gryllus rubens* und *G. texensis* phänotypisch charakterisiert werden. Durch die phänotypische Analyse konnten sowohl die Signalmerkmale der Männchen als auch die Erkennungseigenschaften der Weibchen ausführlich und detailliert erfasst werden. Durch den Vergleich verschiedener Grillenarten über das Fokuspaar *G. rubens* und *G. texensis* hinaus, konnten dadurch mehrere Trends bei den Merkmalsausprägungen erfasst werden, die auch von allgemeiner Bedeutung für die Evolution der artspezifischen Gesänge und ihrer Erkennung bei Grillen sind (Blankers et al. 2015a, 2016, Hennig et al. 2016, Gray et al. 2016). Zugleich bildete die detaillierte Beschreibung der Merkmalsräume für Signale und ihre Erkennung eine wichtige Grundlage für die weiteren Kopplungsanalysen (Blankers et al. 2015b, s.u.)

Kopplungsanalyse (Arbeitspaket C)

Ziel dieses Arbeitspakets war die Verknüpfung der genomischen und den phänotypischen

Merkmalsausprägungen in Form einer Kopplungsanalyse, um wichtige Hinweise auf einen kausalen Zusammenhang zwischen einem Genomabschnitt und einem Merkmal zu erhalten. Dies setzt voraus, dass in einem umfangreichen Zuchtprogramm rund 300 Individuen der F2-Generation mit bekanntem familiären Stammbaum zunächst erzeugt, dann phänotypisch charakterisiert und schließlich genomisch untersucht werden mussten.

Entsprechende Zuchtprogramme wurden bei allen drei Tiergruppen initiiert. Innerhalb der Projektlaufzeit konnte nur bei den Grillen eine ausreichende Anzahl an Tieren gezüchtet und phänotypisch und genetisch charakterisiert werden. Die phänotypischen und genetischen Analysen wurden inzwischen abgeschlossen. Die Verbindung beider Datensätze, d.h. die Kopplungsanalyse wird derzeit durchgeführt. Erste Ergebnisse legen nahe, dass es einige wenige signifikante Kopplungen gibt, die nun verifiziert werden müssen. Interessanterweise betrifft eine signifikante Kopplung das Gen *period*, welches bereits bei *Drosophila* als „Gesangsgen“ vermutet wurde. Offenbar scheint dieses Gen auch in einer ganz anderen Insektenordnung (Grillen) im Zusammenhang mit der Gesangserzeugung zu stehen.

Einen methodischen Durchbruch stellt der Zuchterfolg bei den schwach elektrischen Fischen dar. Wegen anfänglicher Zuchtprobleme und der langen Generationszeit der Fische war es innerhalb der Projektlaufzeit nicht möglich in ausreichendem Umfang Tiere der F2-Generation zu erzeugen. Das Zuchtprogramm läuft inzwischen weiter und die für GENART vorgesehenen Analysen werden nun im Anschluss erfolgen.

Weitere Untersuchungen und Ergebnisse

Neben den zentralen drei Arbeitspaketen ergaben sich im Projektverlauf neue Teilaspekte, die zu interessanten Erkenntnissen und Publikationen führten.

Die Genexpression während der Entwicklung (Ontogenese) wurde sowohl an Feldheuschrecken (Berdan et al. Manuskript) als auch an Grillen (Berdan et al. 2016) untersucht. Ziel dieser beiden Untersuchungen war eine erste Transkriptomcharakterisierung im Verlauf der Ontogenese bei diesen beiden Tiergruppen. Es handelt sich dabei um zwei grundlegende beschreibende Untersuchungen und nicht um Arbeiten, die das Ziel verfolgten, evolutionsbiologische Hypothesen zu testen. Diese Arbeiten stellen nun eine wichtige genomische Ressource für weitere Untersuchungen dar.

Die populationsgenomischen Datensätze eignen sich nicht nur für ‚outlier‘-Analysen, sondern ermöglichen auch die Rekonstruktion der demographischen Geschichte von Populationen und Arten. Da wir innerhalb von GENART stets nah verwandte (Schwester-)Arten untersuchten, erlaubten uns die genomischen Datensätze auch demographische Analysen, um die Rolle von Genfluss und Schwankungen von Populationsgrößen im Verlauf des Artbildungsprozesses zu untersuchen. Entsprechende Analysen haben wir bei Grillen durchgeführt (Blankers et al. Manuskript). Der Vergleich verschiedener evolutionärer Szenarien ergab, dass es wahrscheinlich während der frühen Phase der Artaufspaltung von *Gryllus rubens* und *G. texensis* über einen längeren Zeitraum zum Genfluss gekommen ist. Dieses Ergebnis war überraschend, denn Genfluss wird als entscheidender Faktor angesehen, der einer Differenzierung von Populationen und der Artbildung entgegenwirkt.

Die Reproduktionsbiologie schwach elektrischer Fische war bisher weitgehend unbekannt. Während einer Forschungsexpedition nach Brazzaville (Republik Kongo) wurden erstmals lebende Exemplare der Art *Campylomormyrus tshokwe* nach Deutschland überführt. Im Zuge des Projekts gelang es eine artifizielle Reproduktion bei *Campylomormyrus* zu etablieren. Dies ermöglichte die Nachzucht und ontogenetische Untersuchungen (Paul et al. 2016; Nguyen et al. 2017) sowie die Erzeugung von verschiedenen Art- und Gattungshybriden. F1-Hybride wurden histologisch sowie ontogenetisch bezüglich der Morphologie ihrer elektrischen Organe und der Entladungsmuster untersucht. Hierdurch konnten Hypothesen zur genetischen Grundlage mikroanatomischer phänotypischer Merkmale und deren Auswirkung auf die Entladung aufgestellt werden (Kirschbaum et al. 2017). Mittlerweile gelang es, F2-Hybriden zu erzeugen, die nun die Grundlage für

Kopplungsanalysen zwischen genetischer Variabilität von Kandidatengenomen, mikroanatomischem Aufbau des elektrischen Organs und Charakteristika in der elektrischen Entladung bilden werden.

Wirtschaftliche Verwertbarkeit

Es zeichnen sich keine Ergebnisse ab, die eine wirtschaftliche Verwertung in Aussicht stellt. Ein solches Ziel wurde nicht angestrebt, wenngleich wir für entsprechende Entwicklungen offen waren. Die Untersuchungen fallen in den Bereich biologischer Grundlagenforschung.

Kooperationen

Um die vielfältigen Ziele von GENART erreichen zu können, war ein breit aufgestelltes Netzwerk an Wissenschaftlern erforderlich. Dies wurde durch die enge Zusammenarbeit von sieben Arbeitsgruppenleitern (PIs) geschaffen, die folgende Kompetenzfelder abdeckten: Verhaltens- und Reproduktionsbiologie von Feldheuschrecken (Prof. Dr. Bernhard Ronacher, Humboldt-Universität zu Berlin), Grillen (Prof. Dr. Matthias Hennig, Humboldt-Universität zu Berlin) und schwach elektrischen Fischen (Prof. Dr. Ralph Tiedeman, Universität Potsdam; Prof. Dr. Frank Kirschbaum, Humboldt-Universität zu Berlin), DNA-Sequenzierung (Dr. Frieder Mayer, Museum für Naturkunde; Dr. Camilla Mazzoni, Berlin Centre for Genomics in Biodiversity Research; Prof. Dr. Ralph Tiedeman) und Bioinformatik (Prof. Dr. Christoph Dieterich, Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin Berlin, jetzt Universität Heidelberg; Dr. Camilla Mazzoni).

Im Verlauf des Vorhabens wurden am Museum für Naturkunde Berlin zwei Symposien durchgeführt, die auf das GENART-Projekt ausgerichtet waren. Während der frühen Projektphase standen methodische Fragen im Vordergrund. Ziel war es, den aktuellen methodischen Forschungsstand mit entsprechenden Spezialisten zu erfassen, um die Projektplanung zu optimieren. Gegen Ende der Projektphase stand beim 2. GENART-Symposium dann die Präsentation und Verwertung der Ergebnisse im Vordergrund. An den Symposien nahmen u.a. international anerkannte Wissenschaftler aus dem Ausland teil, wodurch zum einen eine hoch kompetente fachliche Begleitung des GENART-Projekts gewährleistet wurde und des weiteren eine über die Laufzeit des Projekts hinausreichende Vernetzung und weiterreichende Kooperationen entwickelt werden konnten.

Mitarbeiter von GENART nahmen an zahlreichen fachspezifischen Tagungen und Workshops teil, die meist eine evolutionsbiologische Ausrichtung hatten. Dabei wurden Teilergebnisse und -ergebnisse sowie auch das Gesamtprojekt vorgestellt.

Qualifikationen und Karrierewege von GENART-Mitarbeitern

Während der Projektlaufzeit wurden zwei GENART-Mitarbeiter promoviert:

Dr. Thomas Blankers 2016: Acoustic communication, sexual selection and speciation in field crickets. Humboldt-Universität zu Berlin

Dr. Jonas Fink 2016: Reproductive isolation and chemical communication in grasshoppers. Humboldt-Universität zu Berlin

Eine weitere Promotion ist für das 2. Quartal 2017 geplant: Linh Nguyen (MSc) beschäftigt sich mit der Reproduktionsbiologie und Ontogenie von Nilhechten. Darüber hinaus waren zwei über die Universität Potsdam finanzierte Doktoranden am GENART-beteiligt.

Zwei GENART-Projektmitarbeiter verfolgen erfolgreich eine weitere wissenschaftliche Karriere, die inhaltlich eng mit dem GENART verbunden sind:

Dr. Thomas Bankers ist Postdoktorand im Labor von Prof. Kerry Shaw an der Cornell University in Ithaca, U.S.A.

Dr. Emma Berdan ist Postdoktorandin an der University of Gothenburg, Schweden

Ein Mitarbeiter sieht seine Karriereperspektive im Bereich des Wissenschaftsmanagements.

Die technische Mitarbeiterin, drei Jahre lang über GENART finanziert und maßgeblich die molekulargenetischen Laboranalysen innerhalb des Projekts durchgeführt hat, wurde inzwischen unbefristet auf einer vollen Stelle einer technischen Mitarbeiterin am Museum für Naturkunde Berlin angestellt.

Nachhaltigkeit und Zukunftsperspektiven

Mit dem GENART-Projekt wurden sowohl technisch als auch inhaltlich neue Forschungsansätze gewählt und in den beteiligten Arbeitsgruppen etabliert. Durch diese Breite an Neuerungen kam es in mehrfacher Hinsicht für die verschiedenen Projektpartner und insbesondere für das Museum für Naturkunde Berlin zu neuen, zukunftssträchtigen Entwicklungen.

Durch die Entfristung der technischen Assistentin aus GENART wurde gewährleistet, dass das wichtige technische Wissen nicht wieder verloren geht und etablierte Arbeitsabläufe erhalten und weiterentwickelt werden können.

Damit wird zugleich das Kompetenzfeld des „Berlin Center for Genomics in Biodiversity Research“ (BeGenDiv) gestärkt und ausgebaut. Das BeGenDiv wird im Verbund mit zwei Universitäten (Freie Universität Berlin, Universität Potsdam) und drei Leibniz-Instituten (Leibniz-Institut für Zoo- und Wildtierkunde, Leibniz-Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei, Museum für Naturkunde Berlin) betrieben.

Das GENART-Projekt führte unmittelbar bereits zu neuen Forschungsprojekten innerhalb von Forschungsverbänden. Zum einen ist das ein Antrag auf eine Graduiertenschule bei der DFG, der zur Zeit begutachtet wird. Zum anderen etablierte sich ein internationales Konsortium, das die genomische Forschung akustisch kommunizierender Insekten voranbringen möchte und dafür derzeit eine Datenbank und ein Internetportal aufbaut.

Die wichtigste Zukunftsperspektive bietet jedoch die enorme Menge genomischer Daten, die im Verlauf des GENART-Projekts erzeugt wurden. Die bisher publizierten Ergebnisse stellen erst einen Anfang einer umfassenden wissenschaftlichen Verwertung dar. Folgeprojekte werden dieselben Datensätze für verschiedene Fragestellungen auswerten und die Ergebnisse publizieren. Feldheuschrecken, Grillen und Nilhechte gehören nicht zu den klassischen genetischen Modellorganismen, weshalb bisher vergleichsweise wenig genomische Datensätze von ihnen publiziert waren. Das hat sich für alle drei Tiergruppen durch das GENART-Projekt deutlich verändert. Da mit der ersten Veröffentlichung von Forschungsergebnissen auch die zugrundeliegenden Rohdaten öffentlich zugänglich gemacht wurden, stehen diese Ressourcen inzwischen der internationalen Forschungsgemeinde zur Verfügung.

Die Publikationsliste umfasst Publikationen, die von Fachzeitschriften zur Publikation angenommen wurden. Darüber hinaus befinden sich mehrere Publikationen im Begutachtungsprozess, bzw. die Einreichung steht kurz bevor. Auch wenn die finanzielle Förderung ausgelaufen ist, beteiligen sich die Projektmitarbeiter und PIs weiterhin an der Veröffentlichung der GENART-Ergebnisse und an Folgeprojekten.

GENART-Publikationen

1. Berdan, E., C.J. Mazzoni, I. Waurick, J.T. Röhr & F. Mayer 2015: A population genomic scan in *Chorthippus* grasshoppers unveils previously unknown phenotypic divergence. *Molecular Ecology* 24: 3918-3930. doi: 10.1111/mec.13276
2. Berdan, E.L., T. Blankers, I. Waurick, C.J. Mazzoni & F. Mayer 2016: A genes eye view of ontogeny: *De novo* assembly and profiling of the *Gryllus rubens* transcriptome.

Molecular Ecology Resources 16(6): 1478-1490. doi: 10.1111/1755-0998.12530

3. Blankers, T., R.M. Hennig & D.A. Gray 2015a: Conservation of multivariate female preference functions and preference mechanisms in three species of trilling field crickets. *Journal of Evolutionary Biology* 28: 630-641. doi: 10.1111/jeb.12599
4. Blankers, T., A.K. Lübke & R.M. Hennig 2015b: Phenotypic variation and covariation indicate high evolvability of acoustic communication in crickets. *Journal of Evolutionary Biology* 28: 1656-1669. doi: 10.1111/jeb.12686
5. Blankers T., D.A. Gray, R.M. Hennig 2016: Multivariate phenotypic evolution: divergent acoustic signals and sexual selection in *Gryllus* field crickets. *Journal of Evolutionary Biology*: doi: 10.1007/s11692-016-9388-1
6. Dodt, M., J.T. Roehr, R. Ahmed & C. Dieterich 2012: FLEXBARFlexible Barcode and Adapter Processing for Next-Generation Sequencing Platforms. *Biology* 1: 895-905; doi: 10.3390/biology1030895
7. Finck, J., J. Kuntze & B. Ronacher 2016a: Chemical cues from females trigger male courtship behaviour in grasshoppers. *Journal of Comparative Physiology A* 202(5): 337-45. doi: 10.1007/s00359-016-1081-4
8. Finck, J., E. Berdan, F. Mayer, B. Ronacher & S. Geiselhardt 2016b: Divergence of cuticular hydrocarbons in two sympatric grasshopper species and the evolution of fatty acid synthases and elongases across insects. *Scientific Reports* 6: 33695. doi: 10.1038/srep33695
9. Gray, D.A., E. Gabel, T. Blankers & R.M. Hennig 2016: Multivariate female preference tests reveal latent perceptual biases. *Proceedings of the Royal Society B*, doi: 10.1098/rspb.2016.1972
10. Hennig, R.M., T. Blankers & D.A. Gray 2016: Divergence in male cricket song and female preference functions in three allopatric sister species. *Journal of Comparative Physiology A* 202: 347 – 360. DOI 10.1007/s00359-016-1083-2
11. Kirschbaum, F., L. Nguyen, S. Baumgartner, H.W.L. Chi, R. Wolfart, K. Elarbani, H. Eppenstein, Y. Korniienko, L. Guido-Böhm, V. Mamonekene, M. Vater & R. Tiedemann 2017: Intra-genus (*Campylomormyrus*) and inter-genus hybrids in mormyrid fish: physiological and histological investigations of the electric organ ontogeny. *Journal of Physiology – Paris*; im Druck
12. Lamanna, F., F. Kirschbaum & R. Tiedemann 2014: *De novo* assembly and characterization of the skeletal muscle and electric organ transcriptomes of the African weakly-electric fish *Campylomormyrus compressirostris* (Mormyridae, Teleostei). *Molecular Ecology Resources* 14: 1222-1230. doi: 10.1111/1755-0998.12260
13. Lamanna, F., F. Kirschbaum, I. Waurick, C. Dieterich & R. Tiedemann 2015: Cross-tissue and cross-species analysis of gene expression in skeletal muscle and electric organ of African weakly-electric fish (Teleostei; Mormyridae). *BMC Genomics* 16: 668. doi: 10.1186/s12864-015-1858-9
14. Lamanna, F., F. Kirschbaum, A.R.R. Ernst, P.G.D. Feulner, V. Mamonekene, C. Paul & R. Tiedemann 2016: Species delimitation and phylogenetic relationships in a genus of African weakly-electric fishes (Osteoglossiformes, Mormyridae, *Campylomormyrus*). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 101: 8-18. doi: 10.1016/j.ympev.2016.04.035

15. Nagel, R., F. Kirschbaum & R. Tiedemann 2017: Electric organ discharge diversification in mormyrid weakly electric fish is associated with differential expression of voltage-gated ion channel genes. *Journal of Comparative Physiology A*, im Druck
16. Nguyen, L., C. Paul, V. Mamonekene, P. Bartsch, R. Tiedemann, F. Kirschbaum 2017: Reproduction and development in some species of the weakly electric genus *Campylomormyrus* (Mormyridae, Teleostei). *Environmental Biology of Fishes* 100, 49-68. doi: 10.1007/s10641-016-0554-1
17. Paul, C., V. Mamonekene, M. Vater, P.G.D. Feulner, J. Engelmann, R. Tiedemann & F. Kirschbaum 2015: Comparative histology of the adult electric organ among four species of the genus *Campylomormyrus* (Teleostei: Mormyridae). *Journal of Comparative Physiology A* 201, 357-374. doi: 10.1007/s00359-015-0995-6