Untersuchungen zur Regulation des Epithel-Mesenchym-Übergangs (EMT) während der Mesoderm-Morphogenese von Drosophila melanogaster

Inaugural Dissertation

zur

Erlangung des Doktorgrades der Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

> vorgelegt von Sirin Otte aus Damaskus/Syrien

> > November 2007

Aus dem Institut für Genetik Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

Gedruckt mit der Genehmigung der Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

Referent : PD Dr. H. Arno J. Müller

Koreferent: Prof. Dr. Rüdiger Simon

Tag der mündl. Prüfung: 14.12.2007

Für meine Eltern und Andreas

1 Einleitung			
1.1 Epithel-Mesenchym-Übergang (EMT) 2			
1.1.1 Was versteht man unter EMT?	2		
1.1.2 EMT-Grundlegende Forschung in der Tumorbiologie	2		
1.1.3 Organisation des Epithelgewebes	3		
1.1.3.1 Zelladhäsion im Epithel	3		
1.1.3.2 Zellpolarität	6		
1.2 Embryogenese und Tumorprogression	9		
1.2.1 Regulatorische Netzwerke der EMT	9		
1.2.2 EMT während der frühen Mesoderm-Morphogenese in der Maus	13		
1.3 Mesoderm-Morphogenese von Drosophila melanogaster	15		
1.3.1 Phase 1: Invagination	15		
1.3.2 Phase 2: Epithel-Mesenchym-Übergang	16		
1.3.3 Phase 3: Migration	17		
1.4 FGF-vermittelte Zellwanderungsprozesse während der Embryogenese	18		
1.5 Zielsetzung dieser Arbeit	20		
2 Material und Methoden	21		
2.1 Material	21		
2.1.1 Chemikalien	21		
2.1.2 Sonstige Materialien	21		
2.2 Gentechnische Methoden	22		
221 Fliegenzucht	22		
2.2.2 Das Gal4/UAS-System	23		
2.2.3 FP-vermittelter Überexpressionsscreen in Drosophila	25		
2.3. Molekularbiologische Methoden	27		
2.3.1 Kultivierung von Bakterien	27		
2.3.1 Rakterienstämme	27		
2312 Vektoren	27		
2.3.2 Transformation hitzekompetenter Bakterien	28		
2.3.2 Isolierung von Plasmid-DNA aus E coli	20		
2.3.3 Isoliefung von Flashiu-DNA aus <i>L.coll</i>	20		
2.3.5.1 Flashilu- Miul - Flaperation	20		
2.3.4 Ronzentrationsbestimmung von Nukleinsauren	20		
2.3.5 FUISITIEIdSE-REILETTERRIUT (FUR)	21		
2.3.5.1 Statiualu-FOR	31		
2.3.5.2 Oligonukieolide	22		
2.3.0 Gelelektropholese	3Z		
2.3.7 Resultions ven DCD Drodukton	3Z		
2.3.0 Reinigung von PCR-Ploukien	აა ეე		
2.3.9 DNA Analyse	33 22		
2.3.10 Detektion von RNA	33		
2.3.10.1 Erstellung von RNA-Sonden	33		
2.3.10.2 Markierung der anti-sense RNA-Sonde	33		
2.3.10.3 Denaturierende RNA-Gelelektrophorese	34		
2.4 Histologische Methoden	35		
2.4.1 Fixierung von Embryonen	35		
2.4.1.1 Formaldenydfixierung	35		
2.4.1.1.1 Schnelle und effiziente Massenfixierung von Embryonen	35		
2.4.1.1.2 Fixierung von Empryonen für die Elektronenmikroskopie	30		
2.4.1.1.2.1 Giutaraidenydfixierung	36		
	31		
2.4.1.1.2.3 Nachtixierung mit Osmium	37		
2.4.2 Antikorpertarbungen an Embryonen	38		
2.4.2.1 Immuntluoreszenz	38		
2.4.2.2 Immunmarkierung mit Enzym-gekoppelten Antikorpern	39		
2.4.2.2.1 HRP-(Peroxidase) Farbung mit Verstärkersystem	39		
2.4.2.2.2 AP (alkalische Phosphatase) Färbung	40		

	2.4.2.3 Verwendete Antikörper	40
2.4.3 Dauerpräperate von Embryonen		
	2.4.3.1 Einbettung in Araldit	41
	2.4.3.2 Querschnitte von Embryonen	42
	2.4.3.2.1 Semi-Dünnschnitte für die Photolichtmikroskopie	42
	2.4.3.2.2 Ultra-Dünnschnitte für die Elektronenmikroskopie	42
	2.4.4 In situ-Hybridisierung	42
3	Ergebnisse	44
3.1	Eine Rolle des FGF-Signalweges im Epithel-Mesenchym Ubergang (EMT) in der	
4	A 1 1 Mosodormenozifische Eurktion von Htl	44 //
	3.1.2 Das mitotische Programm ist für die korrekte Abfolge der frühen Mesoderm-	44
•	Mornhogenese enthehrlich	46
	3.1.3 Redundante Regulation der FMT durch Htl und Sta	<u>4</u> 0
	3.1.4 Funktion von Htl während des FMTs	51
	5.1.5 Expression von <i>snail</i> Transkripten in <i>htl</i> homozygoten Embryonen während	01
	der frühen Mesoderm-Morphogenese	53
4	3.1.6 Htl und Mitosen sind für die Regulation der ZA erforderlich	56
4	3.1.7 Die Funktion von Htl in Bezug auf die epitheliale Zellpolarität in der	
	Mesoderm-Morphogenese	64
3.2	Funktionsanalyse über die Beteiligung des RHO-GEF Pebble während des EMTs	
	in der frühen Embryogenese	67
	3.2.1 Mesodermspezifische Funktion von Pbl	67
4	3.2.2 Funktion von Pbl während des EMTs	69
	3.2.3 Pbl ist für die Herunterregulierung epithelialer Zell-Zellkontakte nicht	
~ ~	erforderlich	70
3.3	Misexpressions-Screen zur Identifizierung neuer Gene die eine Rolle in der	74
	Mesoderm-Morphogenese spielen	74 77
	3.3.1 Feniexpression von EP(2)627	70
	3.3.2 Feniexpression von EP(2)2374	19
	$S.3.5 \qquad \text{Fellexpression von EP(2)2007}$	0U Q1
	3.5.4 Tenlexpression von Er (2)2020	83
` ۵	Diskussion	84
4.1	EMT während der frühen Mesoderm-Morphogenese	85
	1.1.1 Die Funktion der FGF-Signalkaskade während des EMTs	85
4	1.1.2 Htl uns Stg sind für den Verlust epithelialen Zellcharakters während	
	der EMT erforderlich	86
4.2	Weitere potentielle Faktoren, die EMT während der frühen	
	Mesoderm-Morphogenese regulieren	90
4	1.2.1 Die Funktion von Pbl in Hinblick auf den Htl-Signalweg während der EMT	90
4	1.2.2 Misexpressions-Screen zur Identifizierung neuer Gene, die die frühe	_
_	Mesoderm-Morphogenese in <i>Drosophila</i> regulieren	91
5	Zusammenfassung	96
5.1	Summary	97
67	Literaturverzeichnis	98
	Annang	υ4 07
Dan	ksagung1	υ/

1. Einleitung

Schon seit vielen Jahrzehnten setzen sich Entwicklungsbiologen mit dem Thema auseinander, wie aus einer einzelnen Zelle ein komplexes und vielzelliges Lebewesen entsteht. Der Fokus dieser Fragestellung ist darauf gerichtet, wie aus radialsymmetrischen befruchteten, Eizelle innerhalb eines schnellen einer Frühentwicklungsprozesses ein Embryo entsteht, der eine anteriore (lat. vordere) und eine posteriore (lat. hintere) Polarität (Kopf- und Hinterleib), eine Dorsal- und Ventralseite (Rücken und Bauch), sowie eine linke und rechte Körperseite aufweist. Durch die rasante Entwicklung der Genetik und Molekularbiologie der letzten drei Jahrzehnte, konnte gezeigt werden, dass der Bauplan jedes Lebewesens in den Genen festgelegt ist. Aufgrund dieser Erkenntnis ergab sich eine erweiterte Fragestellung, die sich darauf konzentriert, welche Gene in der Festlegung des Körperaufbaus involviert sind und wie diese verschiedenen Entwicklungsprozesse gesteuert werden. Höhere Organismen besitzen vermutlich 15 bis 50 x 10³ Gene, deren Aktivität von hierarchisch untereinander verschalteten Kontrollgenen gesteuert und koordiniert werden muss. Obwohl die genetische Information innerhalb einer Zelle abgelesen wird, tauschen Zellen auch Genprodukte untereinander aus, um einen Organismus aufzubauen. Hierbei reagieren die Zellen auf eine Vielzahl von extrazellulären Signalen mit der Aktivierung stimulusspezifischer, zellulärer Programme, wie Proliferation, Differenzierung, Zellmigration, Zelladhäsion und Apoptose. Unter den aufgezählten Prozessen zählt die Zellbeweglichkeit mit zu den wichtigsten zellulären Eigenschaften, für die die Zellen allerdings bestimmte Bedingungen erfüllen müssen. Zunächst müssen sich die Zellen aus dem umliegenden Gewebe, z.B. aus einem epithelialen Gewebeverband, lösen, wobei sie ihre Polarität und die adhäsiven Wechselwirkungen zu ihren Nachbarzellen aufgeben. Dieser Vorgang wird als Epithel-Mesenchym-Übergang (engl.: Epithelial-Mesenchymal-Transition; Abk. im Folgenden: EMT) bezeichnet. Der mesenchymale Zustand ermöglicht es den Zellen zu wandern. Dieser Prozess muss während der Entwicklung präzise reguliert sein, um die Differenzierung zu Zellen und Geweben bestimmter Funktion zu ermöglichen. Welche Bedeutung der zeitlichen und räumlichen Regulation der EMT im Organismus zukommt, wurde in Krebszellstudien

erkannt. Daher ist es wichtig zu verstehen, welche Signale die EMT initiieren und wie diese koordiniert werden.

1.1 Epithel-Mesenchym-Übergang (EMT)

1.1.1 Was versteht man unter EMT?

Epitheliale Zellen sind über verschiedene Zellkontakte miteinander verbunden und weisen eine apikal-basale Zellpolarität auf (Knust und Bossinger, 2002). Während der Embryonalentwicklung können Epithelzellen ihre epithelialen Eigenschaften verlieren, indem sie ihre Zellkontakte auflösen und Adhäsionsmoleküle wie E-Cadherin herunterregulieren (siehe Kapitel 1.1.3.1). Dadurch wird ein mesenchymaler Zustand erreicht, der es den Zellen ermöglicht, zu wandern. Sowohl der Epithel-Mesenchym-Übergang, als auch der umgekehrte Vorgang, bei dem sich die mesenchymalen Zellen wieder in einem Zellverband integrieren, sind wichtige Prozesse für die normale Entwicklung eines Organismus (Montell, 2003).

1.1.2 EMT- Grundlegende Forschung in der Tumorbiologie

Nicht nur bei der Morphogenese, sondern auch bei der Metastasierung von Tumoren kommt es zu einem dem EMT ähnlichen Phänotypwechsel, bei dem die Tumorzellen ihre zellspezifischen Eigenschaften verändern oder verlieren und damit die Fähigkeit zur Migration erlangen. Bösartige Zellen solider Tumoren können unter Umständen anatomische Grenzen überschreiten, sie wachsen "invasiv" in das umgebende Gewebe ein oder bilden Tochtergeschwülste, die Metastasen. Metastasierung ist ein spezielles Phänomen bei Krebserkrankungen. Es bedeutet, dass sich Zellen des Primärtumors aus ihrem Zellverband lösen und in umliegendes Gewebe migrieren. Dadurch können Tumorzellen über den Blut- und Lymphstrom verbreitet werden, wodurch sie in entferntere Organe gelangen, sich dort ansiedeln und teilen können. Es entstehen Organmetastasen, die als Tochtergeschwülste (Sekundärtumor) des Tumors können ursprünglichen weiter metastasieren (Abb. 1; Krebsinformationsdienst (KID), Deutsches Krebsforschungszentrum Heidelberg, 2001).



Abbildung 1: Metastasierung: Einige Zellen des Primärtumors erlangen die Fähigkeit, sich aus ihrem Zellverband zu lösen (EMT) und durchdringen die extrazelluläre Matrix und die Endothelschicht eines Blut- oder Lymphgefäßes (Intravasation). Diese Tumorzellen können dann aggregieren und sich in Kapillaren als Emboli festsetzen. Von dort beginnen die Extravasation und das Einwandern in das Sekundärgewebe. Der Sekundärtumor, die Metastase, entwickelt sich nach Stimulus durch Wachstumsfaktoren und Vaskularisation (Roche, Lexikon Medizin, 1999)

EMT ist somit eine wichtige Voraussetzung für die Metastasierung, weil dadurch die Tumorzellen die Fähigkeit erhalten, zu wandern und sich auf andere Organe auszubreiten. Solange eine Krebskrankheit örtlich begrenzt bleibt, sind die Heilungschancen besser, als nach der Ausbreitung des Tumors auf mehrere Organe des Körpers (Eckart, W. U., *2000*). Aus diesen Gründen ist es von großer wissenschaftlicher und medizinischer Bedeutung, die Genetik und Biochmie der EMT zu analysieren, um so der Ausbreitung bösartiger Tumore in Zukunft entgegenwirken zu können.

1.1.3 Organisation des Epithelgewebes

1.1.3.1 Zelladhäsion im Epithel

Epitheliale Zellverbände grenzen eine Vielzahl von Geweben gegen die äußere Umgebung ab und bilden die Grenzflächen zwischen biologischen Kompartimenten. Die geordnete Struktur epithelialer Gewebe beruht auf sehr engen Kontaktstellen zwischen zwei benachbarten Epithelzellen, sogenannten adhärenten Zellkontakten, die sich zwischen zwei Epithelzellen ausbilden. Die Zellkontakte werden von Zelladhäsionsproteinen hergestellt, die sich auf der Zelloberfläche befinden. Sie haben zwei grundlegende Aufgaben: 1) Den Zusammenhalt von Geweben und 2) die Kommunikation von Zellen miteinander zu ermöglichen.

Epithelzellen besitzen eine apikale Seite, die in direktem Kontakt zum Außenmillieu steht, sowie eine basolaterale Seite, die zum Inneren des Organismus gerichtet ist. Diese Kompartimentierung von Epithelzellen in apikal und basolateral wird unter anderem durch die polare Verteilung von Proteinen in der Plasmamembran deutlich. Verschiedene Zellverbindungen sind für die Aufrechterhaltung dieser unterschiedlichen Membrankompartimente erforderlich (Eaton and Simons, 1995; Drubin and Nelson, 1996). Zum einen bilden die "tight junctions" eine parazelluläre Diffusionsbarriere im Vertebratenepithel, indem sie den Fluss von Molekülen durch den interzellulären Raum zwischen den Epithelzellen verhindern. Zusätzlich verhindern "tight junctions", dass Membrankomponenten direkt zwischen apikalen und basolateralen Bereichen durch Diffusion ausgetauscht werden und halten dadurch die Polarität der Epithelzellen von Vertebraten aufrecht (Matter, 2000). Die Zelladhäsion im Epithel wird durch Cadherine vermittelt. Cadherine lokalisieren basal zur "tight junction" in der Zonula adherens (ZA) (Tepass, 1999; Steinberg und McNutt, 1999). Cadherine sind Transmembranproteine, die durch Interaktion mit βcatenin und a-catenin die Adhäsion benachbarter Zellen vermitteln. Cadherine besitzen 5 extrazelluläre ,Cadherin-Repeat'-Domänen, eine Transmembrandomäne und eine intrazelluläre Domäne, die p120-Catenin und β-catenin bindet (Daniel und Reynolds, 1997). Das eptiheliale E-Cadherin ist wahrscheinlich das bestuntersuchte Cadherin und für die Entwicklung und Funktion der Epithelien von zentraler Bedeutung. E-Cadherin vermittelt die Zelladhäsion im Epithel und trägt sowohl zur Erhaltung der Zellpolarität, als auch zur Signaltransduktion während der embryonalen Morphogenese und im adulten Gewebe bei. Eine Fehlfunktion von E-cadherin wurde in vielen menschlichen Tumoren beobachtet (Kumar et al., 2005; Nakajima et al., 2004; Pecina-Slaus, 2003). Die intrazelluläre Domäne des E-Cadherins besitzt eine stark phosphorylierte Region, die für die Bindung von ß-catenin essentiell ist (Steinberg und McNutt, 1999; Yap et al., 1997; Provost und Rimm, 1999). Während man bisher davon ausgegangen ist, dass Cadherine direkt über α-catenin an das Aktinzytoskelett binden, wurde in neueren Studien gezeigt, dass α -catenin nicht gleichzeitig an den Cadherin-ß-catenin Komplex und das Aktinzytoskelett binden kann. Das gegenseitige Ausschließen dieser Bindung wurde anhand des allosterischen Verhaltens von α -Catenin erklärt: das α -Catenin Monomer bindet vorzugsweise an den Cadherin- β -Catenin Komplex, während das α -Catenin Homodimer an die Aktinfilamente bindet (Nelson und Weis, 2006). Die Regulation dieser verschiedenen molekularen Konformationen des Cadherin/Catenin-Komplexes und deren Interaktion mit dem Aktinzytoskelett sind für die Vermittlung der Zell-Zellkontakte und für die normale Zellphysiologie essentiell.

Von diesen Interaktoren besitzt ß-Catenin eine zusätzliche Funktion im Wnt/Wingless- (Wnt/Wng-) Signalweg durch transkriptionelle Aktivierung von Dies geschieht in Zusammenarbeit Zielgenen. mit einer Gruppe von Transkriptionsfaktoren, die als T-cell factors (TCFs) oder auch lymphocyte enhancer binding factors (LEFs) bekannt sind. Wnt-vermittelte und über ß-catenin verschaltete Signale sind unter Anderem während der Embryonalentwicklung der Segmentpolarität in Drosophila, der Ausbildung der Körperachse in Xenopus und der Mesoderm-Induktion in Caenorhabditis elegans (C.elegans) beteiligt (siehe Kapitel 1.1.3.3).

Eines der wohl bestuntersuchten Modellsysteme in der Regulation von epithelialer Zelladhäsion und Zellpolarität ist die Taufliege *Drosophila melanogaster*. Die Entwicklung von *Drosophila*, insbesondere die Entstehung und Aufrechterhaltung von Epithelien, ist genauestens beschrieben. Daher stellt *Drosophila* ein geeignetes Modellsystem dar, um Aspekte der Zellpolarität in verschiedenen Geweben zu untersuchen.

Wie oben beschrieben, wird die Zelladhäsion im Vertebratenepithel durch den Cadherin-Catenin Komplex vermittelt. Im *Drosophila* Epithel werden die homologen Proteine DE-Cadherin, $D\alpha$ -catenin und β -Catenin (Armadillo) ebenfalls für die Ausbildung und den Erhalt der Zelladhäsion benötigt (Peifer et al., 1991; Peifer et al., 1992). Der *Drosophila* Cadherin/Catenin Zelladhäsionskomplex ist in der ZA von Epithelzellen lokalisiert (Müller und Wieschhaus, 1996; Oda et al., 1994; Oda et al., 1993).

Im *Drosophila* Embryo bilden sich während der Zellularisierung zunächst so genannte "spot adherens junctions" (SAJ) entlang der lateralen Membran aus, die den Adhäsionskomplex aus *D*E-Cadherin (Shotgun, Shg), *D*α-Catenin und Armadillo

enthalten (Grawe et al., 1996; Müller und Wieschhaus, 1996; Tepass et al., 1996; Oda et al., 1994). Nach der Zellularisierung erfolgt die Gastrulation, die die Invagination des Mesoderms sowie schnelle morphologische Veränderungen während der Keimstreifausstreckung beinhaltet (siehe Kapitel 1.3). Während der Gastrulation verschmelzen die punktförmigen SAJ zur ZA, die den Zellaplex gürtelförmig umschließt. Dieser Prozess geht einher mit der Ausbildung epithelialer Zellpolarität und dem Zusammenspiel apikaler und basolateraler Membrandomänen (Tepass, 2002).

Zelladhäsionsmoleküle umfassen eine Reihe von Glykoproteinen und Glykolipiden, die in die Plasmamembran integriert sind, sowie zytoplasmatische Proteine, die mit den Transmembranproteinen assoziiert sind. Die Transmembranproteine können nicht nur Zelladhäsion vermitteln, sondern unter anderem ebenfalls als Rezeptoren fungieren und Signale von außen ins Innere der Zelle weiterleiten. Zelladhäsionsmoleküle vermitteln sowohl Kontakte zwischen Zellen, als auch zwischen Zellen und der extrazellulären Matrix (ECM). Dieser Kontakt zur ECM über Zell-Substrat-Kontakte an der basalen Plasmamembran wird über Integrine, heterodimere Transmembranrezeptoren, die in verschiedener Weise mit dem Zytoskelett in Verbindung stehen, erreicht (Hynes, 1992). Nach Bindung der Integrine an die ECM wird Aktin mithilfe von Adaptoren, wie zum Beispiel Talin oder α -actinin, an die Integrine rekrutiert. Die Integrin-Aktin-Interaktion führt dann zu einer Aggregation der Integrine und zur Ausbildung von fokalen Adhäsionsstellen (focal adhesion sites, FAs). Diese FAs sind Verankerungs- und Schaltstellen der Zelle und leiten Integrin vermittelte Signale weiter, um u.a. so Zellpolarität und gerichtet Zellwanderung zu regulieren.

1.1.3.2 Zellpolarität

Die Ausbildung von Zellpolarität spielt bei vielen entwicklungsbiologischen Prozessen eine zentrale Rolle, da sie häufig die Grundlage für gerichtete Sekretion, Signalübertragung und lokales Zellwachstum bildet (Knust and Bossinger, 2002; Margolis and Borg, 2005). Zellpolarität ist aber nicht nur auf der Ebene der einzelnen Zelle wichtig. Oft ist Zellpolarität die Voraussetzung für asymmetrische Zellteilungen und damit verbunden für das Festlegen unterschiedlicher Zellschicksale (Wodarz et al., 2005). In den letzten Jahren hat sich gezeigt, dass die molekularen Grundlagen für die Ausbildung und Funktion der Zellpolarität in verschiedenen Organismen konserviert sind (Hülskamp, 2003).

Wie oben beschrieben, wird die Zelladhäsion in adhärenten Zellkontakten über den Cadherin/Catenin Proteinkomplex vermittelt, der im Bereich der Zonula adherens (ZA) akkumuliert. In Drosophila wird für die Lokalisation des Cadherin/Catenin Komplexes und zur Ausbildung der ZA unter anderem die Expression der Gene bazooka (baz), stardust (sdt) und crumbs (crb) benötigt (Grawe et al., 1996; Müller and Wieschaus, 1996). Baz und Crb regulieren Zellpolarität und die Lokalisation der ZA im Zusammenspiel mit mehreren anderen Proteinen, die im Baz und im Crb Proteinkomplex organisiert sind. Im Baz-Komplex sind neben dem Par-3 Homolog Baz drei weitere zytoplasmatische Proteine organisiert: DaPKC, CDC42 und Dm-Par-6. Letztere stellen Homologe zu Tight Junctions assoziierten Proteinen in Vertebraten dar (Kuchinke et al., 1998, Petronczki und Knoblich, 2001; Wodarz et al., 2000). Der Baz-Komplex wird früh, während der Entstehung des zellulären Blastoderms (Zellularisierung), lokalisiert und initiiert die Identität der apikalen Membrandomäne, wo Baz am Aufbau einer funktionalen ZA beteiligt ist (Müller und Wieschhaus, 1996; Harris und Pfeifer, 2004). In den späteren Entwicklungsstadien kontrolliert Baz die Zellpolarität, wobei sich zeigte, dass Baz (zelltypspezifisch) synergistisch mit dem Crb Proteinkomplex für die Erhaltung der Polarität benötigt wird. Der Crb Proteinkomplex besteht aus Crb, Sdt, dem "Drosophila Protein Associated with Tight Junctions" (DPATJ) und DLin7 (Tepass et al., 1990; Bachmann et al., 2001; Bachmann et al., 2004). crb oder sdt mutante Embryonen können keine ZA aufbauen und zeigen reduzierte Zelladhäsion (Müller und Wieschhaus 1996, Tepass, 1996; Grawe et al., 1996).

Der Crb-Komplex kolokalisiert mit Baz in der subapikalen Region (SAR) (siehe Abb. 2) (Wodarz et al., 2000; Petronczki und Knoblich, 2001; Bachmann et al., 2001; Hong et al., 2001). Als SAR bezeichnet man den unmittelbar apikal an der ZA gelegenen Bereich der Plasmamembran in den Epithelzellen von *Drosophila*. Sie korrespondiert in ihrer Position und in einigen funktionellen Aspekten mit der "Tight Junction" in Vertebraten (Müller, 2000; Johnson und Wodarz, 2003). Während Baz eine initiale Rolle in der Etablierung der apikalen Membrandomäne und dem Aufbau der ZA zukommt, spielt der Crb Komplex eher eine Funktion in der Etablierung der ZA und der Aufrechterhaltung der Zellpolarität. Dabei agieren die apikalen Crb- und Baz Proteinkomplexe antagonistisch zu lateral lokalisierten Proteinen, wie z.B. den

Tumorsuppressorproteinen Scribble (Scrib), Discs large (Dlg) und Lethal giant larvae (Lgl). Nullmutanten von *dlg, scrib* oder *lgl* zeichnen sich ebenfalls durch einen Verlust der ZA aus. Die Wechselwirkung dieser drei Protein-Komplexe (Baz-, Crb- und Scrib-Komplex) ist somit für die Ausbildung der apiko-basalen Polarität und Lokalisation der ZA im apikalen Bereich verantwortlich (Bilder and Perrimon, 2000; Bilder et al., 2001; Tanentzapf und Tepass, 2002).



Abbildung 2: Regulation der Zellpolarität in Drosophila

In der *Drosophila* Epithelzelle sind die Proteine, die den apikalen Bereich der Plasmamembran regulieren, im Bereich der Zonula Adherens (**ZA**) und der subapikalen Region (**SAR**) lokalisiert. Die ZA beinhaltet das Transmembranprotein *D***E-Cad**, das mit den zytoplasmatischen Proteinen *D***α-Cat** und Armadillo (**Arm**) einen Proteinkomplex bildet. Der Baz-Komplex (**Baz/aPKC/PAR-6**) ist für die Lokalisierung des Transmembranproteins Crumbs erforderlich, das sich apikal zum *D*E-Cad-Komplex befindet. Die zytoplasmatische Domäne von Crumbs (**Crb**) bindet Stardust (**Sdt**), das wiederum an *D***PATJ** und *D***Lin7** bindet.

Der Crb-Komplex co-lokalisiert mit Baz in der **SAR** und beide wirken antagonistisch zu Proteinen, die im Bereich der Septate Junction (**SJ**) lokalisiert sind, wie z.B. die Tumorsuppressoren **Scrib**, **DIg** und **LgI**. Das Zusammenspiel apikaler und lateraler Determinanten lokalisiert die ZA im apikalen Bereich.

1.2 Embryogenese und Tumorprogression

1.2.1 Regulatorische Netzwerke der EMT

Die Entwicklung der Körperanlagen mit ihren Organen wird durch eine Vielzahl komplexer Regelmechanismen gesteuert, die einem streng kontrollierten Ablauf folgen. Zu Beginn dieser Ereignisse steht die Mesenchymbildung, ein Vorgang, der Ahnlichkeiten zur Metastisierung von Tumoren aufweist. Mithilfe neuer Untersuchungen sollen regulatorische Netzwerke aufgedeckt werden, die Mesenchymbildung und Gewebedifferenzierung kontrollieren.

Ein wichtiger Schritt bei der Entstehung eines neuen Organismus ist die Bildung der embryonalen Rumpfanlage. Sie entsteht aus einem mehrschichtigen primitiven Epithel aus pluripotenten, sich teilenden Stammzellen. Unter Einfluss verschiedener Signalkaskaden (Wnt/β-Catenin, der TGF-ß1 und der FGF- Signalweg), werden bestimmte Zellen induziert, sich aus ihrem epithelialen Zellverband zu lösen und mesenchymale Eigenschaften anzunehmen (Katoh, 2006).Dabei werden sie beweglich und beginnen sich zu unterschiedlichen Zelltypen zu differenzieren. Die Vorgänge sind entscheidend für die Ausbildung des dritten Keimblatts und die Organisation von Geweben während der Embryogenese.

Über das Verständnis der embryonalen Vorgänge hinaus erwarten die Wissenschaftler von diesen Untersuchungen wichtige Hinweise über die Entstehung und Metastisierung von Tumoren epithelialen Ursprungs (Kapitel 1.1.2).

Bei der EMT kommt es zu drastischen Veränderungen in den Zellen. Epitheliale und adhäsive Verbindungen werden aufgelöst, das Zytoskelett wird umorganisiert, wobei aus kortikalem Aktin Stressfasern entstehen, die Zellen verlieren ihre apikalbasolaterale Polarität und die Expression mesenchymaler Gene wird induziert (Huber et al., 2005). Gesteuert wird dieser Prozess in den meisten Zellen durch Kooperation des TGF-ß Signalweges mit onkogenem Ras (Lehmann et la., 2000; Janda et al., 2002) oder Rezeptor-Tyrosinkinasen. Die Aktivierung von Ras, die abwärts der aktivierten Rezeptor-Tyrosinkinasen erfolgt, kommt eine wichtige Vermittlerrolle zur Induzierung der EMT zu Untersuchungen an humanen Brustkrebszelllinien haben gezeigt, dass der Ras/Mitogen-aktivierte Protein-Kinase (MAPK) Signalweg eine sehr wichtige Rolle bei der Induzierung der EMT spielt, aber auch die transiente Aktivierung von Src, Phosphoinositol 3-Kinase (PI3K) und Rac beeinflusst bestimmte Aspekte der EMT (Vincent-Salomon and Thiery, 2003). Ras begünstigt die Aktivierung von kleinen GTPasen der Rac- und Rho-Familie über PI3K. Diese beiden Proteine regulieren die adherenten Verbindungen, die Myosin- Phosphorylierung und die Aktin-Streßfasern, führen so zu Änderungen in der Organisation des Zytoskeletts und können somit zu den Zellformveränderungen während der EMT beitragen (Teng et al., 2007; Edme et al., 2002; Thiery, 2002).

TGF-ß kommt eine Doppelfunktion in der Tumorgenität. In der frühen Phase vermittelt er Wachstumsrepression und Apoptose, aber in der späteren Phase der Tumorgenität, stehen erhöhte TGFß-Signal über Autokrine- oder Paracrine-Stimulation in Verbindung mit Krebsprogession, der Metastisierung (Christofori, 2006; Muraoko-Cook et al., 2005). Diese autokrine Faktoren beinhalten den "Transforming growth factor ß" TGF-ß1, "Hepatocyte growth factor" (HGF), "Fibroblast growth factors" (FGF), "epithelial growth factor (EGF) und die "insulin-like growth factors 1 und 2" (IGF). Die aktivierten Rezeptor-Tyrosin-Kinasen aktivieren Effektoren, wie die Proteine der Src Familie und Ras (Boyer et al., 2000; Thiery, 2002). Src phosphoryliert wichtige Adhäsionsproteine (Fac, Cas und Paxillin) des Zytoskeletts und vermittelt somit die Umordnung der Zellform und deren Adhäsion. Dies ist ein entscheidener Effekt, der letztendlich EMT und Migration fördert, wobei das aber im Gegensatz zu TGF-ß kontextabhängig und nicht universal ist (Huber et al., 2005).

Zusätzlich wird die kleine GTPase Rho A durch die TGFß Stimulation aktiviert und ist ein essentieller Faktor für die TGFß-vermittlete EMT. Die Expression von dominantnegativ mutantem RhoA blockiert alle morphologischen und molekularen Eigenschaften der EMT (Bhowmick et al., 2001).

Es sind noch zahlreiche weitere Signalkaskaden an der Umstrukturierung der Zellen beteiligt, die z. T. wiederum durch TGF-ß induziert werden können. So zum Beispiel der Wnt-Signalweg, der den Transkriptionsrepressor Snail stabilisiert (Yook et al., 2005) und die Repression und den Abbau von E-Cadherin bewirkt. Die Unterdrückung von E-Cadherin durch Snail spielt daher eine wichtige Rolle bei der Billdung von Mesenchym aus epithelialen Zellverbänden.

GSK-3ß kann Snail an zwei verschiedenen Stellen phosphorylieren und somit blockieren, da die Phosphorylierung sowohl zur Ubiquitinierung und nachfolgendem Abbau führen kann, als auch zum Export aus dem Kern. Außerdem kann GSK-3ß Snail auf transkriptioneller Ebene inhibieren. Während der EMT wird die Kinase bei EMT durch einen aktiven Wnt-Signalweg gehemmt.

Der Wnt (Wingless, INT)-Signaltransduktionsweg reguliert die Transkription zahlreicher Zielgene, deren Transkripte während der Embryogenese von Bedeutung sind. In der adulten Phase hingegen führt eine verstärkte Aktivierung vieler Wnt Zielgene in die Tumorprogression.

Der Wnt-Signaltransduktionsweg wird durch eine Abfolge von Protein-Proteininteraktion und Phosphorylierungsereignissen bestimmt, die die Transkription der Zielgene regulieren.

Wnt wurde abgeleitet von dem *Drosophila*-Protein Wingless (kodiert vom Gen wg), einem wichtigen Protein der Embryonalentwicklung und dem Protoonkoprotein INT-1 (Wnt-1) aus der Maus (Sharma und Chopra, 1976). Aus der humanen Wnt-Familie wurde Wnt-1 umfangreich untersucht. Es ist ein Protoonkoprotein und nimmt Einfluss auf die Entwicklung des Nervensystems. WNT-2, WNT-5A, WNT-7B werden in humanen Brustkarzinomen stark exprimiert (Dale et al., 1996; Huguet et al., 1994; Lejeune et al., 1995).

Der Wnt-Signaltransduktionsweg durch die Bindung von Wnt an dessen membranbeständigen Rezeptor Frizzled aktiviert. Ein bisher noch nicht genau verstandener Mechanismus inaktiviert dabei über das Protein Dishevelled die Ser/Thr Kinase Glykogen-Synthase-Kinase-3ß (GSK3ß) (Yanagawa et al., 1995). Dadurch wird die Phosphorylierung von ß-Catenin inhibiert und so der proteosomale Abbau des β-Catenins verhindert. ß-Catenin akkumuliert daraufhin im Cytoplasma und verlagert sich in den Zellkern, wo es durch die Interaktion mit HMG-Box Proteinen der LEF/TCF-Familie die Rolle eines Transkriptionsaktivators übernimmt.

Für den Wnt-Signaltransduktionsweg wurden zahlreiche ß-cat/TCF-abhängig regulierte Zielgene nachgewiesen: z.B. *myc* (Wang et al., 2002), *cyclin D1* (Pradeep et al., 2004), c-Jun (Chun et al., 2005). wobei verstärkte ß-cat/Tcf4-abhängige Transkription zur Tumorprogression führen kann und die Menge an nukleärem ß-cat die TCF-abhängige Transkription entscheidend reguliert. Ursache sind häufig die in den Wnt-Signaltransduktionsweg involvierten Proteine wie ß-cat, APC, GSK3-beta und Axin. Zum Beispiel konnte in einer Vielzahl von Tumoren (Coloncarcinom, Melanom, Pilomatricom, hepatozelluläres Carcinom) eine gesteigerte Akkumulation von β-Catenin gezeigt werden, die aus Mutationen des APC Gens oder den GSK3β-Phosphorylierungsstellen von β-Catenin resultieren, was zu einer erhöhten Stabilität

von ß-cat und somit zu einer höheren Menge an ß-cat/Tcf4 im Zellkern führt (Sunfeldt el a., 2003).

Somit stellt die aberrante Aktivierung des Wnt Signalwegs einen Hauptmechanismus der onkogenen Transformation in verschiedenen Tumorarten dar.

Eine schematische Darstellung dieses regulatorischen Netzwerkes, das die EMT steuert, ist in Abbildung 3 zusammengefasst.



Abbildung 3: Übersicht über die am EMT beteiligten Netzwerke

Unter Einfluss verschiedener Signalkaskaden (Wnt/ β -Catenin, der TGF-&1 und der FGF- Signalweg), werden bestimmte Zellen induziert, sich aus ihrem epithelialen Zellverband zu lösen und mesenchymale Eigenschaften anzunehmen.

Details siehe Text. Endpunkte der EMT sind eingekreist. RTK= Rezeptor-Tyrosin-Kinasen (Larue und Bellacosa, 2005)

1.2.2 EMT während der frühen Mesoderm-Morphogenese in der Maus

Der Verlust des epithelialen Phänotyps wird während der EMT hauptsächlich durch Veränderung in der Zelladhäsion gesteuert. Hier ist wiederum E-Cadherin bestimmend. Es gibt zahlreiche Mögliochkeiten E-Cadherin zu reduzieren. Auf transkriptioneller Ebene über die Transkrptionsfaktoren Snail, Slug und Twist. Über die posttranskritioneller Ebene wird die Menge an verfügbarem E-Cadherin über Phosphorylierung durch RTKs (Rezeptor-Tyrosin-Kinasen), wie EGFR, IGFR und FGFR reguliert.

Ein gut untersuchtes Modellsystem, das zur Untersuchung der EMT genutzt wird, ist die frühe Mesoderm-Morphogenese des Mausembryos. Bei diesen Untersuchungen wurden zwei unabhängige Signalwege identifiziert (FGF/Snail und NIK/p38/p38-IP), die zur EMT beitragen können (Abb. 4). Interessanterweise führen beide Signalwege zu einer Regulation des Adhäsionsmoleküls E-Cadherin. Zum einen wurde gezeigt, dass während der EMT E-cadherin transkriptionell reguliert wird, indem der FGF–Signalweg über FGF-R1 die Expression des Zinkfinger-Transkriptionsfaktors *snail* steuert. Snail wiederum reprimiert direkt die Expression des *e-cadherin* Gens, und reduziert so die Level des E-Cad Proteins in der Zelle, was zu einer verminderten Zelladhäsion beiträgt (Cano et al., 2000). Da die Zellen während der EMT ihren epithelialen Charakter verlieren und die Zelladhäsion negativ reguliert wird, trägt die Unterdrückung von E-Cadherin durch Snail somit zur EMT bei (Bates et al., 2005; del Barrio und Nieto 2002; Carver et al., 2001).

Unabhängig von der FGF/Snail vermittelten transkriptionellen Regulation von E-Cad wird der Level des E-Cad Proteins zusätzlich posttranskriptionell reguliert. Für diese posttranskriptionelle Regulation wird die Aktivierung des NIK/Map4k4-Signalweg durch einen bis heute unbekannten Faktor benötigt. Es wurde gezeigt, dass die MAP-Kinase p38 und das p38-Interacting Protein (p38-IP) für die negative Regulation des E-Cad Proteins essentiell sind.

P38-IP mutante Embryonen zeigten eine abnormale Entwicklung des Mesoderms. Eine Vielzahl von mesodermalen Zellen akkumulieren an der posterioren Seite des Embryos wodurch eine weitere Ausbreitung des Mesoderms unterdrückt wird. Auch die Expression von Snail und E-Cad wurde in diesen Mutanten genauer untersucht. Dabei hat sich gezeigt, daß *snail* normal exprimiert wird. Daraus lässt sich schließen, daß p38-IP nicht für die *snail* Expression benötigt wird. Da Snail ein transkriptioneller Repressor von E-Cad ist, liegt die Vermutung nahe, dass die E-Cad Expression reprimiert wird. Dies ist jedoch nicht der Fall, da E-Cad an den Verbindungspunkten der Zellen in p38-IP mutanten Embryonen verbleibt. Somit scheint das E-Cad Protein transkriptionell und zusätzlich posttranskriptionell reguliert zu werden.

Das Zusammenspiel der FGF/Snail und der NIK/p38/p38-IP abhängigen E-Cad Regulation trägt somit zu einem normalen Ablauf der EMT bei (Zohn et al., 2006).



Abbildung 4: Modell der Signaltransduktionswege, die E-Cadherin während der Mesodermmorphogenese in der Maus regulieren

Zwei unabhängige Signalwege, **FGF/Snail und NIK/p38/p38-IP**, sind während der frühen Mesodermmorphogenese notwendig, um E-Cad zu regulieren und somit die EMT und letztendlich die Mesodermmigration zu ermöglichen. Zum einen wurde gezeigt, dass während der EMT E-Cad transkriptionell reguliert wird, indem der FGF– Signalweg über FGF-R1 die Expression des Zinkfinger-Transkriptionsfaktors *snail* steuert. Unabhängig davon wird der Level des E-Cad Proteins über den NIK/Map4k4-Signalweg posttranskriptionell reguliert (Zohn et al., 2006).

1.3 Mesoderm-Morphogenese von Drosophila melanogaster

Es hat sich in den letzten Jahren gezeigt, dass einige der in der Maus für die Mesoderm-Morphogenese notwendigen Signalwege auch in anderen Modellorganismen wie Drosophila vorhanden sind und ebenfalls zur Mesoderm-Morphogenese beitragen. So sind an Drosophila mehrere Studien durchgeführt worden, die konservierte Signalwege identifiziert haben, welche für eine gerichtete Migration der Mesodermzellen benötigt werden (Schumacher et al., 2004; Gryzik und Müller 2004, Wilson und Leptin, 2000; Michelson et al., 1998b; Saigo et al., 1997; Krasnow et al., 1996; Shilo et al., 1996). Da EMT während der Drosophila Mesoderm-Morphogenese wahrscheinlich ebenfalls eine wichtige Voraussetzung für die korrekte Wanderung des Mesoderms ist, sollten durch detaillierte Untersuchungen in dieser Arbeit Komponenten identifiziert werden, die für den EMT Prozess erforderlich sind. Daher wird im Folgenden zunächst die frühe Mesoderm-Morphogenese von Drosophila zusammenfassend erläutert.

In *Drosophila* bildet sich das Mesoderm aus einer ventralen Population von Zellen im einzelschichtigen Blastodermepithel (Costa et al., 1993). Der Prozess der Mesoderm-Morphogenese beinhaltet komplexe morphologische Abläufe, wie Zellkoordination, den Wandel von epithelialen zum mesenchymalen Zellcharakter und die Zellmigration. Der Ablauf der Mesoderm-Morphogenese lässt sich in 3 Phasen einteilen (Abb. 5).

1.3.1 Phase 1: Invagination

Der erste Schritt der Mesoderm-Morphogenese ist die Invagination der präsumptiven Mesodermzellen (Stadium 6-7), wodurch eine mesodermale Röhre gebildet wird (Abb. 5 A-C und F-H). Die Expression der zygotischen Gene *twist (twi)* und *snail (sna)* ist für den Ablauf dieses Prozesses notwendig, denn in *twi* und *sna* mutanten Embryonen unterbleibt die Invagination des Mesoderms (Leptin und Grunewald, 1990). Die Expression von *twi* und *sna* erfolgt zuerst in einem schmalen Band von ventralen Zellen, die später die zentrale Population der Mesodermzellen darstellen (Leptin, 1991). Twist ist im Kern lokalisiert und agiert als transkriptioneller Aktivator, der für die Expression der meisten mesodermalen Gene notwendig ist. Der

Transkriptionsfaktor Snail repremiert die Expression von ektodermalen Genen innerhalb des Mesodermprimordiums (Ip et al., 1992). Durch das Zusammenspiel beider Gene wird letztendlich die Invagination des ventralen Zellstreifens in das Innere des Embryos ermöglicht (Leptin, 1991).



Abbildung 5: Phasen der Mesoderm-Morphogenese in Drosophila

(A-E) Querschnitte von Wildtyp-Embryonen gefärbt mit Antikörpern gegen das Twi-Protein (schwarz). (F-J) Schematische Darstellung der Mesoderm-Morphogenese in embryonalen Querschnitten. Die ektodermalen Zellen sind rosa und die mesodermalen Zellen grün eingefärbt. Alle Querschnitte sind so orientiert, dass die ventrale Seite nach unten weist (Modifiziert nach Knust und Müller, 1998). (K-O) Laterale Gesamtansicht auf Wildtyp-Embryonen, gefärbt mit Antikörpern gegen das Twist-Protein (braun). In Stadium 5 beginnen die Mesodermzellen mit der Invagination (A, F). In Stadium 6 (B, G) invaginiert das Mesoderm und bildet eine röhren-ähnliche Struktur, die in Stadium 7 (C, H) bestehen bleibt. Zu Beginn von Stadium 8 zerfällt diese Röhre (D, I), die Zellen verlieren ihren epithelialen Charakter, durchlaufen mitotische Zellteilungen und beginnen sich in dorsal-lateraler Richtung auszubreiten, wobei sie eine einlagige Zellschicht bilden (E, J). Während der beschriebenen Gastrulationsvorgänge kommt es zu einer deutlichen Verlängerung des Keimstreifens (K-O).

1.3.2 Phase 2: Epithel-Mesenchym-Übergang

Im nächsten Schritt (Stadium 8) der Embryonalentwicklung, kommt es zur Abflachung der invaginierten Röhre aus Mesodermzellen. Dabei verlieren diese ihren epithelialen Charakter und werden zu mesenchymalen Zellen, die als Aggregat auf dem Ektoderm liegen bleiben. Gleichzeitig kommt es auch zur ersten mitotischen Zellteilung nach der Gastrulation (Bate et al., 1993; Campos-Ortega und Hartenstein, 1985). Die Ektodermzellen behalten ihren epithelialen Charakter (Campos-Ortega

und Hartenstein, 1985), während die Mesodermzellen ihre epithelialen Eigenschaften verlieren. Dies ist eine wichtige Voraussetzung für die laterale Ausbreitung auf dem Ektoderm, die sich im Stadium 9 der Embryonalentwicklung fortsetzt (Abb. 5 D und I). Interessanterweise wird zu diesem Zeitpunkt die Expression von E-Cad im Mesoderm durch die Aktivität von Snail repremiert, während Twist gleichzeitig die Expression von N-Cad in allen mesodermalen Zellen aktiviert (Oda et al., 1998). Es konnte jedoch noch nicht geklärt werden, ob diese differentielle Expression von E-und N-Cad eine Auswirkung auf die EMT hat.

1.3.3 Phase 3: Migration

Bis zum frühen Stadium 10 haben sich die Mesodermzellen auf dem Ektoderm ausgebreitet und liegen als einschichtiges Gewebe vor, das im Bereich der ventralen Mittellinie voneinander getrennt ist (Abb. 5 E und J). Während der beschriebenen Gastrulationsvorgänge kommt es zu einer deutlichen Verlängerung des Keimstreifens (Campos-Ortega und Hartenstein, 1985; Irvine und Wieschaus, 1994). Die gleichzeitig stattfindende Wanderung der Mesodermzellen und die damit verbundenen Zellformveränderungen werden durch die Aktivität des FGF-Rezeptors Heartless (Htl) reguliert (siehe 1.4, Beiman et al., 1996; Gisselbrecht et al., 1996; Schumacher et al., 2004).

Die dorso-laterale Migration ist für die anschließende Differenzierung der Mesodermzellen essentiell. In *Drosophila* entstehen aus dem Mesoderm die somatische und viszerale Muskulatur, der Fettkörper, das larvale Herz und das somatische Gewebe der Gonaden. Die für die Differenzierung notwendigen, induktiven Signale gehen von den Ektodermzellen aus. So entstehen z. B. die Herzvorläuferzellen aus den dorsal positionierten Mesodermzellen durch die Induktion von Decapentaplegic (Dpp) und wingless (wg), das in den dorsalen Ektodermzellen expremiert wird (Frasch, 1995; Wu et la., 1995; Staehling et al., 1994). Die Differenzierung zu den beiden Mesodermderivaten wird durch die Expression von Even-Skipped (Eve), der früheste Marker für die Perikardialzellen, dargestellt. Nur die vollständige Ausbreitung des Mesoderms auf dem Ektoderm stellt die Differenzierung zu den Mesodermderivaten sicher (Carmena et al., 1998; Halfon et al., 2000; Knirr und Frasch, 2001).

1.4 FGF-vermittelte Zellwanderungsprozesse während der Embryogenese

htl wird im embryonalen Mesoderm von Drosophila expremiert. In *htl* mutanten Embryonen ist der gerichtete Wanderungsprozess der mesodermalen Zellen gestört, was dazu führt, dass kein viszerales Mesoderm und kein Herzgewebe (daher der Name "heartless") gebildet werden (Beiman et al., 1996; Gisselbrecht et al., 1996). htl kodiert für einen FGF-Rezeptor, einer Klasse von Transmembranproteinen die zu den Rezeptor-Tyrosinkinasen gehören. Die Signaltransduktion durch FGF-Rezeptoren wird durch die FGF-Ligandenbindung initiiert. Diese Bindung führt zur Dimerisierung des Rezeptors und zur intermolekularen Autophosphorylierung innerhalb des Rezeptordimers (Plotnikov et al., 1999). Durch die Phosphorylierung von Tyrosinresten werden Bindestellen für Adaptorproteine mit Phosphotyrosin-Bindemodulen gewährleistet (Pawson und Scott, 1997). Dieser Vorgang führt zur Stimulation spezifischer Signaltransduktionsmoleküle, zu denen z.B. die kleine GTPase Ras und die Mitogen-aktivierte-Protein-Kinase (MAPK) zählt (Cobb und Goldsmith, 1995; Seger et al., 1992). MAPK ist ein entscheidender Faktor, der die Signale des FGF-Signalweges durch die Regulation der Genexpression umsetzt (Fantl et al., 1993; Van der Geer et al., 1994).

In *Drosophila* konnte ein weiteres Adaptorprotein diese Signalwegs identifiziert werden dessen Gen als *dof* (Downstream of FGF) bekannt ist (Michelson et al., 1998; Vincent et al., 1998; Imam et al., 1999). In *dof* mutanten Embryonen ist die Wanderung des Mesoderms gestört (Vincent et al., 1998). Die Proteinstruktur von Dof weist zwei Ankyrin-Wiederholungen, eine coiled-coil-Domäne sowie ein DBB-Motiv (Dof/BCAP/BANK) auf. Es konnte gezeigt werden, dass das DBB-Motiv für die FGF-abhängige Signaltransduktion notwendig ist und für eine effiziente Bindung an den Htl-Rezeptor ausreicht (Battersby et al., 2003; Wilson et al., 2004a). Als zelluläres Substrat von Heartless wird Dof nach der Rezeptoraktivierung phosphoryliert und rekrutiert das Protein Corkscrew (Csw) in diesen Komplex (Petit et al., 2004; Wilson et al., 2004a). Corkscrew ist ein Homolog von SHP-2 aus Vertebraten und besitzt ebenso wie SHP-2 zwei aminoterminale SH2-Domänen und eine zentral gelegene katalytische Domäne (Saxton und Pawson, 1999). Eine der SH2-Domänen von Csw ist für die Bindung an Dof notwendig (Petit et al., 2004).

Weitere Gene die am FGF-vermittelten Signalweg in Drosophila beteiligt sind, sind sugarless und sulfatless. Beide Gene kodieren für Enzyme, die essentiell für die Biosynthese von Heparansulfat-Glukosaminoglykan (HSGAGs) sind (Lin et al., 1999). Diese HSGAGs bilden die Seitenketten von Heparan-Sulfat-Proteoglykanen (HSPGs). Es konnte gezeigt werden, dass die FGFs eine hohe Affinität zu HAPGS aufweisen und HSPG als Co-Rezeptoren der FGFR dienen können (Harmer 2006). Htl kontrolliert die Zellformveränderungen Der Rezeptor während der Mesodermmigration (Schumacher et al., 2004). Diese Zellformveränderungen sind wahrscheinlich unabhängig von der Transkription neuer Gene, da das schmale Zeitfenster zwischen der Aktivierung der Kaskade und den morphogenetischen Bewegungen des Mesoderms die Synthese neuer Proteine nicht zulässt (Wilson und Leptin, 2000). Ein Faktor, der für die Htl abhängigen Zellformveränderungen benötigt wird, ist der Guaninnukleotid-Austauschfaktor (GEF) Pebble (pbl) (Schumacher et al, 2004). Es konnte bisher allerdings nicht zweifelsfrei gezeigt werden, ob Pbl ausschließlich ,downstream' des Htl-Rezeptors oder parallel des FGF-Signalwegs fungiert. Pbl ist für den korrekten Ablauf der Zytokinese in den postblastodermalen Zellen notwendig (Prokopenko et al., 1999) und darüber hinaus wurde es als eine essentielle Komponente im Htl-vermittleten Signalweg für die Mesodermmigration identifiziert (Schumacher et al., 2004).

Inwieweit der FGF-Signalweg oder andere Komponente der Mesodermmigration für die vorausgehenden EMT notwendig sind, ist noch nicht bekannt. Es ist ein Ziel dieser Arbeit, dies zu untersuchen.

1.5 Zielsetzung dieser Arbeit

Mit dieser Arbeit soll der Prozess der EMT in Mesodermzellen während der Entwicklung von *Drosophila melanogaster* auf zellulärer Ebene untersucht werden. Zu diesem Zweck werden zunächst der zeitliche Verlauf sowie die subzellulären und die ultrastrukturellen Veränderungen während der EMT in Wildtyp-Embryonen untersucht. Die Rekombination zweier bekannter Mutationen, sowie genetische und immunhistologische Experimente sollten dann zeigen, inwieweit der FGF-Signalweg oder anderen involvierte Gene für Komponenten der EMT kodieren.

In einem Teilprojekt sollte die Beteiligung des mesodermal expremierten Gens *heartless* für die EMT untersucht werden. Ein weiterer Schwerpunkt stellt die Untersuchung der Beteiligung des *pebble* Gens in der EMT dar. Um den EMT-Prozess auf zellulärer Ebene zu analysieren, wird die Zelladhäsion in Mesodermzellen während der EMT durch die Verteilung von Cadherin, sowie die Zellpolarität an Hand des apikalen Markerproteins *D*PATJ im Wildtyp und den verschiedenen mutanten Embryonen untersucht. Gleichzeitig sollen elektronenmikroskopische Untersuchungen Hinweise darüber geben, wie EMT in der frühen Mesoderm-Morphogenese die Auflösung von Zellkontakten reguliert.

Um neue Gene zu identifizieren, die für die frühe Mesoderm-Morphogenese erforderlich sein könnten, wurde ein Überexpressions-Screen durchgeführt, der in dieser Arbeit beschrieben wird. Dazu wurde das GAL4-UAS-System in Verbindung mit EP-Zielelementen verwendet und eine Kollektion von 2800 unabhängigen EP-Insertionslinien durchforstet. Potentielle Kandidatengene, die die EMT steuern, wurden dabei auf Grund der durch die Überexpression erzeugten Letalität identifiziert. Mit einer phänotypischen Charakterisierung der Überexpression einiger Kandidaten wurde in dieser Arbeit begonnen.

Diese Experimente sollen Aufschluss darüber geben, welche Mechanismen die Veränderungen in der Genexpression, der Zelladhäsion und in der Zytoskelett-Organisation regulieren, die für die EMT erforderlich sind.

20

2. Material und Methoden

2.1 Material

2.1.1 Chemikalien

Alle Verbrauchschemikalien wurden in der Qualität *pro analysis* von folgenden Firmen bezogen: *Acros* (Geel, Belgien), *Baker* (Deventer, Niederlande), *Biomol* (Hamburg) *Bio-Rad* (München), *Difco* (Detroit, USA), *Fluka* (Buchs, Schweiz), *Gibco/BRL Life Technologies* (Karlsruhe), *Merck* (Darmstadt), *Roth* (Karlsruhe), *Serva* (Heidelberg), *Sigma-Aldrich* (Steinheim).

Sämtliche Lösungen für molekularbiologische Arbeiten wurden mit Bidest-H₂O angesetzt und autoklaviert oder, falls dies nicht möglich war, sterilfiltriert.

Restriktionsenzyme für molekularbiologische Arbeiten wurden von folgenden Firmen bezogen: *MBI Fermentas* (St. Leon-Rot), *Boehringer/Roche Diagnostics* (Mannheim), *Promega* (Madison, USA).

Für die Präperation von Plasmid-DNA und für die DNA-Extraktion aus Agarosegelen wurden Kits von *Qiagen* (Hilden), *Macherey-Nagel* (Düren) oder *Promega* (Madison, USA) verwendet.

2.1.2 Sonstige Materialien

UV-Spektrophotometer: Gene Quant II (*Pharmacia Biotech*, Cambridge, UK); Zentrifuge (*Heraeus* biofuge fresco und pico); PCR-Maschine (*MS Research MiniCycler*), Ultra-Mikrotom OM2 von *Reicher*,; Konfokales Lasermikroskop: Leica TCS NT (*Leica*, Heidelberg) and Zeiss 510Meta (*Zeiss*, Jena), Photolichtmikroskop: Zeiss Axiophot2 (*Zeiss*, Oberkochen), Zeiss Elektronenmikroskop 109 (*Zeiss*, Oberkochen)

Bilder wurden mit Adobe Photoshop CS und Macromedia FreeHand MX bearbeitet. Text and Kalkulationen wurden mit Microsoft Office 2003 Students Edition erstellt.

2.2 Gentechnische Methoden

2.2.1 Fliegenzucht

Die Haltung der Fliegen erfolgte auf Standardmedium bei 18°C, RT und 25°C. Eiablagen wurden auf Apfelsaft-Agarplatten angesetzt, die zur Stimulation der Eiablage mit einem Tupfer Hefe versehen wurden.

<u>Lösungen:</u>

Standardmedium: 356g Maisschrot, 47,5g Sojamehl, 84g Trockenhefe, 225g Malzextrakt, 75ml 10%iges Nipagin, 22.5ml Propionsäure, 28g Agar, 200g Zuckerrübensirup \Rightarrow mit 4.9l dH₂O auffüllen

Eine Liste der Fliegenstämme (Balancer Chromosomen, mutante Fliegenstämme), die im Rahmen dieser Arbeit verwendet wurden, sind in Tabelle 1 zusammengefasst.

Tabelle 1: Liste der Balancer-Chromosomen (Tabelle 1a) und Fliegenstämme(Tabelle 1b), die für diese Arbeit verwendet wurden

Die EP-Linien, die vom Stock Center Szeged, Ungarn bestellt wurden, sind unter <u>http://expbio.bio.u-szeged.hu/fly/index.php</u> in der Kategorie "Collections-EP lines" aufgelistet.

Chromosom	Bezeichnung	Referenz
1.	FM7	Lindsley und Zimm, 1992
2.	СуО	Lindsley und Zimm, 1992
3.	MKRS	Lindsley und Zimm, 1992
3.	TM6b	Lindsley und Zimm, 1992
3.	TM3, P[ftz::LacZ]	Lindsley und Zimm, 1992

Tabelle 1a: Balancer-Chromosomen

Bezeichnung	Bemerkung	Referenz
htl ^{AB42}	Punktmutation	Gisselbrecht et al., 1996
pbl ³	Punktmutation	Tearle und Nüsslein-
		Volhard, 1987
stg ^{7M}	Punktmutation	Tearle und Nüsslein-
		Volhard, 1987
twi::Gal4	Mesodermaler	Ranganayakulu et al.,
	Treiberstamm	1996

Tabelle 1b: Mutante und transgene Fliegenstämme

2.2.2 Das GAL4/UAS-System

Das GAL4/UAS-System ermöglicht eine zeitlich und räumlich beeinflussbare Genexpression in *Drosophila* (Brand und Perrimon, 1993). Unter dem Einfluss entwicklungs- und gewebespezifischer Enhancer wird in einem als "Aktivator" bezeichneten Fliegenstamm der Hefe-Transkriptionsfaktor GAL4 expremiert. In einem zweiten, "effector" genannten Fliegenstamm, steht das zu untersuchende Gen unter dem Einfluss von UAS-Sequenzen (upstream <u>a</u>ctivating <u>s</u>equences), den Bindungsstellen für GAL4. Durch Kreuzung von "Aktivator"- und "Effektor"-Stamm gelangen beide Komponenten in einen Organismus und führen zur GAL4/AUS vermittelten Expression des Zielgens unter der räumlichen und zeitlichen Kontrolle der Enhancer (siehe Abbildung 6).



Abbildung 6: Schematische Darstellung des GAL4/UAS-Systems

2.2.3 EP vermittelter Überexpressionsscreen in Drosophila

Ein spezielles P-Element, welches ein EP (Enhancer Promoter) trägt, ist so konstruiert, dass es die GAL4-abhängige Transkription eines dem P-Element benachbarten Gens bewirken kann (Roth et al, 1998). Dies ist in Abbildung 7 schematisch veranschaulicht. Etwa 2800 unabhängige EP Insertionslinien auf den Chromosom X, 2, und 3 sind beim Szeged *Drosophila* Stock Center (Ungarn) erhältlich. Die Insertionsorte aller dieser EP Linien sind zytologisch kartiert (siehe http://expbio.bio.u-szeged.hu/fly/index.php) und die Charakterisierung der gesamten Sammlung beinhaltet die Sequenzen der angrenzenden DNA. Diese Daten sind in der Datenbank von "Flybase" (www.flybase.org) verfügbar. Die 2800 bei Szeged erhältlichen EP Linien wurden für einen Überexpressionsscreen in *Drosophila* verwendet, der Gene identifizieren sollte die in der frühen Mesodermmorphogenese involviert sind. Dazu wurden die EP Linien mit einem *twistGal4* Treiberstamm gekreuzt.



Abbildung 7: Strategie des EP- Überexpressions-Screens

Jede Ziellinie enthält ein einzelnes EP-Ziel-Element an einer bekannten Position im Genom. Gepaart mit Gal4-Fliegen erhalten die Nachkommen diese beiden Elemente. Das ermöglicht GAL4 die Bindung innerhalb des EP-Elements. Dadurch wird das Gen, das dem EP-Element direkt benachbart ist transkribiert (Rorth et al., 1998).

Alle Kreuzungen wurden bei 25°C durchgeführt und die EP Linien deren Überexpression im Mesoderm zu Letalität führten wurden weiter untersucht. Um zu testen ob die mesodermale Überexpression von Gen X mit twi::GAL4 zu einem embryonalen Phänotyp führt bei dem die Mesodermmigration beeinträchtigt ist wurden Ablagen von den entsprechenden Linien ausgewertet. Um eine größere Menge an Embryonen zu fixieren, wurde nach dem Protokoll 2.4.1.1.1 vorgegangen. Die fixierten 5-7 Stunden alten Embryonen wurden anschließend mit dem Mesodermmarker Twist gefärbt und über Nacht-Ablagen mit dem Perikardialzellen-Marker Eve gefärbt (siehe 2.4.2.3, Tabelle 5). Von diesen Färbungen wurden Dauerpräparate angefertigt (siehe 2.4.3), die unter dem Photolichtmikroskop ausgewertet wurden.



2.3 Molekularbiologische Methoden

2.3.1 Kultivierung von Bakterien

Die Kultivierung der Bakterien erfolgte in LB-Flüssigmedium, dem gegebenenfalls Antibiotika zugesetzt wurden (Sambrook et al., 1989).

LB-Medium: 1% Trypton, 0,5 % Hefeextrakt, 0,5% NaCl \rightarrow ad 1l H₂0

Zur Herstellung von LB-Platten wurde dem Medium 1,5 % (w/v) Bacto-Agar zugesetzt. Sowohl Flüssig- als auch Festmedien wurden zur Sterilisation bei 121°C für 20 min. autoklaviert. Die Zugabe der Antibiotika erfolgte nach Abkühlung des Mediums auf 50°C. Die Kultivierung der Bakterien er folgte bei 37 °C und 120 rpm auf dem Schüttler.

2.3.1.1 Bakterienstämme

Für die Klonierung wurde *E.coli* DH5 α mit dem Genotyp [F⁻, *lacZ* Δ M15, *recA*1, π ⁻, *hsdR*17, *supE*44, Δ (*lacZYA, argF*)] verwendet.

2.3.1.2 Vektoren

Für die Klonierung und Sequenzierung wurde der pCRII[®]-TOPO[®]-Vektor von Invitrogen eingesetzt. Als Selektivmarker diente eine Ampicilinresistenz (siehe Abbildung 9: Vektorkarte mit Restriktionsschnittstellen).



Abbildung 9: Vektorkarte von pCRII[®]-TOPO[®] mit Restriktionsschnittstellen

2.3.2 Transformation hitzekompetenter Bakterien

Bakterien sind in der Lage freie DNA aus der Umgebung aufzunehmen. Man bezeichnet diesen Vorgang als Transformation. Da aber die Effizienz dieser Aufnahme nur sehr gering ist, werden Bakterien verschiedenen speziellen Behandlungen unterzogen um diese Aufnahmeeffizienz zu erhöhen. Vor der Transformation müssen die Bakterien auf die jeweils angewendete Methode vorbereitet werden.

Für die Transformation wurden DH5α-*E.coli* auf Eis aufgetaut und für 30min mit dem zu transformierenden Plasmid inkubiert. Danach erfolgte ein Hitzeschock bei 42℃ für 45 s. Anschließend wurden die Bakterien auf Eis gestellt und nach 2min 1ml LB-Medium zugegeben. Die transformierten Bakterien wurden 1 h bei 37℃ unter Schütteln inkubiert. Zur Selektion der Transformanden wurde 200 µl Bakteriensuspension auf vorbereitete LB-Ampicillin-Agarplatten ausplattiert und über Nacht im Brutschrank bei 37℃ inkubiert.

2.3.3 Isolierung von Plasmid-DNA aus E.coli

2.3.3.1 Plasmid-"Midi"-Präperation

Um nach einer Transformation die Plasmid-DNA von Bakterienkolonien untersuchen und weiter verarbeiten zu können, werden Plasmide durch alkalische Lyse aus plasmidtragenden *E.coli* isoliert. Während die chromosomale DNA vollständig denaturiert wird, kann die Plasmid-DNA aufgrund ihrer supercoiled-Konformation bei einem neutralen pH-Wert wieder vollständig zu Doppelsträngen renaturieren.

Von den auf selektivem Nährboden gewachsenen Bakterienkolonien werden einzelne Klone gepickt und mit ihnen eine Übernachtkultur bei 37°C in je 1,5 ml LB-Medium mit Ampicilin angelegt. Die Zellen werden am darauf folgenden Tag pelletiert (5min., 5000rpm) und anschließend in 4ml Puffer S1 resuspendiert. Das im Resuspensionspuffer enthaltene EDTA komplexiert Mg²⁺-Ionen, die für die Aktivität von DNAsen benötigt werden. Dadurch wird ein Abbau der DNA verhindert.

Anschließend werden die resuspendierten Zellen mit 4ml Lysispuffer (S2) versetzt und vorsichtig durch Invertieren des Reaktionsgefäßes gemischt. Der Ansatz wird für 5 min. bei RT bis zur vollständigen Lyse der Zellen inkubiert. Durch Zugabe von 4ml Neutralisationspuffer (S3) wird die Plasmid-DNA renaturiert und die einzelsträngige chromosomale DNA, sowie die SDS-denaturierten Proteine, fallen aus. Eine 10minütige Zentrifugation bei 11000 rpm pelletiert die Proteine und die chromosomale DNA. Die im Überstand befindliche Plasmid-DNA kann mit einer Pipette abgenommen werden.

Der isolierte Überstand wird mit dem 0,7fachen Volumen Isopropanol vermischt, wodurch die Nukleinsäuren ihre Hydrathülle verlieren. Es folgt ein weiterer Zentrifugationsschritt (30 min, 13000rpm). Anschließend wird der Überstand verworfen und das Nukleinsäure-Pellet mit 70%igem Ethanol gewaschen, um die restlichen Salze und Isopropanol zu entfernen (Shapiro, 1981). Nach einer weiteren Zentrifugation (10 min, 13000rpm) wird die DNA erneut pelletiert und unter Vakuum einige Minuten lang getrocknet. Zuletzt wird das Pellet in 120 µl H₂O resuspendiert.

29

Zusammensetzung der Puffer

Puffer S1:	50mM Tris/HCl pH 8,0, 10mM EDTA, 100 μg/ml RNAse A (Lagerung bei 4℃)
Lysispuffer S2:	200 mM NaOH, 1% SDS (w/v)
Neutralisationspuffer S3:	3 M Kac PH 5,5

2.3.4 Konzentrationsbestimmung von Nukleinsäuren

Im Agarosegel wurde die Konzentration der aufgetrennten DNA durch Vergleich der Bandenstärke mit dem Molekulargewichtsstandard abgeschätzt. Bei der GeneRuler[™] 1kb DNA Leiter dient das 3kb Fragment als Referenz für 1µg DNA. Der Quotient OD₂₆₀/₂₈₀, gemessen im Photometer, gibt Auskunft über die Reinheit der DNA-Probe.

2.3.5 Polymerase-Kettenreaktion (PCR)

Das Prinzip der PCR ist die enzymatische Vermehrung eines DNA-Abschnittes zwischen zwei Oligonukleotid-Primern, die gegenläufig an komplementäre DNA-Stränge binden. Voraussetzung für den Einsatz von PCR-Methoden ist die Information über die Nukleotidsequenzen beiderseits des interessierenden DNA-Abschnittes und die Verfügbarkeit von geeigneten Oligonukleotiden. Die PCR besteht aus drei Schritten. Bei der Denaturierung wird die DNA durch Erhitzen auf 95℃ aufgetrennt. Beim Annealing paaren sich die Primer mit der einzelsträngigen DNA, und bei der Elongation erfolgt die Synthese des Doppelstranges bei 72 ℃, da hier die Taq-DNA-Polymerase ihr Optimum hat. Die DNA-Polymerase heftet Nukleotide an die 3'-OH-Primer-Enden und synthetisiert komplementäre DNA-Sequenzen. Diese Zyklen (Denaturierung, Annealing/Elongation) werden mehrmals wiederholt, wodurch winzige Mengen einer DNA-Sequenz um das Millionenfache amplifiziert werden können.

2.3.5.1 Standard PCR

Die PCR erfolgte entsprechend dem Standardprotokoll in Tabelle 2. Für einen 50µl Reaktionsansatz wurden folgende Komponenten in der angegebenen Reihenfolge pipettiert:

- 1 µl genomische DNA
- 1 μl Forward-Primer (10μM)
- 1 µl Reverse-Primer (10µM)
- 10 µl dNTP-Mix (10 mM)
- 10 µl Go-Taq-Puffer (5x)
- 1 µl Go-Taq-Polymerase

ad 26 μ l dH₂O

Schritt	Dauer	Temperatur
1 Denaturierung	5 min	95 °C
2 Denaturierung	30 sec	95 °C
3 Annealing	30 sec	55-60 °C
4 Elongatuion	je nach Primern 1,5 bis 4	72 °C
	min	
5 Finale Elongation	4 min	72 °C
6 Kühlung		4 °C
7 Ende		

Tabelle 2: Standard PCR-Programm

2.3.5.2 Oligonukleotide

Die Oligonukleotide die während der PCR im Rahmen dieser Arbeit eingesetzt wurden sind in Tabelle 3 zusammengefasst.

Seq Name	Seq 5`→ 3`	Hersteller
Snail for	GAGCGGTCGGCAAAGGAT	Operon
Snail rev	GGCCGCCAACTACAAAAG	Operon

Tabelle 3: Zur PCR eingesetzte Oligonukleotide
2.3.6 Gelelektrophorese

Bei der Gelelektrophorese werden geladene Moleküle in einem elektrischen Feld aufgetrennt. Die DNA ist durch das Phosphatrückgrat insgesamt negativ geladen und wandert daher im elektrischen Feld zur Anode. Die Auftrennung findet in einer Matrix (hier Agarose) statt, die wie ein Molekularsieb wirkt. Kleine Moleküle bewegen sich schneller hindurch als große. Agarose ist ein aus Algen gewonnenes Polysaccharid, das sich unter anderem in TAE-Puffer (40 mM Tris-Ac, 1 mM EDTA, pH 8,0) beim und beim Erkalten zu einem Gel erstarrt. Erhitzen löst Bei einer Agarosekonzentration von 0,8 % liegt der Auftrennungsbereich linearer DNA bei ca. 0,5-10 kb. Vor dem Auftragen werden die DNA-Proben mit einem Blaumarker (0,09 % Bromphenolblau, 60 % Glycerin, 60 mM EDTA) versetzt, damit die Probe in die Tasche absinkt und eine Visualisierung im Gel erfolgen kann. DNA-Moleküle werden im Gel durch Ethidiumbromid sichtbar, das zwischen die Basenpaare interkaliert und durch Anregung im UV-Bereich fluoresziert. Die DNA-Moleküle werden in der Regel für ca. 20 min bei 110 V gelelektrophoretisch aufgetrennt.

2.3.7 Restriktionsverdau

Um DNA bestimmter Größe in Fragmente zu schneiden, werden Restriktionsendonukleasen verwendet, die dadurch charakterisiert sind, dass sie die DNA an spezifischen palindromen Nukleotidsequenzen schneiden, wodurch je nach Enzym, entweder glatte Enden (blunt ends) oder kohäsive Enden (sticky ends) entstehen (Roberts & Macelis, 1996). Die Hydrolyse der DNA fand in dem vom Hersteller empfohlenen Reaktionspuffer statt. Der Verdau genomischer DNA erfolgte über Nacht und der von Plasmid-DNA für 2 h bei 37 °C. Der Erfolg der Restriktion wurde durch eine Gelelektrophorese überprüft.

Vektor	Wirt	Schnittstelle	Puffer	Verwendung	Hersteller
pCRII®	DH5a	Eco RI	Puffer H	Ansequenzierung	Fermentas
TOPO®				(siehe Anhang)	
pCRII®	DH5a	Hind III	Puffer B	Erstellung der anti-	Fermentas
TOPO®				sense-Sonde	

Tabelle 4: Verwendete Restriktionsenzyme

2.3.8 Reinigung von PCR-Produkten

Zur Entfernung von Primern, überschüssigen Nukleotiden, Polymerasen und Salzen wurden die PCR-Produkte mit dem *PCR Clean-UP System Kit* von Promega aufgereinigt. Die Aufreinigung erfolgte nach Herstellerangaben. Abschließend wurde die DNA in 30 μ l dH₂O eluiert.

2.3.9 DNA Analyse

Die DNA Sequenzierung erfolgte durch die Firma *SeqLa*b (Göttingen). Die Sequenz-Analyse erfolgte mittels Lasergene von *DNASTAR, Inc.* (Madison, USA) (siehe Anhang).

2.3.10 Detektion von RNA

2.3.10.1 Erstellung von RNA-Sonden

Die Erstellung von Sonden ist notwendig, um gezielt eine gesuchte Nukleotidsequenz in einem Gemisch von mRNA zu finden. Im Rahmen dieser Arbeit wurde eine RNA-Sonde erstellt, die spezifisch an Bereiche der snail mRNA bindet.

2.3.10.2 Markierung der anti-sense RNA-Sonde

Für die Markierungsreaktion durch in vitro Transkription wird 1µg des verdauten Vektors eingesetzt und noch jeweils 1/10 Volumen 10x DIG-RNA-Labeling Mix (10

ATP, GTP, CTP; 6,5mM UTP; 3,5mM DIG-UTP: mΜ pН 7.5). 10x Transkriptionspuffer (400 mM Tris-Cl, pH 8,0; 100 mM NaCl; 1 U RNAse-Inhibitor; 60 mM MgCl₂; 100 mM Dithiothreitol; 20 mM Spermidin) und T7-RNA-Polymerase (20 U/µl). Der Ansatz wird mit DEPC-H₂O aufgefüllt und für 2h bei 37°C inkubiert. Anschließend wird der Vektor durch Zugabe von 2 U DNAse I (RNAse-frei) für 15 min bei 37℃ abgebaut. Abschließend wird die Reaktion durch Zugabe von 2µl 0.2M EDTA, pH 8,0 und 0,5µl RNAse-Inhibitoren gestoppt. Die Transkripte werden dann gefällt, in 20 µl DEPC-H₂O (+ RNAse-Inhibitor) aufgenommen und die Konzentration photometrisch bestimmt.

2.3.10.3 Denaturierende RNA-Gelelektrophorese

RNA-Moleküle werden wie DNA gelelektrophoretisch aufgetrennt. Allerdings sind dafür denaturierende Bedingungen notwendig, da einzelsträngige RNA unter nativen Bedingungen Sekundärstrukturen ausbildet und somit das Laufverhalten beeinflusst wird. Als Denaturierungsmittel dienen hier Formaldehyd und deionisiertes Formamid. Die Carbonylgruppen des Formaldehyds bilden mit den freien Aminogruppen der Basen Aminale, die die Ausbildung von Sekundärstrukturen verhindern. Für das Gel wird 1,5 % Agarose in 1x MOPS (10x MOPS: 200 mM 3-(N-Morphpolino)-propansulfonsäure; 50 mM NaAc; 10 mM EDTA; auf pH 7 einstellen) unter Kochen gelöst und, nachdem die Lösung auf 70 °C abgekühlt ist, mit Formaldehyd auf eine Konzentration von 1,9 % eingestellt. Die RNA-Probe wird dann wie unten beschrieben präpariert. Der gesamte Ansatz wird für 5 min bei 65 °C inkubiert und anschließend auf Eis gekühlt. Die Probe wird mit 3 µl des Blaumarkers (0,1 % Bromphenolblau; 0,1 % Xylencyanol; 10 mM EDTA, pH 7,5; 70 % Glycerin) gemischt und sofort aufgetragen. Der Gellauf für ein großes Gel dauert ca. 2-3 h bei 140 V. Als Laufpuffer wird 1x MOPS verwendet.

- RNA-Probe: 3 μ I RNA (eventuell + DEPC-H₂O)
 - 2 µl Formaldehyd (37 %)
 - 1,5 µl 10x MOPS
 - 1 μl Ethidiumbromid (400 μg/ml)
 - 5 µl deionisiertes Formamid

2.4 Histologische Methoden

2.4.1 Fixierung von Embryonen

2.4.1.1 Formaldehydfixierung

Embryonen im gewünschten Alter wurden dechorionisiert (ca. 3-5 min in 6,5 % Natriumhypochlorid) und anschließend gut mit H₂O gewaschen. Dann wurden die Embryonen in Szintillationsröhrchen mit 4ml Fixierlösung (4% Formaldehyd in PBS) und 4ml Heptan überführt und 25min auf dem Schüttler fixiert. Die untere Phase (wässrige Fixativ) wurde abgezogen, 4ml Methanol zugegeben und 30sec geschüttelt, wodurch sich bei den fixierten Embryonen die Vittellinmembran ablöst. Im Anschluss daran wurden die Embryonen in ein Eppendorf-Reaktionsgefäß überführt, 3x mit Methanol gewaschen und in Methanol bei –20°C gelagert. Alternativ wurde Stefanini-Lösung zum Fixieren benutzt.

<u>Lösungen</u>

Stefanini-Lsg. :	4 % Formaldehyd, 75mM Pipes, 15% Pikrinsäure in H_2O
10x PBS :	1,3 M NaCl; 70mM NaHPO₄; 30 mM NaH₂PO₄

2.4.1.1.1 Schnelle und effiziente Massenfixierungen von Embryonen

Die Embryonen wurden wie beschrieben in 2.4.1.1 fixiert, nur dass die Fixierungen in großen Plexiglasblöckchen mit 30 Vertiefungen pro Block (siehe Abbildung 10) erfolgte, um eine größere Menge von verschiedenen Fliegenstämmen gleichzeitig fixieren zu können.



Abbildung 10: Schematische Darstellung der Sammelblöcke

Ein Sammelblock besteht aus zwei identischen asymmetrischen Blöcken (A, B), die durch Metallstifte miteinander verbunden werden können (E). Die Fliegen werden durch einen Trichter in die einzelnen Vertiefungen überführt (C). Die Vertiefungen sind mit einem Netz bespannt und wurden zur Stimulation der Eiablage mit Hefe bestrichen (Klämbt et al., 1997).

2.4.1.1.2 Fixierung von Embryonen für die Elektronenmikroskopie

2.4.1.1.2.1 Glutaraldehydfixierung

Embryonen im gewünschten Alter wurden dechorionisiert (ca. 3-5 min in 6,5 % Natriumhypochlorid) und anschließend gut mit H₂O gewaschen. Dann wurden die Embryonen in Szintillationsröhrchen mit 2,5 ml Fixierlösung überführt und 20 min "über Kopf" fixiert. Im nächsten Schritt wurde das Heptan abgesaugt und die Embryonen mit einem Netz aus dem Fixativ herausgefischt, mit Phosphatpuffer gewaschen und mit einem Pinsel auf doppelseitigem Klebeband verteilt. Um eine Austrocknung der Embryonen zu vermeiden wurden diese erneut mit Phosphatpuffer benetzt. Mit einer Kanüle wurden die Embryonen mechanisch devitellinisiert ("handpeeling) und mit einer Pasteurpipette in ein Eppendorf-Reaktionsgefäß überführt. Abschließend erfolgte zweimalig eine Waschung mit Phosphatpuffer.

<u>Lösungen</u>

0,1 M Phosphatpuffer (pH 7,2): 36 ml 0,2 M Na₂HPO₄ + 14 ml 0,2 M NaH₂PO₄

Fixierlösung:

250 µl 50% Glutaraldehyd, 250 µl 0,1 M Phosphat-Puffer, 2 ml Heptan

2.4.1.1.2.2 X-Gal-Färbung

Um homozygote Embryonen von heterozygoten unterscheiden zu können, wurde eine X-Gal-Färbung durchgeführt, wobei die Embryonen über Nacht in X-Gal Lösung+ 2 % X-Gal bei 18°C inkubiert wurden. Das Produkt des auf dem Balancerchromosom lokalisierten ß-Gal Gens setzt das Substrat um, so dass heterozygote Embryonen blaue Färbung aufweisen

<u>Lösungen</u>

X-Gal-Lösung: 10mM Phosphatpuffer pH 7,2, 150 mM NaCl, 1mM MgCl₂, 3,1 mM K₄ (FeII(CN)₆: $3H_2O$, 3,1mM K₃(FeII(CN)₆ X-Gal: X-Gal 10% in DMSO

2.4.1.1.2.3 Nachfixierung mit Osmium

Am nächsten Tag wurden die Embryonen 2x mit 0,1 M Phosphatpuffer gewaschen und im Dunkeln mit Lösung A + Lösung B für 30 min auf Eis fixiert. Anschließend wurden die Embryonen erneut mit Phosphatpuffer gewaschen und in 2% Osmium für 60 min. auf Eis im Dunkeln nachfixiert. Dann wurde der Reaktionsansatz mit H₂O gewaschen und in 2 % Uranylacetat in H₂O für 60 min. bei RT im Dunkeln inkubiert. Die fixierten Embryonen wurden durch eine Alkoholreihe (jeweils 5 min mit 30%, 50%, 70%, 95%, 100% Ethanol und 2x 10 min mit 100% Aceton) entwässert. Als letzten Schritt wurden Dauerpräparate (siehe 2.4.3.1) erstellt, aus denen Ultra-Dünnschnitte am Mikrotom (siehe 2.4.3.2.2) angefertigt wurden. <u>Lösungen:</u>

Lösung A: 500 µl 4% Osmium + 500 µl 0,1 M Phosphatpuffer pH 7,2

Lösung B: 100 µl 50 % Glutaraldehyd + 1,15 ml 0,1 M Phosphatpuffer pH 7,2 Lösung A und B werden kurz vor Gebrauch 1:1 miteinander gemischt

2.4.2 Antikörperfärbungen an Embryonen

2.4.2.1 Immunfluoreszenz

Die Immunfluoreszenz ermöglicht die Detektion bestimmter Proteine in Zellen und Geweben. Grundlage dieser Methode ist die Kopplung eines Fluoreszenzfarbstoffes an Antikörpermoleküle, die als hochspezifische Nachweisreagenzien selektiv an bestimmten zelluläre Strukturen binden. Dieses Verfahren eignet sich somit besonders für Lokalisationsstudien.

Die fixierten Embryonen wurden 3x mit PBT für jeweils 20 min. gewaschen. Unspezifische Bindungsstellen wurden mit Blockierlösung für 45 min. bei RT gesättigt. Anschließend erfolgte die Inkubation mit dem Primärantikörper (Tabelle 5a) in Blockierlösung über Nacht bei 4°C. Am darauffolg enden Tag wurden die Embryonen 3x mit PBT jeweils für 20 min. gewaschen und mit dem fluoreszenzgekoppelten Sekundärantikörper (Tabelle 5b) in Blockierlösung für 2 Stunden bei RT inkubiert. Bei einigen Färbungen wurde in diesem Schritt DAPI (1:1000 von einer 1 mg ml⁻¹ Lösung) dazugegeben um die DNA zu färben. Nach weiteren 3 Waschschritten mit PBT für jeweils 20 min, wurden die Embryonen in Mowiol eingebettet, um eine Ausbleichung der Fluoreszenz während der konfokalen Mikroskopie zu vermeiden.

<u>Lösungen</u>

PBT:1 x PBS mit 0,1% Tween 20Blockierlösung:1xPBT + 10% NHS (Normal Horse Serum)

2.4.2.2 Immunmarkierung mit Enzym-gekoppelten Antikörpern

Die ersten Schritte entsprechen denen der Immunfluoreszenz wie unter 2.4.2.1 beschrieben.

2.4.2.2.1 HRP-(Peroxidase) Färbung mit Verstärkersystem

Hierzu wurden Enzym markierte Sekundärantikörper (Tabelle 5b), die mit Biotin gekoppelt sind, verwendet. Nach der 2-stündigen Inkubation wurden die Embryonen 3x jeweils 20 min. mit PBT gewaschen. In dieser Zeit wurde das AB-Verstärkergemisch angesetzt und 30 min. bei RT inkubiert. Dabei wurden zu 1000 μ I PBT, 10 μ I Lösung A + 10 μ I Lösung B gegeben und vermischt. Anschließend wurden die Embryonen im AB-Gemisch für 45 min auf dem Schüttler inkubiert. Danach erfolgten 3 weitere Waschungen mit PBT. Während des letzten Waschschritts wurde DAB aufgetaut und eine 1:1 Mischung mit PBS hergestellt. Dieses Reaktionsgemisch wurde mit H₂O₂ versetzt, auf die Embryonen gegeben und solange inkubiert bis die gewünschte Farbintensität erreicht wurde. Nach Erreichen der gewünschten Farbintensität wurde die Farbreaktion mit PBT gestoppt. Im Anschluss daran kann man eine AP-Färbung (siehe 2.4.2.2.2) durchführen oder die Embryonen als Dauerpräperat (siehe 2.4.3.1) einbetten.

<u>Lösungen</u>

DAB -Färbelösung: 800µl 1xPBT + 200µl DAB-Stock (vorher aktiviert mit 1-2µl 3% $$\rm H_2O_2$)$

DAB-Stock: 1mg/ml DAB (3,3´-Diaminobenzidin-Tetrahydrochlorid, *Aldrich,* Steinheim) in 1xPBS, gelagert bei -20℃

2.4.2.2.2 AP (alkalische Phosphatase) Färbung

Hierzu wurden Enzym markierte Sekundärantikörper (Tabelle 5b), die mit AP gekoppelt sind, verwendet. Die Embryonen wurden 2x jeweils 15 min. mit PBT und dann 2 x 10 min mit AP-Puffer gewaschen. In dieser Zeit wurde die AP-Färbelösung angesetzt, auf die gewaschenen Embryonen gegeben und solange inkubiert bis die gewünschte Farbintensität erreicht wurde. Anschließend wurde die Farbreaktion mit PBT gestoppt und ein Dauerpräparat (siehe 2.4.3.1) angefertigt.

<u>Lösungen:</u>

AP-Puffer:	100mM Tris pH 9,5; 50m MgCl ₂ ; 100mM NaCl; 0,1% Tween 20
AP-Färbelösung:	1ml AP-Puffer + 3,4μl NBT + 3,0 μl BCIP

2.4.2.3 Verwendete Antikörper

Für die Färbungen an den Embryonen wurden folgende Erst- und Zweitantikörper verwendet.

Antikörper	Organismus	Verdünnung	Refeferenz	
Neurotactin	Maus	1:20	Hortsch et al., 1990	
DE-cadherin	Ratte	1:20	Uemura et al., 1996	
ß-gal	Maus	1:1000	Promega	
	Kaninchen	1:5000	Сарреі	
Even Skipped	Maus	1:50	DSHB	
twist	Kaninchen	1:100	S.Roth, Köln	
DPATJ	Kaninchen	1:100	Richard et al., 2006	

Tabelle 5a: Verwendete Primärantikörper.

Aufgelistet sind hier die verschiedenen Primärantikörper, die für Färbungen an Embryonen eingesetzt wurden.

Antikörper	Konjugat	Verdünnung	Hersteller
Ziege α Kaninchen	Biotin, Cy2, AP	1:200	Dianova
Ziege α Maus	Cy2, AP, Biotin, Alexa 647	1:200	Dianova
Ziege α Ratte	СуЗ	1:200	Dianova

Tabelle 5b: Verwendete Sekundärantikörper.

Aufgelistet sind hier die verschiedenen Sekundärantikörper, die für die Färbungen an Embryonen eingesetzt wurden.

2.4.3 Dauerpräparate von Embryonen

2.4.3.1 Einbettung in Araldit

Die gefärbten Embryonen (siehe 2.4.2) wurden 3x 10 min mit PBT gewaschen und anschließend durch eine Alkoholreihe (jeweils 5 min mit 30%, 50%, 70%, 95%, 100% Ethanol und 10 min mit 100% Aceton) entwässert. Die entwässerten Embryonen wurden in einem 1:1 Gemisch aus Araldit und Aceton über Nacht bei 4°C inkubiert. Am nächsten Tag wurden die Embryonen mit abgeschnittenen Pipettenspitze auf einem Objektträger überführt und mit einer Wimper orientiert. Das Aceton wurde über Nacht bei 65°C abgedampft und vorgehärtet. Die Embr yonen wurden in 100% Araldit eingebettet und über Nacht bei 65°C ausgehärtet.

Herstellung von Araldit:

Araldit (50 g) :	27,175 g Durcupan Komponente A/M		
	23,705 g Durcupan Komponente B		
	Zusammen 1 Stunde über Kopf schütteln. Darauf dann:		
	1,75 g Durcupan Komponente C		
	1,00 g Durcupan Komponente D		
	Zusammen nochmal eine Stunde im "Überkopfschüttler"		
	inkubieren.		

2.4.3.2 Querschnitte von Embryonen

2.4.3.2.1 Semi-Dünnschnitte für die Photolichtmikroskopie

Die Embryonen wurden wie in 2.4.3.1 beschrieben entwässert und in Araldit/Aceton über Nacht bei 4°C inkubiert. Am darauffolgenden Tag wurden die Embryonen mit abgeschnittener Pipettenspitze in eine Kunststoffform gelegt, dabei senkrecht zur anterior-posterioren Achse ausgerichtet und mit 100% Araldit aufgefüllt. Pro Ausstülpung in der Form werden 2-3 Embryonen eingebettet. Das Araldit in den Formen wurden über Nacht bei 65°C polymerisiert. Am nächsten Tag wurden die Araldit-Blöckchen mit einem Mikrotom (Glasmesser) geschnitten, auf einem Objektträger aufgezogen und getrocknet. Für die Photolichtmikroskopie wurden 5µm dünne Schnitte (Semi-Dünnschnitte) angefertigt. Nach vollständiger Trocknung wurden die Schnitte in 100% Araldit eingebettet und anschließend mikroskopiert.

2.4.3.2.2 Ultra-Dünnschnitte für die Elektronenmikroskopie

Die Schneide-Prozedur ist analog den Semidünnschnitten (siehe 2.4.3.2.1). Die Embryonen im Aralditblock wurden mit einem Ultra-Mikrotom geschnitten, wobei die Schnittdicke ungefähr 50 Angstrom (5nm) entspricht und als Schneidewerkzeug ein Diamant verwendet wurde. Anschließend wurden die Schnitte auf Nickelnetze ausgelegt und mit Uranylacetat und Litiumchlorid kontrastiert. Dann kamen die Netze in eine Aufbewahrungsbox und konnten für die Elektronenmikroskopie verwendet werden.

2.4.4 In situ-Hybridisierung

DIG-markierte RNA-Sonden wurden durch *in vitro*-Transkription mit Hilfe des DIG RNA Labeling Mix von *Roche Diagnostics*, Mannheim, nach Angaben des Herstellers gewonnen. Qualität und Quantität der RNA-Sonden wurden durch denaturierende Gelelektrophorese ermittelt (siehe molekularbiologische Methoden).

Bei der in situ Hybridisierung kommt es zu einer komplementären Basenpaarung zwischen markierter Sonde und der einzelsträngigen RNA in fixierten Embryonen. Die Embryonen wurden in einem Gemisch aus Natriumhypochlorid und H₂O (1:1) ca. 5 min dechoronisiert, mehrmals mit dH₂O gespült und anschließend mit 4%

Formaldehyd fixiert (siehe 2.4.1.1). Im Anschluss daran wurden die Embryonen nach der Methanolbehandlung zweimal mit Ethanol gewaschen und bis zur Verwendung bei –20℃ gelagert. Die Embryonen wurden dann in einem 1:1 Gemisch aus Xylol und Ethanol für 30 min inkubiert und kurz 5x mit Ethanol, 2x mit Methanol und 3x mit PBT gewaschen. Dann folgte ein zweiter Fixierungsschritt, wobei die Embryonen 25 min mit 5% Formaldehyd in PBS inkubiert wurden. Anschließend wurden die Embryonen erneut 5x kurz mit PBT gewaschen, kurz in einem 1:1 Gemisch aus PBT und Hybridisierlösung inkubiert und 3x in Hybridisierlösung gewaschen. Danach wurden die Embryonen für 1 Stunde bei 63°C in Hybri disierlösung vorhybridisiert. 2 µl der DIG markierte anti-sense RNA Sonde wurde für 5 min. bei 63°C in 100 µl Hybridisierlösung denaturiert. Anschließend wurden die Embryonen mit der antisense RNA Sonde enthaltenen Hybridisierlösung über Nacht bei 63°C hybridisiert. Am darauffolgenden Tag wurden die Embryonen 4x jeweils 15 min mit Hybridisierlösung bei 63°C und noch einmal kurz in einem 1:1 Gemisch aus Hybridisierlösung und PBT gewaschen. Danach wurden die Embryonen bei RT 4x mit PBT gewaschen und für 1 Stunde mit präabsorbierten DIG-Antikörper (1:2000, verdünnt mit PBT) inkubiert. Dann erfolgten 4 Waschschritte für 15 min mit PBT und Waschschritte für 3x 5 min mit NBT-Puffer. Abschließend wurden die Embryonen in einer Färbelösung inkubiert bis die erwünschte Farbintensität erreicht wurde. Die Farbreaktion wurde mit PBT gestoppt. Wenn die Embryonen mit einem lacZ markierten Balancerchromosom ausgestattet waren, wurde zusätzlich noch eine antiß-Gal-Färbung durchgeführt (siehe 2.4.2.2.2) und ein Dauerpräparat angefertigt (siehe 2.4.3).

<u>Lösungen</u>

Hybridisier-Lösung:	50% deionisiertes Formamid, 5xSSC, 100 µg/ml denaturierte		
	Lachsspermien-DNA, 100µg/ml Heparin, 0.1% Triton X-100		
NBT-Puffer:	100 mM NaCl, 50 mM MgCl ₂ , 100 mM Tris-HCl pH 9.5, 0.1%		
	Triton X-100		
NBT:	75 mg/ml Nitroblau-Tetrazolium-Salz in DMF		
BCIP:	50 mg/ml 5-Brom-4-Chlor-3-Indolylphosphat, Toluidin-Salz in		
DMF			

3. Ergebnisse

3.1 Eine Rolle des FGF-Signalweges im Epithel-Mesenchym-Übergang (EMT) in der Mesoderm- Morphogenese

Epitheliale Zellen sind über Zell-Zellkontakte miteinander verbunden und weisen eine apikal-basale Zellpolarität auf. Während der frühen Mesoderm-Morphogenese lösen sich die Mesodermzellen voneinander, verlieren ihren epithelialen Charakter, nehmen mesenchymale Eigenschaften an und erlangen dadurch die Fähigkeit zur Migration. Diesen Prozess bezeichnet man als EMT.

Die Mesodermwanderung in *Drosophila* wird durch die Aktivität des FGF-Rezeptors Heartless (*Htl*) und des Guanin-Nukleotid-Austauschfaktor Pebble (*Pbl*) kontrolliert (Beiman et al., 1996; Gisselbrecht et al., 1996; Schumacher et al., 2004). Im Rahmen dieser Arbeit wurde untersucht, ob diese beiden Faktoren auch im EMT während der frühen Mesoderm-Morphogenese eine Rolle spielen, da dieser Prozess eine wichtige Vorraussetzung für die korrekte Wanderung des Mesoderms ist. Um Komponenten für die Regulation der EMT zu finden, wurden genetische und histologische Ansätze gewählt.

3.1.1 Mesodermspezifische Funktion von Htl

Um die Funktion des Gens *htl* für die EMT zu untersuchen, wurden zunächst *htl* mutante Embryonen immunhistochemisch untersucht. Als immunologischer Marker, der es ermöglicht, Defekte während der Mesodermzellwanderung aufzudecken, wurde ein Antikörper gegen das Mesoderm spezifische Kernprotein Twi verwendet. Während der Gastrulation kommt es zu einer deutlichen Verlängerung des Keimstreifens. Da diese Vorgänge innerhalb einer Eihülle gleich bleibender Größe erfolgen, führt dies zu einer Streckung entlang der Dorsalseite des Embryos (Abb. 11 A, B, D). Die Keimstreifausstreckung ist ein Indikator für die verschiedenen Stadien in der Embryogenese, die somit in bestimmte Phasen unterteilt werden können. Der erste Schritt der Gastrulation ist die Internalisierung der präsumptiven Mesodermzellen, die durch die Invagination des Epithels ermöglicht wird. In Stadium 7 wird dadurch die mesodermale Röhre gebildet (Abb. 11 E). In Wildtyp-Embryonen

beginnt die EMT nach Stadium 7. Dabei zerfällt die mesodermale Röhre, die Zellen

durchlaufen mitotische Zellteilungen (Abb. 11 F und G) und beginnen in dorsolateraler Richtung zu wandern (Abb. 11 H). In dieser Phase befinden sich die Mesodermzellen als Aggregat auf dem ventralen Ektoderm.



Abbildung 11: Defekte während der frühen Mesoderm-Morphogenese in *htf*^{AB42} mutanten Embryonen Embryonen wurden mit Antikörpern gegen Twi (dunkelgrau) und gegen ß-Galaktosidase (schwarz) gefärbt. (A, B und D) Laterale Gesamtansicht auf *htl* heterozygote Embryonen. Embryonen, die mindestens eine Wildtypkopie von *htl* tragen, zeigen eine schwarze Färbung in 7 segmentalen Streifen, die auf die Anwesenheit des TM3(*ftz::lacZ*) Balancerchromosoms zurückzuführen ist. (C) Ventrale Ansicht eines *htl* heterozygoten Embryo in Stadium 8. (E, F, G und H) Querschnitte von *htl* heterozygoten Embryonen. *htl* heterozygote Embryonen verhalten sich wie der Wildtyp. Im Wildtyp wird während der Gastrulation ([E]; Stadium 7) die mesodermale Röhre gebildet. Zu Beginn von Stadium 8 zerfällt diese Röhre [F, G (Vergrößerung)], die Zellen verlieren ihren epithelialen Charakter, durchlaufen mitotische Zellteilungen und beginnen sich in dorsal-lateraler Richtung auszubreiten [H]. Während der beschriebenen Gastrulationsvorgänge kommt es zu einer deutlichen Verlängerung des Keimstreifens [A,B,D] und in Stadium 8 beginnen die Zellen langsam mit ihrer Ausbreitung [C]. (I, J und L) Laterale Ansicht auf Embryonen homozygot mutant für *htl*^{AB42}. (K) Ventrale Ansicht auf einen Embryo homozygot mutant für *htl*^{AB42} in Stadium 8. Die Pfeile heben Unregelmäßigkeiten in der Mesodermausbreitung von *htl* mutanten Embryonen hervor. (M, N, O und P) Querschnitte von Embryonen homozygot mutant für *htl*^{AB42}.

In Stadium 8 weisen *htl* mutante Embryonen Mesodermwanderungsdefekte auf (Abb. 11 J-L). Wie die ventrale Ansicht von *htl* mutanten Embryonen zeigt, ist die lineare Anordnung der invaginierten Mesodermzellen entlang der ventralen Mittellinie gestört. Die invaginierten Mesodermzellen scheinen sich in *htl* mutanten Embryonen beliebig zu einer der lateralen Seiten zu verteilen, wodurch eine "schlangenartige"

Struktur entsteht (vgl. Abb. 11 C mit K) (Schumacher et al., 2004). In Querschnitten von *htl* mutanten Embryonen dieses Stadiums (Abb. 11 O-P) wird ebenfalls deutlich, dass das Mesoderm nicht gleichmäßig auf beiden Seiten des Ektoderms verteilt ist. Zusätzlich scheint der Kontakt zwischen Ektoderm und Mesoderm gestört zu sein (Abb. 11 P).

Bis zum frühen Stadium 9 haben sich die wildtypischen Mesodermzellen auf dem Ektoderm ausgebreitet und liegen als einschichtiges Gewebe vor, das im Bereich der ventralen Mittellinie voneinander getrennt ist (Abb. 12 B).

In *htl* mutanten Embryonen im frühen Stadium 9 ist hingegen erkennbar, dass der Wanderungsprozess der Zellen gestört ist. Es hat zwar eine Ausbreitung stattgefunden, aber diese ist nicht vollständig und nur unregelmäßig, so dass das Mesoderm kein einschichtiges Gewebe bildet (Abb. 12 D).



Abbildung 12: Mesodermwanderungsdefekte in htl mutanten Embryonen

Embryonen wurden mit Antikörpern gegen Twi gefärbt (grau/schwarz). (A) Gesamtansicht eines Wildtyp-Embryo. (B) Querschnitt von Wildtyp-Embryonen. (C) Gesamtansicht eines homozygoten *htl^{AB42}* Embryo. (D) Querschnitt von *htl^{AB42}* homozygot mutantem Embryo. ([A, B, C und D]; Stadium 9); Während im Wildtyp die mesodermalen Zellen als einschichtiges Gewebe vorliegen (B), verbleiben *htl^{AB42}* mutante Mesodermzellen als Aggregat auf dem Ektoderm (D).

3.1.2 Das mitotische Progamm ist für die korrekte Abfolge der frühen Mesoderm-Morphogenese entbehrlich

Wie oben gezeigt, vollziehen die Mesodermzellen in *htl* mutanten Embryonen anscheinend eine normale EMT und normale Zellteilungen kurz nach der Internalisierung; sie wandern dann allerdings nicht wie wildtypische Zellen nach dorsal. Somit kann man auf Grund dieser Ergebnisse keine direkte Funktion von Htl für die EMT ableiten. Es besteht allerdings die Möglichkeit, dass Htl im Zusammenspiel mit anderen regulatorischen Prozessen die EMT reguliert und durch diesen redundant wirkende Mechanismus könnte der Phenotyp von *htl* mutanten Embryonen maskiert sein. Einer der potentiellen Mechanismen der redundant zu Htl die EMT regulieren könnte, ist die Mitose, die kurz nach der Invagination des Mesoderms stattfindet. Während dieser Phase lösen die Zellen ihre Zellkontakte untereinander auf. Somit könnte dieser durch die Mitose ausgelöster Prozess den Verlust der epithelialen Charakteristika in *htl* Mutanten auslösen. Um diese Frage zu untersuchen, wurde zunächst der Anteil des mitotischen Programms am Verlust der Zellkontakte/des epithelialen Charakters während des EMT analysiert.

Zu diesem Zweck wurde ein genetisches Werkzeug genutzt, um die Mitose in postblastodermalen Stadien zu inhibieren. In *Drosophila* Embryonen werden postblastodermale Zellteilungen durch die zygotische Expression der String (Cdc25) Phosphatase in der G2-Phase über die Cyclin/cdc2-Kinase aktiviert (Edgar and O'Farrell, 1990). In *string (stg)* mutanten Embryonen ist der Zellzyklus komplett blockiert, da alle Zellen in der G2-Phase vor Zyklus 14 arretieren, was zur embryonalen Letalität führt (Edgar und O'Farell, 1989). Dennoch zeigen Embryonen, die homozygot für *stg* sind, eine normale Abfolge des EMTs (Abb. 13) und es erfolgt eine dorsolaterale Ausbreitung (Abb. 13 H). Und auch in späteren Stadien lassen sich in *stg* Mutanten keine Migrationsdefekte nachweisen (Abb. 14 C,D). Der einzig erkennbare Unterschied zum Wildtyp besteht darin, dass die einzelnen Mesodermzellen in *stg* mutanten Embryonen im späten Stadium 8, zum Beginn der Wanderung, eine größere Zellform aufweisen, da sie sich nicht teilen (vgl. Abb. 11 H).



Abbildung 13: *stg* mutante Embryonen zeigen normale Mesodermmorphogenese. Embryonen wurden mit Antikörpern gegen Twi (dunkelgrau) gefärbt. (A, B und D) Laterale Ansicht auf Embryonen homozygot mutant für *stg*^{7M}, (C) Laterale Ansicht auf einen *stg*^{7M} mutanten Embryo in Stadium 8. (E, F, G und H) Querschnitte von homozygoten *stg*^{7M} Embryonen; Stg^{7M} mutante Embryonen zeigen eine wildtypische Abfolge der EMT. Zu Beginn von Stadium 8 zerfällt diese Röhre [F, G (Vergrößerung)], die Zellen verlieren ihren epithelialen Charakter und beginnen sich in dorsal-lateraler Richtung auszubreiten (H).



Abbildung 14: Mesodermwanderung in *stg*^{7M} mutanten Embryonen Embryonen wurden mit Antikörpern gegen Twi (dunkelgrau) gefärbt. (A) Laterale Ansicht auf einen Wildtyp-Embryo, (B) Querschnitt eines Wildtyp-Embryo, (C) Dorsale Ansicht auf einen homozygoten *stg*^{7M} Embryo. (D) Querschnitt vom homozygoten *stg*^{7M} Embryo. ([A, B, C und D]; Stadium 10). Auch die späteren Stadien weisen keine Wanderungsdefekte in *stg*-Mutanten auf.

Diese Ergebnisse zeigen klar, dass die Mitose allein den Verlauf der EMT während der Mesoderm-Morphogenese nicht beeinträchtigt. Daraus lässt sich schließen, dass weitere Faktoren für den Verlust der epithelialen Charakteristika und zur Erlangung des mesenchymalen Charakters notwendig sein müssen. Wie oben erwähnt, ist Htl möglicherweise ein solcher Faktor, der potentiell die EMT steuert. Um eine potentielle redundante Funktion von Htl und Stg für die EMT zu untersuchen, wurde der EMT Phänotyp von *htl stg* Doppelmutanten analysiert.

3.1.3 Redundante Regulation der EMT durch Htl und Stg

Um die Hypothese zu testen, ob Htl zusammen mit Stg die EMT reguliert, wurde die EMT in Embryonen untersucht, in denen sowohl der FGF-Signalweg als auch die Mitose unterbunden sind. Interessanterweise zeigen diese htl stg doppelt mutanten Embryonen einen Phänotyp (Abb. 15), der sich von den stg oder htl homozygoten Einzelmutanten deutlich unterscheidet (vgl. Abb. 11-14). Wie Querschnitte dieser doppelt mutanten Embryonen zeigen, bilden htl stg mutante Mesodermzellen in der ersten Phase der Mesodermwanderung, nach der Internalisierung, eine epitheliale Röhre (Abb. 15 E). Im Gegensatz zum Wildtyp-Embryo, in dem im frühen Stadium 8 die mesodermale Röhre zerfällt und die Zellen mesenchymalen Charakter annehmen (Abb. 15 F), zeigte sich hingegen in den *htl stg* mutanten Embryonen ein starker Defekt während der EMT. Die Mesodermzellen verblieben in der epithelialen Röhre und erlangten keinen mesenchymalen Charakter. Die Röhre blieb über das Stadium 8 hinaus bis zu einem Stadium, in dem htl oder stg mutanten Embryonen die Anordnung der Zellen in einer Röhre aufgelöst ist, bestehen (Abb. 15 N, O, P). Auch in älteren Embryonen zeigt sich, dass die Mesodermzellen im Stadium 9 immer noch als Aggregat auf dem Ektoderm vorliegen (Abb. 16 C,D).



Abbildung 15: Blockade der EMT in htl, stg mutanten Embryonen

Embryonen wurden mit Antikörpern gegen Twi (dunkelgrau) und gegen ß-Galaktosidase (schwarz) gefärbt. (A, B und D) Laterale Ansicht auf heterozygote Embryonen. Embryonen, die mindestens eine Wildtypkopie der untersuchten Gene tragen, zeigen eine schwarze Färbung in 7 segmentale Streifen, die auf die Anwesenheit des TM3(*ftz::lacZ*) Balancerchromosoms zurückzuführen ist.

(C) Ventrale Ansicht auf einen Wildtyp-Embryo in Stadium 8. (E, F, G und H) Querschnitte von Wildtyp-Embryonen (I, J und L) Laterale Ansicht auf $ht^{AB42} stg^{7M}$ mutante Embryonen. (K) Ventrale Ansicht auf einen $ht^{AB42} stg^{7M}$ mutanten Embryo in Stadium 8. (M, N, O und P) Querschnitte von $ht^{AB42} stg^{7M}$ mutanten Embryonen. (H und P); Stadium 8 spät: rote Pfeile markiert die Amnioserosa, die die offene Dorsalseite des Embryos bedeckt. $Ht^{AB42} stg^{7M}$ mutante Mesodermzellen verbleiben in Stadium 8 als epitheliale Röhre.



Abbildung 16: Mesodermwanderungsdefekte in Htl Stg-Embryonen

Embryonen wurden mit Antikörpern gegen Twi (dunkelgrau) gefärbt. (A) Dorsale Ansicht auf ein Wildtyp-Embryo (B) Querschnitt vom Wildtyp-Embryo. (C) Dorsale Ansicht auf ein homozygotes ht^{AB42} stg^{7M} Embryo. (D) Querschnitt vom homozygoten ht^{AB42} stg^{7M} -Embryo. ([A, B, C und D]; Stadium 10); ht^{AB42} stg^{7M} mutante Embryonen verbleiben als Aggregat auf dem Ektoderm.

3.1.4 Funktion von Htl während des EMTs

Auf zellulärer Ebene ist die Auflösung des epithelialen Charakters dadurch gekennzeichnet, dass z.B. Zelladhäsionsproteine nicht mehr an epithelialen Zellkontakten lokalisieren. Im *Drosophila* Embryo wird die Zelladhäsion in Epithelien durch $D\alpha$ -Catenin, Armadillo und *D*E-Cadherin vermittelt.

Um zu untersuchen, ob in *htl* und *htl stg* mutanten Embryonen der Übergang vom epithelialen zum mesenchymalen Charakter gestört ist, wurden die zellulären Vorgänge während der frühen Mesoderm-Morphogenese untersucht (Abb. 18). Dazu wurde zunächst die Verteilung von *D*E-Cadherin während der EMT in Wildtyp, *stg*, *htl* und *htl stg* mutanten Embryonen mit Hilfe der optischen Sektionierung durch konfokale Lasermikroskopie verglichen (siehe Abb. 17).



Abbildung 17: Bereiche des Mesoderms, die für die konfokalen Untersuchungen verwendet wurden A) Ventrale Ansicht eines Wildtyp-Embryo. Bei den folgenden Untersuchungen wurde auf den mittleren Bereich des Mesoderms fokussiert (weiße Kästchen). In diesem Bereich des Mesoderms wurden in verschiedenen Fokusebenen Aufnahmen gemacht und Bildstapel erzeugt. (B, C) Anhand der Querschnitte von Wildtyp-Embryonen in Stadium 7 (B) und 8 (C) kann demonstriert werden, welche Fokusebene im Mesoderm untersucht wurde. Die weißen Balken markieren die verschiedenen Einstellungsebenen durch das Mesoderm.



Abb. 18: *Htl* und *Stg* sind für den Verlust des epithelialen Zellcharakters im Mesoderm während der EMT erforderlich

(A-F) Ventrale Ansicht von Wildtyp-Embryonen, (G-L) ventrale Ansicht von stg^{7M} mutanten Embryonen, (M-R) ventrale Ansicht von ht^{AB42} mutanten Embryonen, (S-X) ventrale Ansicht von ht^{AB42} stg^{7M} mutanten Embryonen.

([A, D, G, J ,M, P, S und V]; Stadium 7)

([B, E, H, K, N, Q, T und W]; Stadium 8 früh)

([C, F, I, L, O, R, V und X]; Stadium 8 spät)

[A-C; G-I; M-O; S-V]; Embryonen wurden mit anti-Twi (grün), anti-Neurotactin (blau) und anti-*D*E-Cadherin (rot) Antikörpern gefärbt.

(B, H, N und T) In Stadium 7 ist sowohl im Wildtyp, als auch in den stg, htl und htl stg mutanten Embryonen DE-cadherin zunächst an den apikalen Zellgrenzen der mesodermalen Röhre konzentriert. (D, J) Im frühen Stadium 8 ist DE-Cadherin sowohl im Wildtyp als auch in stg mutanten Embryonen nur noch geringfügig an den Zellgrenzen apikalen konzentriert und (F, L) in späten Stadium 8 verteilt sich DE-Cadherin entlang der Plasmamembran. (N, P und R) In htl^{AB42} mutanten Embryonen findet dieser Prozess verzögert statt.

htl^{AB42} stg^{7M} (V) In homozygoten Embryonen liegen die Mesodermzellen im frühen Stadium 8 noch eng im invagnierten Zustand zusammen und DE-Cadherin ist noch stark in den apikalen Zellgrenzen konzentriert. (Pfeile in X) Auch im späteren Stadium 8 liegen die Mesodermzellen noch im epithelialen Zellverband vor.

In Stadium 7 ist sowohl im Wildtyp, als auch in den *stg, htl* und *htl stg* mutanten Embryonen *D*E-Cadherin zunächst an den apikalen Zellgrenzen der mesodermalen Röhre konzentriert (Abb. 18 B, H, N und T). Im frühen Stadium 8, in dem sich die invaginierte Röhre abflacht, ist *D*E-Cadherin sowohl im Wildtyp, als auch in *stg* mutanten Embryonen nur noch geringfügig an den apikalen Zellgrenzen konzentriert (Abb. 18 D, J). Im späteren Stadium 8, in dem die Röhre abgebaut wird und die Zellen sich in dorsolateraler Richtung ausbreiten, verteilt sich *D*E-Cadherin entlang der Plasmamembran (Abb. 18 F, L). Diese Beobachtungen lassen vermuten, dass eine Umverteilung der adhäsiven Zellkontakte der Mesodermzellen sowohl im Wildtyp, als auch in *stg* mutanten Embryonen stattfindet.

Im Gegensatz dazu ist *D*E-Cadherin in *htl* mutanten Embryonen im frühen Stadium 8 immer noch stark an den apikalen Zellgrenzen konzentriert (Pfeile in Abb. 18 P). Im weiteren Verlauf der Entwicklung (spätes Stadium 8) geht die apikale Lokalisierung von *D*E-Cadherin verloren und verteilt sich entlang der Plasmamembran (Abb. 18 R). Dieses Ergebnis zeigt, dass der Verlust des epithelialen Charakters im Bezug auf *D*E-Cad Lokalisation in *htl* mutanten Embryonen zwar stattfindet, zeitlich aber leicht verzögert ist.

Htl stg mutante Embryonen weisen starke Defekte im Verlust der adhäsiven Zell-Zellkontakte auf. Im frühen Stadium 8 liegen die Mesodermzellen noch eng im invaginierten Zustand zusammen. *D*E-Cadherin ist stark in den apikalen Zellgrenzen konzentriert (Abb. 18 V). Auch in späteren Stadien, in denen die dorsolaterale Ausbreitung erfolgen sollte, liegen die Mesodermzellen noch in einem eng aneinanderliegendem Zellverband vor und scheinen diesen über einen längeren Zeitraum aufrecht zu erhalten (siehe Pfeile in Abb. 18 X).

Diese Beobachtungen sind gute Hinweise dafür, dass *htl* und *stg* zusammen für den Verlust epithelialen Zellcharakters im Mesoderm während der EMT erforderlich sind.

3.1.5 Expression von *snail* Transkripten in *htl* homozygoten Embryonen während der frühen Mesoderm-Morphogenese

Wie oben gezeigt, geht der Verlust der epithelialen Charakteristika in den untersuchten *htl stg* mutanten Embryonen mit einer abnormalen Lokalisation von *D*E-Cadherin einher. Durch dieses Ergebnis stellt sich nun die Frage, ob *D*E-Cadherin

selbst direkt oder indirekt durch Htl und Stg reguliert wird, um die EMT zu ermöglichen. *D*E-Cadherin wird unter anderem durch den Transkriptionsfaktor Snail reguliert, sowie durch die Expression von Genen, die die apiko-basale Zellpolarität im Epithel steuern.

Zunächst wurde der mögliche Einfluss des Transkriptionsfaktors Snail auf *D*E-Cadherin während des EMT in *htl* mutanten Embryonen untersucht. Snail wird zu Beginn der Gastrulation im präsumptiven Mesoderm exprimiert, wo es die Expression einer Vielfalt von Genen im vorläufigen Mesoderm, wie z.B. *single-minded, rhomboid* und *Lethal-of-scute*, die in der mesoektodermalen und neuroektodermalen Entwicklung involviert sind unterdrückt (Abb. 19) (Ip et al., 1992). In *snail* Mutanten werden wenige oder gar keine mesodermalen Gewebe gebildet.

*D*E-Cadherin zählt ebenfalls zu den Zielmolekülen, dessen Expression durch Snail repremiert wird (Nieto, 2002; Oda et al., 1998). Somit korrelieren die *D*E-Cadherinund *snail-* Expression im umgekehrten Verhältnis zueinander.



Abbildung 19: *Snail* ist der Transkriptionsrepressor von einer Vielzahl von Genen, die in der mesoektodermalen und neuroektodermalen Entwicklung von *Drosophila* involviert sind. Rhomboid-ähnliche Proteine sind einzigartige Proteasen, die in *Drosophila* den Epidermal Growth Faktor Rezeptor (EGFR) aktivieren, um die Differenzierung in verschiedenen Entwicklungsstadien zu regulieren (Freeman et al., 2000). Lethal-of-scute wurden als wichtige Regulatoren neuronal-differenzierender Zellen identifiziert (Ghysen und Richelle, 1979). *Snail* legt die dorsale Begrenzung der Ventralfurche fest. Direkt an der Grenze zur *snail* Domäne wird der mesoektodermale Marker single-minded exprimiert. Nach der Invagination der mesodermalen Vorläuferzellen, d.h., wenn sich die Ventralfurche schließt, treffen diese singel-minded exprimierenden Zellen aufeinander (Kosman et al., 1991). Das Zelladhäsionsmolekül *D*E-Cadherin wird ebenfalls von *Snail* unterdrückt (Nieto et al., 2002).

Die vorherigen Ergebnisse haben klar gezeigt, dass DE-Cadherin in htl mutanten Embryonen im frühen Stadium 8 immer noch stark an den apikalen Zellgrenzen konzentriert ist. Um zu klären, ob die Expression von *sna* in *htl* mutanten Embryonen beeinträchtigt ist, wurden in situ-Hybridisierungen mit einer antisense sna-RNA-Sonde durchgeführt. Die in situ-Hybridisierungen zeigten deutlich, dass die Expression von sna in htl mutanten Embryonen gestört ist (Abb. 20 D-F). Während der Invagination des wildtypischen Mesoderms kommt es innerhalb der gesamten mesodermalen Röhre zur Expression von sna (Abb. 20 A). Während der EMT erstreckt sich die Expression von sna entlang des Mesoderms und nimmt leicht an Intensität zu (Abb. 20 B und C). Zu diesem Zeitpunkt zeigten erste Beobachtungen in htl mutanten Embryonen, daß die Expression von sna reduziert ist (Abb. 20 D-F). Die RNA-Sonde detektierte nur einen schwachen Level von sna über den gesamten zeitlichen Verlauf des EMT. Dies könnte auf einen Zusammenhang zwischen Htl und der Regulation der sna Expression im Mesoderm hindeuten. Die Fehlregulation von sna in htl Mutanten könnte zu einer erhöhten Expression des epithelialen Zelladhäsionsmoleküls DE-Cadherin beitragen, wodurch sich die beobachtete Verzögerung im Verlust des epithelialen Zellcharakters ableiten ließe.



Abbildung 20: Expression von Snail in htl mutanten Embryonen während der Mesoderm-Morphogenese *In situ* Hybridisierungen an Embryonen mit der *Snail* antisense Sonde (A-F); die antisense Sonde ist der *Snail* mRNA komplementär und sollte daher an diese binden; (A-C) Laterale Gesamtansicht von Wildtyp-Embryonen im Stadium 6 (A), Stadium 7 (B) und späteren Stadium 8 (C). (D-F) Laterale Gesamtansicht von *htl*^{AB42} mutanten Embryonen im Stadium 6 (D), Stadium 7 (E) und späten Stadium 8 (F). (D) Die Invagination wird durch einen schwachen Proteinlevel an s*nail* in *htl* mutanten Embryonen nicht beeinträchtigt. (A-D) Die Expression von *snail* ist in *htl* mutanten Embryonen deutlich reduziert.

3.1.6 Htl und Mitosen sind für die Herunterregulierung der ZA erforderlich

Die Lokalisierung von *D*E-Cadherin in *htl stg* mutanten Embryonen lässt vermuten, dass die Zellkontakte in der invaginierten Mesodermröhre nicht umverteilt bzw. nicht negativ reguliert werden, wie oben beschrieben. Die Zelladhäsion im Epithel wird über den Cadherin/Catenin Proteinkomplex vermittelt, der im Bereich der Zonula Adherens (ZA) akkumuliert. Die ZA befindet sich direkt basal zur subapikalen Region und lässt sich zweifelsfrei elektronenmikroskopisch visualisieren, da sie als Schlußleiste zwischen den Epithelzellen zu erkennen ist (Tepass und Hartenstein, 1994).

Während der Mesodermmorphogenese löst sich die ZA vor dem Zerfall der Mesodermröhre auf (Tepass und Hartenstein, 1994). Um zu testen, inwiefern die *htl stg* Mutation die Auflösung der ZA beeinträchtigt, wurde die Anwesenheit der ZA in *htl stg* Mutanten auf ultrastrukutreller Ebene untersucht. Für diese Studien wurden Querschnitte von Wildtyp-, *stg-*, *htl -* und *htl stg* mutanten Embryonen im EMT-Stadium (Stadium 7-8 spät) angefertigt. Anhand von Semi-Dünnschnitten wurden die Stadien der Embryonen und die Position der ultrastrukturellen Aufnahmen bestimmt (Abb. 21).



Abb. 21: Schematische Darstellung der Stadien, die für die EM-Aufnahmen verwendet wurden (A-C) Semidünnschnitte von Wildtyp-Embryonen. (A) Stadium 7; (B) Stadium 8 früh; (C) Stadium 8 spät. Die roten Kästchen in den Abbildungen sollen schematisch veranschaulichen, in welcher Region des Mesoderms die EM-Aufnahmen gemacht wurden.

Im Wildtyp, wie auch in *stg, htl* und *htl stg* mutanten Embryonen, sind die Mesodermzellen während des Gastrulationsstadium 7 (Röhrenstadium) eng mit ihren

Nachbarzellen durch die ZA verbunden (Abb. 22 A-G). Wie oben erwähnt, lässt sich die ZA elektronenmikroskopisch visualisieren, da sie durch eine hohe Elektronendichte dunkler als die umliegenden Membranen ist (siehe Pfeile in den Abbildungen 22 B, D, F und G).

Im frühen Stadium 8, in der sich die invaginierte Röhre abgeflacht hat, ist sowohl im Wildtyp als auch in *stg* mutanten Embryonen, keine ZA mehr zu sehen (Abb. 23 A-C und Abb. 24 A, B). Im späten Stadium 8 sind die Zellverbindungen untereinander vollständig aufgelöst und die Zellen liegen im mesenchymalen Zustand vor (Abb. 23 D und Abb. 24 B).

In *htl* mutanten Embryonen findet der Vorgang der ZA-Auflösung verzögert statt (Abb. 25). Im frühen Stadium 8 sind die Mesodermzellen noch durch ZA miteinander verbunden (Abb. 25 A, B). Im späten Stadium 8 sind allerdings keine ZA in *htl* mutanten Embryonen zu detektieren (Abb. 25 C).

htl stg mutante Embryonen zeigen starke Defekte bei der Auflösung der ZA während der EMT (Abb. 26). Während in diesen mutanten Embryonen in Stadium 8 die mesodermalen Zellen noch im epithelialen Zellverband vorliegen, ist im Folgenden zu erkennen, dass diese eng miteinander verbunden sind. In *htl stg* mutanten Embryonen ist die ZA noch zu einem Zeitpunkt nachweisbar, zu dem im Wildtyp, sowie in *stg* mutanten Embryonen, keine ZA mehr identifiziert werden konnte (Abb. 26 A-D). Genau dieses Muster zeigte sich auch im späten Stadium 8, in dem die Mesodermzellen in den mutanten Embryonen noch im epithelialen Zustand vorliegen, die Membranen dicht aneinander sind und die ZA noch immer präsent ist (Abb. 26 E, F). Interessanterweise kann man in einigen *htl stg* mutanten Embryonen im Stadium 8 vesikel-ähnliche Strukturen in der Nähe der Plasmamembran und der ZA erkennen (grüner Pfeil in Abb. 26 B). Möglicherweise sind diese Vesikel an der Regulation der ZA beteiligt, die in den *htl stg* Mutanten verzögert abläuft.

Eine Zusammenfassung der Ergebnisse dieser Untersuchungen ist in Tabelle 6 dargestellt. Die elektronenmikroskopischen Analysen geben Hinweise darauf, dass die Funktion von Htl zur Herunterregulierung von ZA während der EMT erforderlich ist.

57





Abbildung 22: Verteilung der ZA zwischen wildtypischen und mutanten Mesodermzellen in Stadium 7. Wildtyp (A,B), *stg*^{7M} mutante (C,D), *htf*^{AB42} mutante (E,F) und *htf*^{AB42} *stg*^{7M} mutante (G) Embryonen wurden fixiert und für die Transmissionselektronen-Mikroskopie präpariert. Die Zelladhäsion in adhärenten Zellkontakten wird über den Cadherin/Catenin Proteinkomplex vermittelt, der im Bereich der Zonula adherens (ZA) akkumuliert Die ZA lässt sich elektronenmikroskopisch visualisieren, da sie durch eine hohe Elektronendichte dunkler als die umliegenden Membranen ist. (A-G) Stadium 7. (A) ZA zwischen den Mesodermzellen im Wildtyp; (B) Pfeile in der Vergrößerung zeigen gut ausgeprägte ZA an den apikalen Zellgrenzen der mesodermalen Röhre. (C) ZA zwischen den Mesodermzellen in *stg*^{7M} mutanten Embryonen; (D) Pfeile in der Vergrößerung zeigen gut ausgeprägte ZA an den apikalen Zellgrenzen der mesodermalen Röhre. (E) ZA zwischen den Mesodermzellen in *htf*^{AB42} mutanten Embryonen; (F) Pfeile in der Vergrößerung zeigen gut ausgeprägte ZA an den apikalen Zellgrenzen der mesodermalen Röhre. (G) ZA zwischen den Mesodermzellen in *htf*^{AB42} *stg*^{7M} mutanten Embryonen; Pfeile zeigen gut ausgeprägte ZA an den apikalen Zellgrenzen der mesodermalen Röhre.





Abbildung 23: Verteilung der ZA zwischen Mesodermzellen in Wildtyp-Embryonen in Stadium 8

(A-E) Mesodermzellen in Stadium 8. Dieses Stadium ist durch den Zerfall der mesodermalen Röhre und den Verlust des epithelialen Charakters charakterisiert. (A) Stadium 8 früh: Pfeile markieren die Auflösung der

Zellkontakte zwischen den Mesodermzellen. (B,D) Spätes Stadium 8: keine ZA mehr detektierbar (C) Semi-Dünnschnitt eines Wildtyp-Embryos im Stadium 8; das rote Kästchen markiert die Position der EM-Aufnahme.



Abbildung 24: Verteilung der ZA zwischen Mesodermzellen in *stg* mutanten Embryonen in Stadium 8 (A-C) Mesodermzellen in Stadium 8. Dieses Stadium ist durch den Zerfall der mesodermalen Röhre und den Verlust des epithelialen Charakters charakterisiert. (A) Die Mesodermzellen beginnen mit der Auflösung der Zellkontakte. (B) Spätes Stadium 8: Vollständige Auflösung der ZA. (C) Semi-Dünnschnitt eines *stg*^{7//} homozygoten Embryos im Stadium 8; das rote Kästchen markiert die Position der EM-Aufnahme.



Abbildung 25: Verteilung der ZA zwischen Mesodermzellen in *htl* mutanten Embryonen in Stadium 8 (A-C) Mesodermzellen in Stadium 8. (A) Pfeil markiert noch vorhandene ZA zwischen den Mesodermzellen. (B) Spätes Stadium 8: Auflösung der ZA zwischen den Mesodermzellen. (C) Semi-Dünnschnitt eines *htf*^{AB42} homozygoten Embryos im Stadium 8; das rote Kästchen markiert die Position der EM-Aufnahme.



noch anstehenden Endozytose sein, die in den *htl stg* Mutanten verzögert abläuft. (E, F) Spätes Stadium 8: Zellverbindungen sind noch vollständig erhalten. (G) Semi-Dünnschnitt eines *htl*^{AB42} *stg*TM homozygoten Embryos im Stadium 8; das rote Kästchen markiert die Position der EM-Aufnahme.

			Stadium		
Gewebe	Genotyp	Zellverbindung	7	8 früh	8 spät
Mesoderm	Wildtyp	ZA			
Mesoderm	Stg ^{7M}	ZA			
Mesoderm	Htl ^{AB42}	ZA			
Mesoderm	Htl ^{AB42} Stg ^{7M}	ZA			
abelle 6: Übersicht der Präsenz von adhärenten Zellkontakten (ZA) der					

Mesodermzellen während der Gastrulation Das Auftreten von adherenten Zellkontakten (ZA) zwischen Mesodermzellen wurde zu verschiedenen Zeitpunkten während der Gastrulation (Stadium 7-8 spät) mittels TEM untersucht. Die Balken zeigen subjektive Werte an, die das Auftreten der ZA zwischen den Zellen auf den Ultradünnschnitten widerspiegeln. Im Wildtyp und *stg*^{7M} mutanten Embryonen konnte ab Stadium 8 früh keine ZA-Struktur zwischen den Zellen gefunden werden. In *htf*^{AB42} mutanten Embryonen konnte erst ab dem späten Stadium 8 keine ZA mehr detektiert werden. Im Gegensatz dazu halten *htf*^{AB42} *stg*^{7M} mutante Embryonen ihre ZA über das Stadium 8 hinaus aufrecht.

Anwesenheit der ZA ("Zonula Adherence") hoch moderat gering

3.1.7 Die Funktion von Htl in Bezug auf die Regulation epithelialer Zellpolarität in der Mesoderm-Morphogenese

Die oben gezeigten Daten konnten Evidenzen dafür liefern, dass in *htl* mutanten Embryonen die Adhäsion im Mesoderm fehlreguliert ist. Dies könnte zum einen durch eine veränderte Expression von s*na*, zum anderen aber durch die *htl* abhängige Änderung der apiko-basalen Zellpolarität verursacht sein.

In *Drosophila* wird die apiko-basale Zellpolarität von Epithelzellen im Embryo durch zwei Gruppen von Proteinkomplexen gesteuert, von denen eine Gruppe apikal und eine Gruppe basal zur ZA lokalisiert ist. Die apikalen Proteinkomplexe lokalisieren in der so genannten subapikalen Region (SAR), die apikal der ZA liegt. Diese Proteinkomplexe sind essentiell für den Aufbau epithelialer Polarität. Die einzelnen Komponenten der Proteinkomplexe können als Marker für intakte Zellpolarität verwendet werden. Um die Zellpolarität während des EMT zu untersuchen, wurde daher die Verteilung einer Komponente des Crumbs-Komplexes, *D*PATJ, in den verschiedenen Genotypen vor und während der EMT verglichen (Abb. 27).



Abbildung 27: Htl ist für die Regulation epithelialer Zellpolarität in der Mesoderm-Morphogenese essentiell

(A) Ventral seitliche Ansicht eine Ganzkörperembryos. Das weiße Kästchen markiert die Stelle des Embryos, die

für diese Aufnahmen ausgewählt wurde, (B, C, J und K) Hetrozygotes *htf*^{AB42} Embryo (D, E, L und M) *stg*^{7M} mutante Embryonen, (F, G, N und O) *htf*^{AB42} mutante Embryonen, (H, I, P und Q *htf*^{AB42} *stg*^{7M} mutante Embryonen. ([B-I]; Stadium 7 früh); (J-Q]; Stadium 7 spät); [B, D, F, H, J, L, N und P]; Embryonen wurden mit Antikörper gegen anti-Neurotactin (grün) und anti-DPATJ (rot) gefärbt. [B, C, J und K]; Embryonen wurden mit Antikörper gegen ß-Galaktosidase (rot) gefärbt. [C, E, G, I, K, M, O und Q]; Embryonen zeigten nur DPATJ Färbung. [C, E, G und I]; Pfeilspitzen zeigen auf die apikale Lokalisierung von DPATJ im Ektoderm. (O, Q) Pfeile in *htf*^{AB42} als auch *htf*^{AB42} *stg*^{7M} mutanten Embryonen zeigen punktförmige Akkumulationen des DPATJ Proteins in einigen Mesodermzellen.

DPATJ bildet einen Proteinkomplex mit den Proteinen Crumbs und Stardust und ist im Ektroderm in der SAR lokalisiert (siehe Pfeile in Abb 27 C, E, G und I). Sowohl im Wildtyp, als auch in den mutanten Embryonen, findet man in den mesodermalen Zellen (Stadium 7 früh) DPATJ im Zytoplasma verteilt (Abb. 27 C, E, G und I). In der folgenden Phase (Stadium 7 spät) liegt sowohl in Wildtyp-Embryonen als auch in stg mutanten Embryonen eine membranassoziierte und zytoplasmatische Verteilung von DPATJ im Mesoderm vor (Abb. 27 J-M). Interessanterweise sind zu diesem Zeitpunkt sowohl in htl als auch htl stg mutanten Embryonen (Abb. 27 N-Q) punktförmige Akkumulationen des DPATJ Proteins in Mesodermzellen zu beobachten (Abb. 27 O und Q), während diese in stg mutanten Embryonen und im Wildtyp nicht zu erkennen sind. Diese Ergebnisse lassen vermuten, dass die Zellpolarität von Mesodermzellen in Abhängigkeit von Htl und Stg reguliert wird. Somit scheint Htl, vorausgehend zur mesodermalen Zellmigration, eine wichtige Funktion während der EMT einzunehmen.

3.2 Funktionsanalyse zur Beteiligung des RHO-GEF Pebble während des EMTs in der frühen Embryogenese

3.2.1 Mesodermspezifische Funktion von Pbl

Drosophila pebble (pbl) kodiert für einen Guaninnukleotid-Austauschfaktor ("guanine-nucleotide-exchange factor", GEF) der Rho-Familie kleiner GTPasen, der für die Zytokinese erforderlich ist (Miki et al., 1993; Prokopenko et al., 1999; Hime und Saint, 1992; Lehner 1992; Prokopenko et al., 1999; Salzberg et al., 1994). Weiterhin wurde *pbl* in einem genetischen Screen als wichtige Komponente der Mesoderm-Migration identifiziert (Gryzik und Müller, 2004). Um herauszufinden, ob die Defekte in der Mesoderm-Migration in *pbl* mutanten Embryonen auf Störungen während des EMTs zurückzuführen sind, wurde der Verlust des epithelialen Zellcharakters in der frühen Mesoderm-Morphogenese von *pbl* Mutanten untersucht.

Die Invagination des Mesoderms verläuft in *pbl* mutanten Embryonen normal (Abb. 28 M). Im frühen Stadium 8, weisen *pbl* mutante Embryonen Defekte in der Mesoderm-Morphogenese auf. Die mesodermale Röhre scheint zu zerfallen, doch unterbleibt, ähnlich wie in *htl* mutanten Embryonen, die Herstellung des Kontaktes zum Ektoderm (Abb. 28 J, K, N und O). Im späteren Stadium 8 stehen die Mesodermzellen in direktem Kontakt zum Ektoderm und die dorso-laterale Migration des Mesoderms ist blockiert (Abb. 28 L, P).

In älteren Embryonen ist erkennbar, dass der mesodermale Verband als ein kompaktes Zellaggregat bestehen bleibt, was darauf schließen lässt, dass Pbl eine essentielle Rolle während der Mesodermmigration spielt (Abb. 29; Schumacher et al., 2004). Im Rahmen dieser Arbeit sollte untersucht werden, ob Pbl, ähnlich wie Htl, für den Verlust der epithelialen Charakteristika während der EMT notwendig ist, und somit eine der Zellmigration vorausgehende Funktion besitzt.


Abbildung 28: Defekte während der frühen Mesoderm-Morphogenese in *pbl*³ mutanten Embryonen Embryonen wurden mit Antikörpern gegen Twi (dunkelgrau) und gegen ß-Galaktosidase (schwarz) gefärbt. (A, B und D) Laterale Gesamtansicht auf heterozygote Embryonen. Embryonen, die mindestens eine Wildtypkopie von *pbl* tragen, zeigen eine schwarze Färbung in 7 segmentale Streifen, die auf die Anwesenheit des TM3(*ftz::lacZ*) Balancerchromosoms zurückzuführen ist. (C) Ventrale Ansicht eines *pbl*³ heterozygoten Embryos in Stadium 8. (E, F, G und H) Querschnitte von heterozygoten Embryonen. (I, J und L) Laterale Ansicht auf Embryonen, homozygot mutant für *pbl*³. (K) Ventrale Ansicht auf einen Embryo, homozygot mutant für *pbl*³ in Stadium 8. (M, N, O und P) Querschnitte von Embryonen homozygot mutant für *pbl*³. (N und O) Die mesodermale Röhre scheint zu zerfallen, doch unterbleibt die Herstellung des Kontaktes zum Ektoderm. (L und P) Im späteren Stadium 8 stehen die Mesodermzellen in direktem Kontakt zum Ektoderm und die dorso-laterale Migration des Mesoderms ist blockiert.



Abbildung29: Mesodermwanderungsdefekte in *pbl*³ mutanten Embryonen

Embryonen wurden mit Antikörpern gegen Twi (dunkelgrau) gefärbt. (A) Querschnitt eines Wildtyp Embryos. (B) Querschnitt vom homozygoten pbl^3 Embryo. ([A und B]; Stadium 10); pbl^3 mutante Mesodermzellen verbleiben als Aggregat auf dem Ektoderm.

3.2.2 Funktion von Pbl während des EMTs

Wie im Kapitel 3.1 gezeigt werden konnte, sind sowohl das mitotische Programm, als auch der Htl Signalweg in redundanter Weise für den EMT von Mesodermzellen notwendig. Da Pbl sowohl für die Zytokinese, als auch für die Htl abhängige Mesodermmigration benötigt wird, besteht die Möglichkeit, dass Pbl eine Funktion für die EMT hat, die bislang nicht gezeigt werden konnte. Um dies zu untersuchen wurde die EMT in *pbl* Einzelmutanten und *pbl stg* Doppelmutanten untersucht.

Untersuchungen an Embryonen, die doppelt mutant für *pbl* und *stg* sind, zeigen einen Phänotyp, der sich von den *pbl* homozygoten Einzelmutanten nicht unterscheidet (Abb. 30; vgl. Abb. 28). Die Querschnitte zeigen, dass in der ersten Phase der Mesodermwanderung die Mesodermzellen nach der Internalisierung eine epitheliale Röhre bilden (Abb. 30 E). In der nächsten Phase (Abb. 30 B) zerfällt die mesodermale Röhre, doch die Mesodermzellen weisen einen großen Abstand zum Ektoderm auf (Kreis in C). Im späteren Stadium 8 zerfällt die Röhre und die Mesodermzellen stellen einen direkten Kontakt zum Ektoderm her (Pfeil in D). Es findet in der weiteren Entwicklung jedoch keine Mesodermmigration statt.



Abbildung 30: In *pbl³ stg[™]* mutanten Embryonen verläuft EMT wildtypisch Embryonen wurden mit Antikörpern gegen Twi (dunkelgrau) gefärbt. (A-D) Querschnitte von homozygoten *pbl³ stg[™]*-Embryonen. Die Querschnitte zeigen, dass in der ersten Phase der Mesodermwanderung (A) die Mesodermzellen nach der Internalisierung eine epitheliale Röhre bilden. (B) In der nächsten Phase scheinen sich die Zellen aus ihrem epithelialen Zellverband langsam zu lösen, doch die Zellen stellen noch keinen Kontakt zum Ektoderm her (Kreis in C). (D) Die Röhre zerfällt und die Mesodermzellen stellen einen direkten Kontakt zum Ektoderm her (Pfeil in D). In der weiteren Entwicklung findet keine Mesodermmigration statt.

Es scheint, als ob in *pbl,* als auch in *pbl stg* mutanten Embryonen, deren Phänotyp sehr ähnlich ist, die Mesodermzellen ihren epithelialen Charakter verlieren, doch als Aggregat auf dem Ektoderm verbleiben. Um diese Beobachtung genauer zu verifizieren, sollten weitere Analysen bestätigen, dass in *pbl* mutanten Embryonen

der Verlust des epithelialen Zellcharakters nicht durch eine Fehlregulation von *D*E-Cadherin gestört ist.

3.2.3 Pbl ist für die Herunterregulierung epithelialer Zell-Zellkontakte nicht erforderlich

Es wurde bereits gezeigt, dass die Funktion von Pbl parallel oder downstream zur Funktion des FGF Rezeptors Htl ist (Schumacher et al., 2004). Wie oben gezeigt, ist *htl* in Kombination mit *stg* für die negative Regulation von epithelialen Charakteristika während des EMT notwendig. Ob dem *pbl* mutanten Phänotyp, ähnlich den *htl* Mutanten, eine Fehlregulation der epithelialen Zelladhäsion zu Grunde liegt, sollte daher im Folgenden untersucht werden. Zu diesem Zweck wurde zunächst die Verteilung von *DE*-cadherin während des EMT in Wildtyp-Embryonen und *pbl* mutanten Embryonen verglichen.

In Stadium 7 ist sowohl im Wildtyp, als auch in den *pbl* mutanten Embryonen, das epitheliale *D*E-Cadherin zunächst an den apikalen Grenzen der invaginierten Röhre konzentriert (Abb. 31 A und D). Im frühen Stadium 8 ist *D*E-Cadherin sowohl im Wildtyp, als auch in den *pbl* mutanten Embryonen nur noch geringfügig an den apikalen Zellgrenzen lokalisiert (Abb. 31 B und E) und verteilt sich in der nächsten Phase entlang der Plasmamembran (Abb. 31 C und F). Der einzig erkennbare Unterschied zum Wildtyp besteht darin, dass die Mesodermzellen in *pbl* Embryonen im späten Stadium 8, zum Beginn der Wanderung, enger beieinander liegen (vgl. Abb. 31 F). Diese Beobachtungen lassen vermuten, dass *pbl* mutante Mesodermzellen die apikalen Zellkontakte während des EMT ähnlich, wie beim Wildtyp, verlieren. Um diesen Sachverhalt genauer zu analysieren wurden elektronenmikroskopische Experimente durchgeführt.



Abbildung 31: In *pbl* **mutanten Embryonen ist die** *D***E-cadherin Verteilung während des EMT wildtypisch** Embryonen wurden mit anti-*D***E**-Cadherin (rot) Antikörpern gefärbt. (A-C) Ventrale Ansicht von Wildtyp-Embryonen, (D-F) Ventrale Ansicht von *pbl*³ mutanten Embryonen. ([A und D]; Stadium 7); ([B und E]; Stadium 8 früh); ([C und F]; Stadium 8 spät);. (A, D) In Stadium 7 ist sowohl im Wildtyp, als auch in den *pbl* mutanten Embryonen, das epitheliale *D*E-cadherin zunächst an den apikalen Grenzen der invaginierten Röhre konzentriert. (E) Im frühen Stadium 8 ist *D*E-Cadherin in *pbl*³ mutanten Embryonen nur noch geringfügig an den apikalen Zellgrenzen lokalisiert und (F) verteilt sich in der nächsten Phase entlang der Plasmamembran.

Wie die elektronenmikroskopische Untersuchungen von *pbl* mutanten Embryonen während der EMT zeigt, sind die Mesodermzellen im Stadium 7 durch die ZA mit ihren Nachbarzellen verbunden (siehe Pfeil Abb. 32 A). Im frühen Stadium 8, in dem sich die invaginierte Mesodermröhre abgeflacht hat, findet eine Auflösung dieser Zellkontakte statt und die Mesodermzellen lösen sich von ihren Nachbarzellen (siehe Pfeil Abb. 32 C). In der nächsten Phase (späten Stadium 8) sind die Zelladhäsionsverbindungen vollständig verschwunden (Abb. 32 E). Diese Beobachtungen bestätigen also die Hinweise (Abb. 31), dass die ZA, respektive die *D*E-Cadherin Verteilung, in *pbl* Mutanten wie im Wildtyp, negativ reguliert wird. Eine Zusammenfassung der Ergebnisse dieser Untersuchungen ist in Tabelle 7 dargestellt.







Abbildung 32: Verteilung der zwischen ΖA

Mesodermzellen in *pbl* mutanten Embryonen. (A-D) *pbl*³ mutante Embryonen wurden fixiert und für die Transmissionselektronen-Mikroskopie bearbeitet.

(A) Stadium 7; (B und C) frühes Stadium 8 (E) spätes Stadium 8

(A) Pfeile markieren die gut ausgeprägten ZA zwischen den mesodermalen Zellen (C) Pfeile markieren Auflösung der ZA (D) Vollständige Abwesenheit der ZA (F) Semi-Dünnschnitt eines pbl^3 homozygoten Embryos im Stadium 8; das rote Kästchen markiert die Position der EM-Aufnahme.

			Stadium		
Gewebe	Genotyp	Zellverbindung	7	8 früh	8 spät
Mesoderm	Wildtyp	ZA			
Mesoderm	Pbl	ZA			

Tabelle 7: Übersicht der Präsenz von adhärenten Zellkontakten (ZA) der Mesodermzellen während der Gastrulation

Das Vorhandensein von adherenten Zellkontakten (ZA) zwischen Mesodermzellen wurde zu verschiedenen Zeitpunkten während der Gastrulation (Stadium 7-8 spät) mittels TEM untersucht. Die Balken zeigen subjektive Werte an, die das Auftreten der ZA zwischen den Zellen auf den Ultradünnschnitten widerspiegelt. Im Wildtyp und *pbl*³ mutanten Embryonen konnte ab Stadium 8 früh keine ZA Struktur zwischen den Zellen gefunden werden



3.3 Misexpressions-Screen zur Identifizierung neuer Gene, die eine essentielle Rolle in der Mesoderm-Morphogense spielen

Im Rahmen dieser Arbeit wurde ein Misexpressions-Screen durchgeführt um neue Komponente zu identifizieren, die für die frühe Mesoderm-Morphogenese erforderlich sind. Dabei ist das sogenannte EP-Element (Enhancer Promoter) (Rorth, 1996) eingesetzt worden, ein spezielles P-Element-Transposon, das UAS-Sequenzen ("upstream activating sequences") enthält, die als Bindungsstellen für den Hefe-Transkriptionsvektor GAL4 dienen. Diese UAS-Stellen sind so konstruiert, dass eine die Integrationsstelle flankierende Transkriptionseinheit aktiviert werden kann, sobald GAL4 bindet. Die mesodermspezifische Expression EΡ von regulierten Transkriptionseinheiten wurde in dieser Arbeit durch Verwendung der Gal4-Treiberlinie *twist::Gal4* erreicht.

In dieser Kombination führt eine EP-Insertion, die selbst keinen Phänotyp erzeugt, durch Aktivierung oder Überexpression eines den UAS-Stellen nachgeschalteten Gens in 1 bis 3% der Fälle zur Letalität (Rorth et al., 1998).

Es wurde eine Kollektion von 2800 unabhängigen EP-Insertionslinien durchforstet. Dabei wurden Jungfrauen der *twist::Gal4*-Treiberlinie mit männlichen Fliegen der EP-Linien gekreuzt (s. Kapitel 2.2.3.1). Die Nachkommenschaft wurde auf Letalität hin überprüft, wobei 97 (3,5%) dieser EP-Linien Letalität durch *twi::Gal4*-induzierte Fehlexpression aufwiesen.

In Tabelle 8 sind die 97 Kandidaten aufgelistet, die als Kandidaten aus dem Screen von 2800 EP-Linien als positiv ("letal") identifiziert wurden (Tabelle 8).

EP-Linie	Gen
EP(x)0308	ATP7
EP(X)0395	bifocal
EP(x)0452	Embryonic lethal abnormal vision (elav)
EP(x)1203	P(EP)
EP(x)1217	singed
EP(x)1308	highwire
EP(x)1310	P(EP)
EP(X)1325	CG3638
EP(x)1326	CG7502
EP(x)1344	P(EP)
EP(x)1355	Tis11 homolog
EP(x)1360	P(EP)
EP(x)1394	Beadex

EP(x)1363	CG10777	
EP(x)1488	CG10777	
EP(x)1460	P(EP)	
EP(x)1591	Adenine-nucleotide translocase 2/	
	Stress-sensitive B	
EP(x)1579		
EP(x) 1569	Actin5C	
EP(x)1601	Fasily shocked	
EP(2) 456	Dbr CG11371	
FP(2)563	Kis (kismet)	
FP(2)578	Traf 1	
EP(2)587	Grp (grapes)	
EP(2)611		
ED(2)627		
EP(2)623	Esa (escaraot)	
EP(2) 2000	Esg (escargor)	
EP(2) = 684		
EP(2) 2370		
EP(2)646	EP6/6 RPS13	
ED(2)704		
ED(2)757		
EF(2)/3/		
EP(2)954	BI (bancal)	
EP(2)2002	Met 2	
EP(2)2028	CG 8841 garz (gartenzwerg)	
EP(2)2083	P (EP)	
EP(2)2099	CG 9894	
EP(2)2111	Cam (Calmodulin)	
EP(2)2131	Data not shown	
EP(2)2146	Data not shown	
EP(2)2181	Vkg (viking)	
EP(2)2204	CG 14035	
EP(2)2218	Sdc (syndecan)	
EP(2)2275	Vimar (visceral mesodermal armadillo-	
	repeats)	
EP(2)2278	Bib (big brain) CG 13130	
EP(2)2335	P (EP)	
EP(2)2348	CG 9248	
FP(2)2357	CG 6751	
FP(2)2359	Shn (schnurri)	
FP(2)2377	CG 6770	
EP(2)2398	Lola (longitudinals lacking)	
EP(2)2374		
EP(2)2636		
EP(2) 2396		
EP(2)2450	CG 14536	
EP(2)2460	Kis (kismet)	
EP(2)2409	Nis (kismet)	
ED(2)2401		
EF(2)2491	14190 ST DF (141908111 STDF)	
EF(2) 2607		
EP(2)2500	Grp (grapes)	
EP(2)2582	Lea (leak)	
EP(2)2586	CG 13434 I(2)05510	
EP(2)2587	CG 13434 EP2587	
EP(2)2516	CG 10433	
EP(2)2597	CG 11070	
EP(2)2645	Cam (Calmodulin)	

EP(2)2635	Aop (anterior open)	
EP(2)2649	Data not shown	
EP(2)2629	Tkv (thickveins)	
EP(2)2148	SD02913	
EP(2)845	Glutathione S transferase S1	
EP(2)1217	singed	
EP(2)2478	Poco pelo	
EP(3)411	DanJ-like 1	
EP(3)440	Laminin A	
EP(3)603	Lk6	
EP(3)858	How (held out wings)	
EP(3)1037	CG31232	
EP(3)1049	Sema-5C	
EP(3)1086	CG6954	
EP(3)1119	tribbles	
EP(3)3062	tramtrack	
EP(3)3180	E2F transcription factor	
EP(3)3201	CG8036	
EP(3)3209	E(spl) region transcript m7	
EP(3)3301	CG18177	
EP(3)3312	rho-like	
EP(3)3414	Laminin A	
EP(3)3415	pebble	
EP(3)3434	CG5555	
EP(3)3531	Twin of m4	

Tabelle 8: Zusammenfassung der gezielt überexprimierten Gene

In diesem Überexpressions-Screen wurden von 97 Genen, 4 Gene identifiziert, die eindeutige Defekte der Mesodermmorphogenese aufwiesen (rot markiert). Bei den restlichen letalen Kandidaten konnten entweder nur sehr schwache (grün markiert) oder keine Abnormalitäten (schwarz), die auf eine inkorrekte Mesodermmorphogenese zurückzuführen sind, detektiert werden.

Die Linien, in denen die twi::Gal4 getriebene EP-Expression Letalität erzeugte, wurden phänotypisch näher untersucht. Um bei den positiven Kandidaten nachzuweisen, ob phänotypische Veränderungen der Mesodermmorphogenese im Embryo vorlagen, wurden Antikörperfärbungen gegen Twist durchgeführt. Anhand der Twi Markierung ist es möglich, Defekte in der Mesodermzellwanderung aufzudecken (Gryzik, 2005). Dabei konnten von 97 EP-Linien, 4 EP-Linien werden. deren Überexpression eindeutigen identifiziert zu Defekten der Mesodermmorphogenese führte (Tabelle 8 (rot markiert) und Abb. 34-37). Bei den restlichen letalen EP-Kandidaten konnten nach Überexpression mit twi::Gal4 entweder nur sehr schwache (grün markiert), oder keine Abnormalitäten (schwarz) in der Mesodermmorphogenese beobachtet werden. Daher wurden im Folgenden nur die 4 EP Linien weiter analysiert, deren Expression zu Mesodermdefekten führte. Bei diesen Kandidaten erfolgte eine Antikörperfärbung gegen das Even Skipped (Eve) Protein. Die dorso-laterale Migration ist für die anschließende Differenzierung der Mesodermzellen essentiell. In Drosophila entstehen aus dem Mesoderm die somatische und viszerale Muskulatur, der Fettkörper, das larvale Herz und das somatische Gewebe der Gonaden. Die für die Differenzierung notwendigen, induktiven Signale gehen von den Ektodermzellen aus. So entstehen z. B. die Herzvorläuferzellen aus den dorsal positionierten Mesodermzellen durch die Induktion von Decapentaplegic (Dpp) und wingless (wg), das in den dorsalen Ektodermzellen expremiert wird (Frasch, 1995; Wu et la., 1995; Staehling et al., 1994). Die Differenzierung zu den beiden Mesodermderivaten wird durch die Expression von Even-Skipped (Eve), dem frühesten Marker für die Perikardialzellen, dargestellt. Nur die vollständige Ausbreitung des Mesoderms auf dem Ektoderm stellt die Differenzierung zu den Mesodermderivaten sicher was eine Nutzung von Eve als sekundären Marker für die korrekte Ausbreitung des Mesoderms ermöglicht. Im Wildtyp werden 22 Eve-positive Hemisegmente gezählt (Carmena et al., 1998; Halfon et al., 2000; Knirr und Frasch, 2001). Mutanten in denen die Mesodermmorphogenese fehlerhaft abläuft, sind durch unvollständige, oder sogar fehlende Eve-Expression gekennzeichnet.

Nachfolgend sind die 4 Kandidaten-Linien, die zugeordneten Kandidaten-Gene und ihre Lokalisation im Genom dargestellt.

3.3.1 Fehlexpression von EP(2)627

EP(2)627-Expression mit der twi::Gal4 Treiberlinie führte zu embryonaler Letalität und zeigte einen starken Überexpressions-Phänotyp, der die Mesoderm-Morphogenese beeinträchtigt (Abb. 34). Schon im frühen Stadium 6 sind Unregelmäßigkeiten in der Anordnung der Mesodermzellen erkennbar (Abb. 34 A). In späteren Stadien (8 und 9) findet eine unvollständige Ausbreitung statt (Abb. 34 B, C). Eine weiterführende Analyse mit Antikörperfärbungen gegen das Eve-Protein bestätigte die Vermutung, das Überexpression von EP(2)627 zur defekten Mesodermmorphogenese führt. In Wildtyp-Embryonen wird eve während Stadium 11 der Embryogenese in 11 Gruppen von Perikardialzellen expremiert (vgl. Abb. 33 D). Falls der Prozess der Wanderung nicht oder zu spät und unregelmäßig einsetzt, werden die Perikardialzellen nicht spezifiziert und exprimieren nur unvollständig oder gar kein eve. Durch Expression von EP(2)627 wird die Spezifizierung der evepositiven Zellen beeinträchtigt (Abb. 34 D, Tabelle 9). Die unvollständige Ausbildung dorsalen Mesodermderivate ist somit höchstwahrscheinlich der eine Folgeerscheinung der gestörten Wanderung. Die EP-Insertion erfolgte in der Nähe des noch unbeschriebenen Gens CG3700. Es ist jedoch möglich, dass EP(2)627

77

tatsächlich nicht zur ektopischen Expression von *CG3700*, sondern eines anderen, der EP Insertion benachbarten Gens führt (Abb. 34 E). Diese Möglichkeit sollte in einem Kontrollexperiment getestet werden, bei dem *CG3700* mit Hilfe einer genspezifischen UAS-Linie im Mesoderm expremiert wird.



3.3.2 Fehlexpression von EP(2)2374

EP(2)2374-Expression mit der twist::Gal4 Treiberlinie führte zu embryonaler Letalität Überexpressions-Phänotyp, zeiat einen starken der die Mesodermund Morphogenese betrifft (Abb. 35). In Stadium 6 zeigt sich eine Unregelmäßigkeit in der Invagination des Mesoderms (Abb. 35 A), die in den späteren Stadien einen Migrationsdefekt zur Folge hat (Abb. 35 B und C). Die defekte Mesodermmigration wird ebenfalls anhand der Zahl der Eve-positiven Perikadialzellen sichtbar. Überexpression durch EP(2)2374 führt im Durchschnitt zur Entwicklung 16 Evepositiver Gruppen von Perikardialzellen im Gegensatz zu 22 Gruppen von Perikardialzellen im Wildtyp (Abb. 35 D; Tabelle 9). Die EP-Insertion erfolgte in der Nähe des Gen lonitudinal lacking (lola). Interessanterweise wurden weitere EP-Insertionslinien (EP(2)2398, EP(2)2374, EP(2)2636, und EP(2) 2396) im Screen identifiziert, die in der gleichen genomischen Region insertiert sind wie EP(2)2374. Überexpression dieser Linien führt ebenfalls zu embryonaler Letalität und zu einer identischen Beeinträchtigung der Mesodermentwicklung. Generell muss allerdings mit Hilfe von UAS-Linien verifiziert werden, ob lola Expression tatsächlich zum beobachteten Defekt der Mesodermmigration führt.



3.3.3 Fehlexpression von EP(2)2607

Die EP(2)2607-Expression mit der twist::Gal4 Treiberlinie resultiert in einem schwächeren Überexpressions-Phänotyp, als die Expression der anderen 3 Kandidaten (Abb. 36). Im frühen Stadium 6 sind Unregelmäßigkeiten in der Anordnung der Mesodermzellen erkennbar (Abb. 36 A). Im Stadium 8 und 9 breiten die Mesodermzellen ungleichmäßig aus (Abb. 36 В. C). sich Wie Antikörperfärbungen gegen das Eve-Protein zeigten, ist die Determination der Eve positiven Zellgruppen durch Expression von EP(2)2607 nur leicht beeinträchtigt, da 20 Eve-positive Hemisegmente detektieren werden können (Abb. 36 D, Tabelle 9). erfolgte in der Nähe der Gene Die EP-Insertion wunen und wunen2. Interessanterweise sind sowohl wunen2 als auch sein Nachbargen wunen in somatischen Zellen erforderlich, um die Migration der Keimzellen während der Entwicklung zu steuern (Lehmann, 2004).



(D) Laterale Gesamtansicht auf ein Wildtyp-Embryo in Stadium 11, gefärbt mit Eve Antikörper; Eve-positive Perikadialzellen sind mit Pfeilen markiert.

(E) Genomische Lokalisierung:
Chromosom (arm):2R
Zytogenetische Kartierung:45D4-45D5.
Sequenz-Lokalisierung des Gens im Genom:
2R:5,301,849..5,305,353 [+]
EP-Insertion: 2R:5319003; 45D4

Ε

D

5300k

wun

wun2

P(EP)wun^{EP2607}

3.3.4 Fehlexpression von EP(2)2028

Der stärkste Überexpressions-Phänotyp, der die Mesoderm-Morphogenese betrifft zwird durch die Fehlexpression der Linie EP(2)2028 verursacht (Abb. 37). Schon im frühen Stadium 6 sind nur wenige Mesdermzellen detektierbar (Abb. 37 A). In den späteren Stadien 8 und 9 hat eine sehr unvollständige Ausbreitung stattgefunden. Auch hier sind deutlich reduzierte Mesodermzellen zu sehen (Abb. 37 B, C). Weiterhin können in Embryonen, in denen EP(2)2028 überexpremiert wurde, in Stadium 11 durch Eve Färbung im Durchschnitt nur 7 positive Hemisegmente identifiziert werden (Abb. 37 D, Tabelle 9). Die EP-Insertion erfolgte in der Nähe des Gens *gartenzwerg (garz)*, dessen Genprodukt für die Herz- und Muskelentwicklung benötigt wird. Doch auch in diesem Fall ist es notwendig, mit Hilfe von UAS-Linien zu verifizieren, ob die *garz* Expression tatsächlich zum beobachteten Defekt der Mesodermmigration führt.

Zusammengefasst lassen die Ergebisse darauf schließen, dass der EP Linie benachbarte Gene zur Mesodermentwicklung entscheidend beitragen.



Die Analyse der Überexpression von 2800 EP Linien mit Hilfe des *twi::Gal4* Treiberstammes hat somit zur Identifizierung von 4 Linien geführt, die potentielle Gene ansteuern, die in die Regulation der Mesodermmorphogenese involviert sein können. Wie erwähnt, sollte der Phänotyp der Überexpression der einzelnen potentiellen Kandidatengene durch UAS-Konstrukte weitergehend analysiert werden. Eine Zusammenfassung des Screens ist in den folgenden Tabellen dargestellt.

Zusammenfassung des Misexpressions-Screens

2800 EP Insertionslinien mit der Treiberlinie *twist:Gal4:*

Letalität: 97 (3,5%) : 4 Kandidaten zeigen eindeutige Mesodermmorphogenese-Defekte

EP Linie EP(2) 627 EP(2)2028 EP(2) 2398 2374 2396	Zytogen. Kartierung 59B4 48F8	Gene CG3700 gartenzwerg (garz)
2696 EP(2) 2527	47A11	longitudinals lacking (lola)
2607	45D4	wunen2

EP-Linie		Eve-positive Hemisegmente		
	Wildtyp	22		
<i>EP(2)</i> 2398				
2374				
2396				
2696	Longitudinals lacking	M=15,5 (S=1,5)	(n=4)	
	(lola)			
EP(2)2028	Gartenzwerg (garz)	M=7,2 (S=0,8)	(n=3)	
EP(2) 2527		20	(n=1)	
2607	Wunen2			
EP(2) 627	CG3700	M=14,5 (S=1,5)	(n=3)	

Tabelle 9: Anzahl der Eve-positiven Mesodermzellen in den 4 letalen Kandidaten

Die Anzahl der Eve-positiven Hemisegmente wurde in den Embryonen (Stadium 11) der 4 letalen Kandidaten bestimmt. Dabei sind der Mittelwert (M), Standardabweichung (S) und die Anzahl der ausgewerteten Embryonen (n) angegeben. Wie beobachtet wurde, zeigt die Überexpression der EP-Linie EP(2)2028 die stärkste Abnormalität in der Eve-Expression.

4. Diskussion

Die EMT ist ein wichtiger Prozess für die normale Entwicklung eines Organismus. Während der Embryonalentwicklung können z.B. Epithelzellen ihre epithelialen Eigenschaften verlieren, indem sie Adhäsionsmoleküle wie E-Cadherin negativ regulieren und dadurch die Zellkontakte (ZA) zwischen den Zellen entfernen. Es besteht die Vermutung, dass dadurch die Zellen erst die Eigenschaft erlangen können, das Gewebe zu verlassen und sich relativ frei durch den Organismus zu bewegen. In ihrem Zielgebiet angekommen, können sie sich zu verschiedenen Zellen, unter anderem wieder zu Epithelzellen, differenzieren. Eine Voraussetzung für die Migration ist die Polarisierung der Zelle. Epithelzellen haben eine apikale Seite, die dem Äußeren oder dem Lumen zugewandt ist, und eine basale Seite, welche mit dem darunter liegendem Gewebe verbunden ist. Die Polarität von Epithelzellen ist durch strukturelle und funktionelle Unterschiede von apikaler und basaler Membran geprägt. Dieser Polarisierungsprozess muss während der Entwicklung präzise festgelegt sein, um die Differenzierung zu Zellen und Geweben bestimmter Funktion zu ermöglichen. Welche Bedeutung der zeitlichen und räumlichen Regulation des EMT im Organismus zukommt, wurde unter anderem in Krebszellstudien erkannt. Bei der Metastasierung von Tumoren kommt es zu einem Phänotypwechsel, bei dem die Tumorzellen ihre zellspezifischen Eigenschaften verändern oder verlieren und damit die Fähigkeit zur Migration erlangen.

Mit dieser Arbeit sollte der Prozess des EMT in Mesodermzellen während der Entwicklung von *Drosophila melanogaster* auf zellulärer Ebene untersucht werden. Die Identifizierung von an Entwicklungsprozessen beteiligten Genen kann in *Drosophila* durch unterschiedliche Ansätze erfolgen. So können zum einen Genfunktionen durch Mutationen ausgeschaltet und auf der Basis des entstandenen Phänotyps Rückschlüsse auf die normale Funktion des Gens in der Entwicklung gezogen werden. Im Gegensatz zu Funktionsverlustmutationen kann die Funktion eines Gens auch durch gezielte ektopische Überexpression in einzelnen Zellen oder einem speziellen Gewebe untersucht werden. Diese Arbeit verwendete beide genetischen Ansätze für die Analyse von Genfunktionen während des EMT.

4.1 EMT während der frühen Mesoderm-Morphogenese

4.1.1 Die Funktion der FGF-Signalkaskade während des EMT

Der FGF-Rezeptor Heartless (Htl) wurde als essentielle Komponente für die Regulation der Mesodermmigration in *Drosophila* identifiziert (Beiman et al., 1996; Gisselbrecht et al., 1996; Schumacher et al., 2004). FGFs stellen eine große Familie von Signalmolekülen dar, die an die Regulation von zellulären Prozessen wie Proliferation, Migration und Differenzierung beteiligt sind (Szebenyi und Fallon, 1999). Aus verschiedenen Vertebraten Modellsystemen ist bekannt, dass der FGFvermittelte Signalweg nicht nur für die Migration, sondern auch für den EMT z. B. während der frühen Mesoderm-Morphogenese der Maus, erforderlich ist (siehe unten). Somit stellte sich zum einen die Frage, ob der FGF-vermittelte Signalweg in *Drosophila* ebenfalls eine Rolle während der EMT spielt, zum anderen, welche molekularen Vorgänge ausgehend vom Htl/FGF Rezeptor zu Veränderungen auf zellulärer Ebene während der Mesoderm-Morphogenese und der EMT führen.

Die Hypothese, dass der Htl Signalweg während der Mesoderminvagination zum EMT beitragen könnte, wurde in der vorliegenden Arbeit durch Analyse von *htl* mutanten Embryonen auf zellulärer und ultrastruktureller Ebene untersucht. Dabei wurde berücksichtigt, dass kurz nach der Internalisierung der Mesodermzellen durch die ventrale Furche, Mitosen vollzogen werden, die die Zellzahl im Mesoderm erhöhen (Bate, 1993; Campos-Ortega und Hartenstein, 1985). Diese Mitosen könnten ebenfalls Ursache für den Kontaktverlust, bzw. die Änderung von Zell-Zellverbindungen und der epithelialen Zellpolarität sein.

Wie diese Arbeit zeigt, wird EMT in *Drosophila* nicht ausschließlich durch den Einfluss des mitotischen Programms reguliert welches während der frühen Mesoderm-Morphogenese aktiviert wird, was in Übereinstimmung mit bereits publizierten Daten steht (Leptin und Grunewald, 1990). Hingegen zeigt diese Arbeit, dass sowohl das mitotische Programm als auch der Htl Signalweg in redundanter Weise für EMT erforderlich sind. Dabei scheinen Htl als auch Stg für die Regulation von epithelialem Cadherin notwendig zu sein, wie im folgenden Abschnitt diskutiert wird.

4.1.2 Htl und Stg sind für den Verlust epithelialen Zellcharakters während der EMT erforderlich

Im Epithel wird die Zelladhäsion sowohl in Vertebraten, als auch in Invertebraten durch Cadherine vermittelt (Tepass, 1999; Steinberg und McNutt, 1999). Anhand zahlreicher Studien aus der Tumorforschung wurde gezeigt, dass EMT mit einer negativen Regulation von E-Cadherin korreliert, wobei der Verlust von E-Cadherin eine Zunahme der invasiven Wachstumspotenz von Tumorzellen mit sich bringt (Herzig et al., 2007; Cavallaro und Christofori, 2004; Birchmeier und Behrens, 1994). Weiter haben diese Studien ergeben, dass häufig eine reduzierte oder fehlende E-Cadherin Immunreaktivität mit Invasivität von Karzinomzellen einhergeht. Die Reexpression von E-Cadherin kann diese Invasivität inhibieren (Vleminckx et al., 1991). Eine direkte Korrelation zwischen dem Verlust von E-Cadherin einerseits und dem Differenzierungsgrad und der Invasion andererseits berichten beispielhaft Schipper et al. (1991). Die Expression von E-Cadherin bewirkt nicht nur eine starke Zell-Zelladhäsion, sondern induziert auch Veränderungen im Zellverhalten, wie z.B. reduzierte Zellwanderung, Wachstumsinhibition und die Modulation des Cytoskeletts. In dieser Arbeit werden Daten gezeigt, die vermuten lassen, dass während des EMT der frühen Mesoderm-Morphogenese in Drosophila ebenfalls die Lokalisation von DE-Cadherin moduliert wird und dass dieser Prozess in Abhängigkeit vom FGF-Signalweg und dem mitotischen Programm steht. Interessanterweise deuten die ultrastrukturellen Untersuchungen darauf hin, dass in *htl* mutanten Mesodermzellen bereits eine relativ schwächere negative Regulation der ZA im Vergleich zum Wildtyp erfolgt. Der epitheliale Charakter der htl mutanten Zellen geht verloren, allerdings geschieht dies mit einer etwas verzögerten Dynamik im Vergleich zu wildtypischen Embryonen. Gleichzeitig scheint der DE-Cadherin Proteinlevel im Vergleich zum Wildtyp in *htl* mutanten Zellen erhöht zu sein, was auf eine erhöhte Expression oder eine verminderte Degradation von DE-Cadherin zurückzuführen sein könnte. Diesen Effekt muss man in weiteren Studien quantifizieren in dem man Transkript- bzw. Proteinmengen von DE-Cadherin in identifizierten Mutanten durch quantitative RealTime PCR respektive Western Analyse misst und mit Wildtyp Embryonen vergleicht.

Eine der *htl* Mutante ähnliche leichte Verzögerung des EMT oder Änderungen im *D*E-Cadherin Proteinlevel lassen sich bei *stg* mutanten Embryonen nicht beobachten. Im Gegensatz zu den Einzelmutanten weisen *htl stg* doppelt mutante Embryonen starke Defekte im Verlust der adhäsiven Zellkontakte auf, was den Zerfall der Mesodermröhre, die normalerweise im frühen Stadium 8 erfolgen sollte, stark zu verzögern scheint. DE-Cadherin ist zu diesem Zeitpunkt noch stark an den apikalen Zellgrenzen konzentriert. Die starke Inhibition des EMT hält bis zu späteren Entwicklungsstadien Die Beobachtung dieser Arbeit. an. dass der Transkriptionsfaktor snail in htl Mutanten vermindert expremiert wird, lässt vermuten, dass dies zu erhöhter Transkription von DE-Cadherin und zur Aufrechterhaltung des epithelialen Charakters beiträgt (Nieto et al., 2002; Oda et al., 1998). Eine ähnliche Korrelation zwischen Snail und E-Cadherin wurde in Arbeiten zur frühen Mesoderm-Morphogenese in der Maus gezeigt. Dort wird E-Cadherin während der EMT transkriptionell reguliert (Zohn et al., 2006). Interessanterweise wird diese transkriptionelle Kontrolle von E-Cadherin durch den FGF-Signalweg, über FGF-R1 und durch Expression des Vertebraten Homologs von snail reguliert. Von Snail ist bekannt, dass es direkt die Expression des E-cadherin Gens reguliert und dadurch die Level des E-cadherin Proteins in der Zelle reduzieren kann. Diese Reduktion von zellulärem E-Cadherin trägt zu einer verminderten Zelladhäsion bei (Cano et al., 2000). Daher scheint die Unterdrückung von E-Cadherin durch Snail zum Verlust der Zelladhäsion und des epithelialen Charakter während der EMT in Vertebraten als auch in Drosophila beizutragen (Bates et al., 2005; del Barrio und Nieto 2002; Carver et al., 2001; diese Arbeit).

Wie die ultrastrukturellen Untersuchungen dieser Arbeit ergeben haben, scheint sich die Fehlregulation von *D*E-Cadherin in *htl stg* mutanten Embryonen direkt auf die Zellkontakte auszuwirken. Wie oben diskutiert, kann die ZA im Mesoderm möglicherweise durch Regulation der E-Cadherin Proteinlevel über *Snail* reguliert werden. Eine andere Möglichkeit, wie die Regulation der ZA während der EMT erfolgen könnte, ist über Proteine, die die apikal-basale Zellpolarität vermitteln. In *Drosophila* wird für die Lokalisation des Cadherin/Catenin Komplexes in der ZA, die Expression der Gene *bazooka* und *crumbs* benötigt (Grawe et al., 1996). Der Crumbs Proteinkomplex besteht aus Crumbs (Crb), Stardust (Sdt), dem "*Drosophila* Protein Associated with Tight Junctions" (*D*PATJ) und *D*Lin7 (Tepass et al., 1990; Bachmann et al., 2001; Bachmann et al., 2004). Es ist bekannt, dass der Crb-Komplex mit Baz in der subapikalen Region (SAR) co-lokalisiert und antagonistisch zu lateral lokalisierten Proteinen, wie z.B. den Tumorsuppressoren Scribbled (Scrib),

Discs large (Dlg) und Lethal Giant Larvae (Lgl) wirkt (Wodarz et al., 2000; Petronczki und Knoblich, 2001; Bachmann et al., 2001; Hong et al., 2001). Das Zusammenspiel apikaler und lateraler Determinanten lokalisiert die ZA im apikalen Bereich (Bilder and Perrimon, 2000; Bilder et al., 2001; Tanentzapf und Tepass, 2002). Die Daten dieser Arbeit geben Hinweise darauf, dass die Lokalisation von DPATJ in htl und htl stg mutanten Embryonen im Vergleich zum Wildtyp unterschiedlich ist. Auffällig ist, dass in den htl und htl stg mutanten Embryonen punktförmige Akkumulationen des DPATJ Proteins in Mesodermzellen zu sehen sind, während diese in stg mutanten Embryonen und im Wildtyp nicht zu erkennen sind. Hier könnte man vermuten, dass es sich möglicher weise um endozytotische oder exocytotische Vesikel handelt, die angefärbt wurden. In einer Studie an humanen Zelllinien wurde die Endozytose als Hauptweg identifiziert, die an der Auflösung von adhäsiven E-Cadherin Dimeren beteiligt ist. Auch hier wurden Vesikel ähnliche Strukturen an der AJ durch Immunfluoreszenz Mikroskopie detektiert (Regina et al., 2006). Interessanterweise konnten auch auf ultrastruktureller Ebene in htl stg mutanten Embryonen Vesikel ähnliche Strukturen beobachtet werden, die mit der ZA assoziiert sind. Dies könnte ein Zeichen für eine verzögerte Internalisierung der ZA in *htl stg* mutanten sein sein. Um diese Hypothese zu testen, sollte an Embryonen, in denen die Endozytose blockiert ist, untersucht werden, wie sich die Umverteilung von DE-Cadherin verhält. Dieses kann zum Beispiel mit Hilfe einer temperatursensitive Mutation im Drosophila-Gen shibire (shi) getestet werden. shibire codiert für Drosophila-Dynamin, welches für die Endozytose notwendig ist. Diese wird normal initiiert, aber die Abtrennung der bereits durch den Clathrin-Proteinkomplex eingeschnürten Vesikel von der Membran findet nicht statt. Die Beobachtungen dieser Arbeit lassen daher vermuten, dass Htl Teilaspekte der Zellpolarität reguliert, wobei die Beeinträchtigung des Polaritätsabbaus zum Erhalt des epithelialen Zellcharakters führt. Somit scheinen htl und stg sowohl über die Regulation von DE-Cadherin durch Snail, als auch durch die Regulation der Zellpolarität den normalen Ablauf des EMT zu regulieren. Abbildung 38 zeigt ein Modell, das diese Ergebnisse zusammenfasst.



Abbildung 38: Modell zur Regulation von EMT während der frühen Mesoderm-Morphogenese in Drosophila

Die vorliegende Arbeit schlägt zwei Signalwege vor, die eine wichtige Schlüsselfunktion zur Regulation von *D*E-Cadherin während der EMT spielen könnten. Zum einen die transkriptionelle Regulation über *snail* und zum anderen die Zellpolarität, die in Abhängigkeit der FGF-Signalkaskade zusammen mit dem mitotischen Programm reguliert werden muss, um einen normalen Ablauf der EMT zu gewährleisten.

Die präsentierten Daten liefern Hinweise dafür, dass die Regulation der EMT in Vertebraten und in *Drosophila* auf ähnliche Weise gesteuert wird. Aufgrund dieser Annahme könnte *Drosophila* als allgemeines Modellsystem für weiterführende in vivo Studien der EMT etabliert werden, um die molekularen Mechanismen des EMT während der Tumorentstehung besser verstehen zu können.

4.2 Weitere potentielle Faktoren, die EMT während der frühen Mesoderm-Morphogenese regulieren

Wie bereits im vorherigen Kapitel diskutiert, reguliert der FGF Signalweg die EMT während der frühen Mesoderm-Morphogenese in Abhängigkeit von snail und Zellpolaritätsfaktoren. Zusätzlich zur FGF/Snail abhängigen Transkriptionskontrolle von E-Cadherin wird der Level des E-Cadherin Proteins während der frühen Maus Mesoderm-Morphogenese posttranskriptionell reguliert. Für diese posttranskriptionelle Regulation wird die Aktivierung des NIK/Map4k4-Signalweg durch einen bisher unbekannten Faktor benötigt. Es wurde gezeigt, dass die MAP-Kinase p38 und das p38-Interacting Protein (p38-IP) essentiell für die Regulation des E-cadherin Proteins sind. Das Zusammenspiel der FGF/Snail und der NIK/p38/p38-IP abhängigen E-Cadherin Regulation trägt zu einem normalen Ablauf der EMT bei und ermöglicht somit die Mesodermmigration während späteren der Mausmorphogenese (Zohn et al., 2006).

In *Drosophila* erfolgt während der frühen Mesoderm-Morphogenese ebenfalls die Aktivierung einer MAP-Kinase, allerdings in Abhängigkeit zur *htl* Expression (Cobb und Goldsmith 1995; Seger et al., 1992). Bisher ist nicht bekannt, ob die Aktivierung der MAP-Kinase während der Mesoderm-Morphogenese in *Drosophila* eine direkte oder eine indirekte Antwort auf das Htl Signal ist und es bleibt zu klären, ob sie Einfluss auf die EMT hat. Um die Interaktion mit dem Htl Signalweg und die Rolle während des EMT zu untersuchen, könnte z.B. die MAP Kinase Aktivierung in *htl stg* mutanten Embryonen analysiert werden. Es wäre möglich, dass ein parallel zur FGF-vermittelten Signalkaskade verlaufender Signalweg, wie im Beispiel des NIK-Signalwegs, die EMT reguliert.

4.2.1 Die Funktion von Pbl in Hinblick auf den Htl-Signalweg während der EMT

Wie bereits erwähnt, wird die Mesodermwanderung in *Drosophila* durch die Aktivität des FGF-Rezeptors Heartless (Htl) und des Guanin-Nukleotid-Austauschfaktor Pebble (Pbl) kontrolliert (Beiman et al., 1996; Gisselbrecht et al., 1996; Schumacher et al., 2004). Bisher ist jedoch unklar, ob der Pbl-Signalweg "downstream" oder parallel zur FGF-Signalkaskade verläuft. Ein solcher Signalweg könnte sich beispielsweise durch verschiedene Adaptorproteine "downstream" des aktivierten

FGF-Rezeptors abzweigen. In diesem Zusammenhang könnte Pbl eine Schlüsselfunktion spielen.

Das Pbl Protein wird im Mesoderm expremiert und wurde bereits in einem genetischen Screen als wichtige Komponente der Mesoderm-Migration identifiziert (Gryzik und Müller, 2004). Interessanterweise werden sowohl Htl als auch Pbl, zur Herstellung des Kontaktes der invaginierten Mesodermzellen zum Ektoderm in Phase 1 der Mesodermmigration benötigt. Daher erschien es möglich, dass Pbl ebenfalls zur Regulation des EMT beiträgt und funktionell downstream vom FGF Rezeptor agiert. In diesem Fall würde man in *pbl* mutanten Embryonen einen ähnlichen Verlauf der EMT während der Mesoderm-Morphogenese wie in htl Mutanten erwarten. Nun ist Pbl nicht nur für die Htl abhängige Mesodermmigration notwendig, sondern ebenfalls für die Zytokinese bei der Zellteilung. Somit besteht die Möglichkeit, dass die putative Funktion von Pbl für EMT in Abhängigkeit zur Zytokinese steht und unabhängig von seiner Funktion in der Zellmigration sein könnte. Die Untersuchungen an *pbl* und *pbl stg* mutanten Embryonen weisen allerdings darauf hin, dass Pbl nicht für den Verlust von adhäsiven Zellkontakten während des EMT erforderlich ist und die ZA in *pbl* Mutanten, wie im Wildtyp, negativ reguliert wird. Somit liegt die Vermutung nahe, dass Pbl nicht für die Funktion des FGF- Signalwegs während der EMT benötigt wird und Htl somit unabhängig von Pbl während der EMT agiert.

4.2.2 Misexpressions-Screen zur Identifizierung neuer Gene, die die frühe Mesoderm-Morphogenese regulieren

Die Identifizierung von an Entwicklungsprozessen beteiligten Genen kann in *Drosophila melanogaster* durch unterschiedliche Ansätze erfolgen. Bei genetischen Ansätzen werden Genfunktionen durch Mutationen ausgeschaltet oder hyperaktiviert und auf der Basis des entstandenen Phänotyps Rückschlüsse auf die normale Funktion des Gens während der Entwicklung gezogen. Der in dieser Arbeit verwendete genetische Ansatz hat sich als schnelle und effektive Methode bewährt, um Regulatoren der frühen Embryonalentwicklung von *Drosophila melanogaster* zu suchen.

Um zu untersuchen, welche weiteren potentiellen Komponenten eine wichtige Funktion während der EMT übernehmen und möglicherweise downstream des FGF-

vermittelten Signalweges involviert sind, wurde ein EP vermittelter Überexpressions-Screen durchgeführt der in dieser Arbeit beschrieben wird. Die Methode der systematischem Überexpression von Genen hat sich in den letzten Jahren als ein sehr nützliches Werkzeug erweisen, um genetische Interaktionen in biologischen Prozessen zu studieren (Brand und Perrimon, 1993; Rorth, 1996; Rorth et al., 1998;). In dieser Arbeit wurden eine Vielzahl von bekannten als auch unbeschriebenen Genen identifiziert, bei denen die durch *twi::Gal4*-induzierte Fehlexpression Letalität in der Nachkommenschaft erzeugte. Aufgrund der häufigen Mehrfachverwendung von Proteinen bei Zellmigrationsprozessen in unterschiedlichen Geweben, konnte auch Gene identifiziert werden, die normalerweise nicht im Mesoderm expremiert werden, welche aber bei der Fehlexpression mit Faktoren und Prozessen der Mesoderm-Morphogenese in Wechselwirkung traten. Nichts desto trotz können diese Kandidaten Rückschlüsse auf die generellen Faktoren liefern, die für die Mesoderm-Morphogenese wichtig sein könnten.

In dieser Arbeit wurden speziell diejenigen Kandidatengene näher analysiert, deren Überexpression einen Defekt im frühen Embryo erzeugten. Kandidaten, die in späteren Stadien zu Letalität führen, wurden hingegen nicht berücksichtigt. Letztendlich konnten 4 neue Kandidatengene identifiziert werden, deren Überexpression Defekte in der frühen Mesoderm-Morphogenese bewirken. Bei den restlichen Kandidaten konnten entweder nur sehr schwache oder keine Abnormalitäten, die auf inkorrekte frühe Mesoderm-Morphogenese eine zurückzuführen sind, detektiert werden. Im Folgenden werden potentielle Funktionen der 4 Kandidatengene diskutiert.

EP(2)2607

EP(2)2607-Expression mit der *twist::Gal4* Treiberlinie erzeugt einen Überexpressions-Phänotyp, der die frühe Mesoderm-Morphogenese betrifft. Die EP-Insertion erfolgte in der Nähe des Gens *wunen2. Wunen2* ist für die Keimbahnentwicklung in *Drosophila* erforderlich (Hanyu-Nakamura et al., 2004). Interessanterweise sind sowohl *wunen2* als auch das Nachbargen *wunen* in somatischen Zellen erforderlich, um die Migration der Keimzellen während der Entwicklung zu steuern (Lehmann, 2005). Somit sind sie Regulatoren der Zellmigration und man könnte erwarten, dass eine Überexpression dieser Gene zu

dem im frühen Mesoderm beobachteten Migrations-Phänotyp führt. Um zu verifizieren, ob EP(2)2607 tatsächlich zur ektopischen Expression von wunen oder wunen2 und nicht eines Nachbargens führt, wurde ein Kontrollexperiment durchgeführt. In diesem Kontrollexperiment wurde eine UAS-Linie verwendet, die die gezielte Expression von wunen2 ermöglicht. Dabei zeigte sich, dass durch eine Überexpression mit Hilfe von UAS:: wunen2 keine Defekte der Mesoderm-Morphogenese erzeugt wurden. Somit liegt die Vermutung nahe, dass die EP-Linie EP(2)2607 die Expression eines Gens bewirkt das nicht mit wunen2 identisch ist. Um herauszufinden, um welches Gen es sich dabei handelt, könnte zunächst anhand der genomischen Lokalisierung der EP-Linie EP(2) 2607 herausgefunden werden, welches Gen dem EP Element am nächsten liegt und dementsprechend durch das EP Element ektopisch expremiert werden könnte. Die potentiellen Kandidatengene sollten anschließend in einen UAS-Vektor kloniert werden, um transgene Fliegen zu erzeugen, die es ermöglichen die Funktion des Kandidatengens für die Mesoderm-Morphogenese durch gezielte Überexpression der einzelnen Gene zu analysieren. Ein potentieller Kandidat könnte wunen1 sein, der sich in Nachbarschaft der EP Insertion befindet, wie oben diskutiert.

EP(2)2374

Überexpression durch die EP Linie EP(2)2374 erzeugt einen starken Mesoderm-Morphogenesedefekt. Dieser Defekt wird wahrscheinlich durch Expression des potentiellen **EP-Zielgens** longitudinals lacking (lola) hervorgerufen. da Überexpression weiterer EP-Insertionslinien (EP(2)2398, EP(2)2374, EP(2)2636, und EP(2) 2396) die dem Gen lola zugeordnet werden, ebenfalls zu embryonaler Letalität und starken Mesoderm-Defekten führen. Iola ist bekannt als Transkriptionsfaktor, der für die längs verlaufende Ausbreitung der Axone im zentralen Nervensystem von Drosophila erforderlich ist (Ginger et al., 1994; Madden et al., 1999; Goecke et al., 2003; Crowner et al., 2002). Bei der Entwicklung des Nervensystems senden einzelne Nervenzellen dazu Axone aus, die ihre jeweiligen Kommunikationspartner über teilweise sehr große Distanzen finden müssen. Die Orientierung der Axone wird während der Embryogenese durch eine Kombination von Faktoren, in der Regel Proteine, reguliert, die sich auf der Oberfläche anderer Zellen entlang des Weges zum Ziel hin bilden. Es wäre daher vorstellbar, dass lola in der frühen Embryogenese

primär eine Funktion in der Mesoderm-Morphogenese hat, bevor es sich in der weiteren Entwicklung am Aufbau des ZNS beteiligt ist.

EP (2)2028

Der stärkste Mesoderm-Morphogenese Defekt, der in dieser Arbeit identifiziert wurde wird durch Fehlexpression mit Hilfe der Linie EP (2)2028 hervorgerufen. Die EP-Insertion lokalisiert in der Nähe des Gens gartenzwerg (garz). Es gibt einen Hinweis darauf, dass der Drosophila ArfGEF (Guanyl-Exchange Faktor) Gartenzwerg für die Herz- und Muskelentwicklung benötigt wird (Wang, 2006), was sich bei der Überexpression dieses Gens auch durch die geringe Anzahl von Eve-positven Herzvorläuferzellen bemerkbar machte. Statt 22 positiven Hemisegmenten wurden im Durchschnitt nur 7 gezählt. Interessanterweise ist Htl ebenfalls an der Herzmuskelentwicklung beteiligt, und htl Mutanten zeigen einen ähnlichen Phänotyp im Bezug auf die Herzvorläuferzellen wie garz Mutanten. Auf Grund des jeweiligen mutanten Phänotyps kann man postulieren, dass garz downstream von Htl liegen könnte und Htl als negativer Regulator von garz fungiert. Diese Hypothese könnte man testen indem man die genetische Interaktion von *htl* und *garz* durch Erzeugung von Doppelmutanten untersucht. Man würde erwarten, dass der htl Phänotyp eventuell durch eine niedrigeren Level an garz Genprodukt modifiziert/verbessert wird, falls Htl und garz tatsächlich im gleichen Signalweg liegen und garz sich downstream von Htl befindet.

Generell ließe sich die genetische Interaktion der Kandidatengene mit dem Htl und/oder dem Pbl Signalweg durch einen Modifizierungsscreen an Hand des *Drosophila* Auges zeigen. Das *Drosophila* Auge besteht aus 800 Omatidien, die in einer invarianten Anordnung das Komplexauge bilden. Interessanterweise führt die ektopische Expression einer Proteindomäne von Pbl, der DH-PH Domäne, zu einer starken Verkleinerung des Komplexauges. Dieser Phänotyp wird durch Änderung der Gendosis von putativen Regulatoren der Mesoderm-Morphogenese modifiziert (A. van Impel, persönliche Mitteilung). Somit ließe sich die genetische Interaktion der Kandidatengene mit dem Pbl Signalweg durch gleichzeitige Expression der DH-PH Domäne und der EP Linie testen. Durch diesen Ansatz konnten bereits erste Evidenzen für eine genetische Interaktion der EP Linie, die wahrscheinlich die Expression des *gartenzwerg* Gens treibt, mit dem Pbl Signalweg gezeigt werden (A. van Impel, persönliche Kommunikation). Eine ähnliche Modifikation des PbI-DH-PH induzierten Augenphänotyps konnte durch gleichzeitige Expression der Kandidaten-Linie EP(2)627 erreicht werden. Somit stellt dieser genetische Ansatz eine gute Möglichkeit dar, die Interaktion aller gefundenen EP Linien mit PbI zu testen. Um allerdings zu testen, ob die Kandidaten-Gene auch tatsächlich mit PbI während der Mesoderm-Morphogenese interagieren, müssten Studien auf morphologischer und zellulärer Ebene im Embryo durchgeführt werden. Dazu lassen sich unter anderem die zellulären und ultrastrukturellen Marker verwenden, die in dieser Arbeit beschrieben wurden.

5. Zusammenfassung

Der Epithel-Mesenchym-Übergang ist ein wichtiger Prozess für die normale Entwicklung eines Organismus. Dieser Prozess muss während der Entwicklung präzise reguliert sein, um die Differenzierung zu Zellen und Geweben mit bestimmter Funktion zu ermöglichen.

Die Mesodermwanderung in Drosophila melanogaster wird durch die Aktivität des FGF-Rezeptors Heartless (Htl) und des Guanyl-Austausch-Faktors Pebble (Pbl) kontrolliert. Im Rahmen dieser Arbeit wurde untersucht, ob diese beiden Faktoren auch im Epithel-Mesenchym-Übergang während der Mesoderm-Morphogenese eine zentrale Rolle spielen. Die Identifizieruna frühen von Entwicklungsprozessen beteiligten Genen kann in Drosophila durch unterschiedliche Ansätze erfolgen. Bei genetischen Ansätzen werden Genfunktionen durch Mutationen ausgeschaltet und auf der Basis des entstandenen Phänotyps Rückschlüsse auf die normale Funktion des Gens in der Entwicklung gezogen.

In *Drosophila* bildet sich das Mesoderm aus einer ventralen Population von Zellen im einzelschichtigen Blastodermepithel. Der Prozess der Mesoderm-Morphogenese beinhaltet komplexe morphologische Abläufe, wie Zellkoordination, den Wandel von epithelialen zum mesenchymalen Zellcharakter und die Zellmigration. Gleichzeitig kommt es dabei auch zu ersten mitotischen Zellteilung nach der Gastrulation. Die Ergebnisse dieser Arbeit zeigen, dass die Mitose allein den Verlauf der EMT während der Mesoderm-Morphogenese nicht beeinflusst. Daraus lässt sich schließen, dass weitere Faktoren für den Verlust der epithelialen Charakteristika und zur Erlangung des mesenchymalen Charakters notwendig sein müssen.

Anhand der durchgeführten Experimente konnte gezeigt werden, dass Htl, vorausgehend zur mesodermalen Zellmigration, eine wichtige Funktion während der EMT einnimmt. Die durchgeführten Untersuchungen auf zellulärer Ebene weisen darauf hin, dass sowohl der FGF vermittelte Signalweg, als auch Mitosen die Cadherin Lokalisation während der Mesoderm-Morphogenese regulieren. Die vorliegende Arbeit zeigt Evidenzen dafür, dass zwei Signalwege Schlüsselfunktionen bei der Regulation von *D*E-Cadherin während der EMT spielen: Zum einen die transkriptionelle Regulation von *D*E-Cadherin durch den Transkriptionsfaktor Snail, zum anderen die Regulation der Zellpolarität in Abhängigkeit von der FGF-Signalkaskade und des mitotischen Programms.

Desweiteren konnte gezeigt werden, dass die Aktivität von Pbl nicht für den Verlust des epithelialen Zellcharakters während der EMT erforderlich ist. Außerdem wurde festgestellt, dass Pbl, anders als Htl, nicht mit dem mitotischen Programm interagiert, um die EMT zu steuern. Somit präsentiert diese Arbeit eine Htl vermittelnde intrazelluläre Signalkaskade, die in den Mesodermzellen während des Übergangs vom epithelialen zur mesenchymalen Morphologie agiert.

Im Rahmen dieser Arbeit wurde auch ein Überexpressions-Screen durchgeführt, der neue Regulatoren identifizierte, die an der Mesoderm-Morphogenese beteiligt sind und potentielle Faktoren in der Signaltransduktionskette zur Regulation der EMT darstellen. Die Ergebnisse dieser Arbeit helfen dabei, die Vorgänge während der EMT-Regulation im Modellsystem *Drosophila melanogaster* und, übergreifend betrachtet, auch in anderen Organismen besser zu verstehen.

5.1 Summary

Epithelial to mesenchymal transition (EMT) is extremely important for normal embryonic development. In addition, these transitions are also important in wound healing, and tumor cells that develop from epithelial cells must transform into motile cells in order to metastasize. In this PhD thesis, the Drosophila embryo was used as a simple model system to investigate the genetic control of EMT during gastrulation. After internalization through the ventral furrow, the embryonic mesoderm cells loose their epithelial junctions, undergo mitosis, adhere and migrate on the basal surface of the ectodermal cells until they form a monolayer. Although the loss of epithelial characteristics might be a consequence of mitosis, embryos homozygously mutant for string (stg.) in which mitosis is blocked, undergo normal EMT. Therefore, a second mechanism independent of the mitotic program has to be responsible for the loss of epithelial characteristics. This work shows that embryos doubly mutant for the heartless (htl)-FGF-(fibroblast-growth-factor) receptor and stg fail to undergo normal EMT. In htl stg double mutant embryos, the mesoderm cells maintain their epithelial monolayer configuration long after internalization. Thus, Htl is required for EMT prior to its previously described function for mesodermal cell migration. To analyze EMT on the cellular level, the distribution of the epithial adherens junction marker DE-Cadherin was studied. This work shows that the FGF pathway and the mitotic program redundantly regulate DE-Cadherin localization during EMT. To investigate how altered DE-Cadherin localization in htl stq mutants affects regulation of the Zonula Adherence (ZA), electron microscopy was performed. These studies reveal that the ZA is still present in late stages of *htl stg* mutants further supporting the model that Htl and the mitotic program is necessary for downregulation of epithelial characteristics during wildtype EMT. Further more, this work presents two pathways which might regulate DE-Cadherin downstream of the FGF-pathway and the mitotic program: 1) the transcriptional regulation of DE-Cadherin by snail and 2) the regulation of cell polarity.

The *Drosophila* Rho-guanine-nucleotide exchange factor GEF Pebble (Pbl) is required for Htl dependent mesoderm migration. However, this work shows that Pbl is not required in combination with mitosis to regulate epithelial characteristics during EMT. These findings suggest that Htl regulates EMT via other downstream players. To identify such novel genes required for EMT and/or mesoderm morphogenesis in general, a gain-of-function screen was performed and the results are presented in this work. Several candidate fly lines were identified in the screen that might regulate mesoderm morphogenesis. The phenotypes of 4 candidate lines that affect early mesoderm morphogenesis were further analyzed. The genetic analysis of these lines and the networks controlling EMT will help to elucidate mechanisms of embryonic mesoderm formation.

97

6. Literaturverzeichnis

Bachmann, A.; Schneider, M.; Theilenberg, E.; Grawe, F. and Knust, E. 2001: "*Drosophila* Stardust is a partner of Crumbs in the control of epithelial cell polarity" *Nature* **414** (6864) 638-43

Bachmann, A.; Timmer, M.; Sierralta, J.; Pietrini, G.; Gundelfinger, E. D.; Knust, E. and Thomas, U. 2004: "Cell type-specific recruitment of Drosophila Lin-7 to distinct MAGUK-based protein complexes defines novel roles for Sdt and Dlg-S97" *J Cell Sci* **117** (Pt 10) 1899-909

Battersby, A.; Csiszar, A.; Leptin, M. and Wilson, R. 2003: "Isolation of proteins that interact with the signal transduction molecule Dof and identification of a functional domain conserved between Dof and vertebrate BCAP" *J Mol Biol* **329**, 479-93

Beiman, M.; Shilo, B. Z. and Volk, T. 1996: "Heartless, a *Drosophila* FGF receptor homolog, is essential for cell migration and establishment of several mesodermal lineages" *Genes Dev* **10**, 2993-3002

Bilder, D. 2001: "PDZ proteins and polarity: functions from the fly" *Trends Genet* **17** (9) 511-9 Sep

Bilder, D.; Perrimon, N. 2000: "Localization of apical epithelial determinants by the basolateral PDZ protein Scribble" *Nature* **403** (6770) 676-80

Campos-Ortega, J. A. and Hartenstein, V. 1997: "The embryonic development of *Drosophila melanogaster*" Springer Verlag, Berlin, Heidelberg

Cano, A.; Perez-Moreno, M.A.; Rodrigo, I.; Blanco, M.J.; del Barrio, M.G. and Nieto, M.A. 2000: "The transcription factor snail controls epithelial-mesenchymal-transitions by repressing E-cadherin expression" *Nat Cell Biol* **2**, 76-83

Carver, E.A.; Jiang, R.; Lan, Y.; Oram, K.F. and Gridley, T. 2001: "The mouse snail gene encodes a key regulator of the epithelial-mesenchymal-transition" *Mol Cell Biol* **21**, 8184-8188

Costa, M.; Sweeton, D. and Wieschaus, E. 1993: "Gastrulation in *Drosophila*: Cellular mechanisms of morphogenetics movements" *Cold Spring Harbor Laboratory, NY; Cold spring Harbor Laboratory Press*

Drubin, D. G. and Nelson, W. J. 1996: "Origins of cell polarity" Cell 84 (3) 335-44

Eaton, S. and Simons, K. 1995: "Apical, basal, and lateral cues for epithelial polarization" *Cell* 82 (1) 5-8 Jul 14

Edgar, B. A. and O'Farrell, P. H. 1990: "The three postblastoderm cell cycles of *Drosophila* embryogenesis are regulated in G2 by string" *Cell* **62**, 469-80

Frasch, M. 1995: "Induction of visceral and cardiac mesoderm by ectodermal Dpp in the early *Drosophila* embryo" *Nature* **374**, 464-7

Frasch, M. 1999: "Intersecting signalling and transcriptional pathways in Drosophila heart specification" *Semin Cell Dev Biol* **10**, 61-71

Gisselbrecht, S.; Skeath, J.B.; Doe, C. Q. und Michelson, A. M. 1996: "*heartless* encodes a fibroblast growth receptor (DFR1/DFGF-R2) involved in the directional migration of early mesodermal cells in the *Drosophila* embryo" *Genes Dev* **10**, 3003-17

Grawe, F.; Wodarz, A.; Lee, B.; Knust, E. and Skaer, H. 1996: "The Drosophila genes crumbs and stardust are involved in the biogenesis of adherens junctions" *Development* **122**, 951-9

Gryzik, T. and Müller, H.A. 2004: "FGF8-like1 and FGF-8-like2 encode putative ligands of the FGF receptor Htl and are require for mesoderm migration in the *Drosophila* gastrula" *Curr Biol* **14**, 659-67

Harris, T. J and Peifer, M. 2004: "Adherens junction-dependent and -independent steps in the establishment of epithelial cell polarity in Drosophila" *J Cell Biol* **167**, 135-47

Hong, Y.; Stronach, B.; Perrimon, N.; Jan, L. Y. and Jan, Y. N. 2001: "Drosophila Stardust interacts with Crumbs to control polarity of epithelia but not neuroblasts" *Nature* **414**, 634-8

Hutterer, A.; Betschinger, J.; Petronczki, M. and Knoblich, J. A. 2004: "Sequential roles of Cdc42, Par-6, aPKC, and Lgl in the establishment of epithelial polarity during Drosophila embryogenesis" *Dev Cell* **6**, 845-54

Imam, F.; Sutherland, D.; Huang, W. and Krasnow, M.A. 1999: "stumps, a Drosophila gene required for fibroblast growth factor (FGF-)directed migrations, of tracheal and mesodermal cells" *Genetics* **152**, 307-318

Ip, Y. T.; Park, R. E.; Kosman, D.; Yazdanbakhsh, K. and Levine, M. 1992: "Dorsal-twist interactions establish snail expression in the presumptive mesoderm of the *Drosophila* embryo" *Genes Dev* **6**, 1518-30

Janda, E. and Lehmann K. 2002: "Ras and TGFß cooperatively regulate epithelial cell plasticity and metastasis: dissection of Ras signaling pathways" *The Journal of Cell Biology* **156** (2), 299-314

Katoh, M. 2006: "Cross-talk of WNT and FGF Signaling Pathways at GSK3beta to Regulate beta-Catenin and SNAIL Signaling Cascades" *Cancer Biol Ther*, (5)

Klein, T., Martinez Arias, A. 1999: "The vestigial gene product provides a molecular context for the interpretation of signals during the development of the wing in

Drosophila" Development 126, 913-925

Knust, E. and Müller, H. 1998: "*Drosophila* morphogenesis: orchestrating cell rearrangements" *Curr Biol* **8**, R853-5

Knust, E.; Bossinger, O. 2002: "Composition and formation of intercellular junctions in epithelial cells" *Science* **298** (5600) 1955-9

Kramps, T.; Peter, O.; Brunner, E.; Nellen, D.; Froesch, B.; Chatterjee, S.; Murone, M.; Zullig, S., and Basler, B. 2002: "Wnt/wingless signaling requires BCL9/legless-mediated recruitment of pygopus to the nuclear beta-catenin-TCF complex" *Cell* **109**, 47–60

Kuchinke, U; Grawe, F. and Knust, E. 1998: "Control of spindle orientation in Drosophila by the PAR-3 –related PDZ-domain protein Bazooka" *Curr Biol* **8**, 1357-65

Larue, L. and Bellacossa, A. 2005: "Epithelial-mesenchymal transition in development and cancer: role of phosphatidylinositol 3` kinase/AKT pathways" *Oncogene* **24**, 7443-7454

Lawrence, P. A., Sanson, B. and Vincent, J. P 1996: "Compartments, wingless and engrailed: patterning the ventral epidermis of Drosophila embryos" *Development* **122**, 4095-4103

Leptin, M and Grunewald, B. 1990: "Cell shape changes during gastrulation in *Drosophila*" *Development* **110**, 73-84

Leptin, M. 1991: "*twist* and *snail* as positive and negative regulators during *Drosophila* mesoderm development" *Genes Dev* **5**, 1568-76

Lin, X; Buff, E.M.; Perrimon, N. and Michelson, A. M. 1999: "Heparan sulfate proteoglycans are essential for FGF receptor signaling during *Drosophila* embryonic development" *Development* **126**, 3715-23

McCartney, B. M. 1999: "Drosophila APC2 is a cytoskeletally-associated protein that regulates wingless signaling in the embryonic epidermis" *J. Cell Biol.* **146**, 1303-18

Michelson, A. M.; Gisselbrecht, S.; Zhoun, Y.; Baek, K.H. and Buff, E. M. 1998: "Dual functions of the *heartless* fibroblast growth factor in development of the *Drosophila* embryonic mesoderm" *Dev Genet* **22**, 212-29

Müller, H. A.; Wieschaus, E. 1996: "armadillo, bazooka, and stardust are critical for early stages in formation of the zonula adherens and maintenance of the polarized blastoderm epithelium in *Drosophila*" *J Cell Biol* **134** (1) 149-63

Müller, H.-A. J.; Samanta, R. and Wieschaus, E. 1999: "Wingless signaling in the *Drosophila* embryo: zygotic requirements and the role of the *frizzled* genes" *Development* **126**, 577-86

Nieto, M. A. 2002: "The snail superfamily of zinc-finger transcription factors" *Nature Reviews Mol Cell* **3**, 155-166

Oda, H.; Tsukita, S. and Takeichi, M. 1998: "Dynamic behavior of the cadherinbased cell-cell adhesion system during *Drosophila* gastrulation" *Dev Biol* **203**, 435-50

Oda, H.; Uemura, T.; Harada, Y.; Iwai, Y.; Takeichi, M. 1994: "A *Drosophila* homolog of cadherin associated with armadillo and essential for embryonic cell-cell adhesion" *Dev Biol* **165** (2) 716-26

Pecina-Slaus, N. 2003: "Tumor suppressor gene E-cadherin and its role in normal and malignant cells" *Cancer Cell International* **3**:17

Petit, V.; Nussbaumer, U.; Dossenbach, C. and Affolter, M. 2004: "Downstreamof-FGFR is a fibroblast growth factor-specific scaffolding protein and recruits Corkscrew upon receptor activation" *Mol Cell Biol* **24**, 3769-81

Provost, E. and Rimm, D.L. 1999: "Controversies at the cytoplasmic face of the cadherin-based adhesion complex". *Curr.Opin.Cell Biol.* **11**, 567-572

Radisky, D. C. 2005: "Epithelial-mesenchymal transition" *Journal of Cell Science* 118, 4325-4326

Santos, A. C. and Lehmann, R. 2004: "Germ cell specification and migration in *Drosophila* and beyond" *Curr Biol* **14**, R578-89

Saxton, T. M. and Pawson, T. 1999: "Morphogenetic movements at gastrulation require the SH2 tyrosine phosphatase Shp2" *Proc Natl Acad Sci U S A* **96**, 3790-5

Schumacher, S.; Gryzik, T.; Tannebaum, S. and Müller, H. A. 2004: "The RhoGEF Pebble is required for cell shape changes during cell migration triggered by the *Drosophila* FGF receptor Heartless" *Development* **131**, 2631-40

Shishido, E.; Ono, N.; Kojima, T. and Saigo, K. 1997: "Requirements of DFR1/Heartless, a mesoderm-specific *Drosophila* FGF-receptor, for the formation of heart, visceral and somatic muscles, and ensheathing of longitudinal axon tracts in CNS" *Development* **124**, 2119-28

Staehling, H. K.; Hoffmann, F. M.; Baylies, M. K.; Rushton, E. and Bate, M. 1994: *"dpp* induces mesodermal gene expression in *Drosophila" Nature* 372, 783-6

Steinberg, MS and McNutt, PM 1999: "Cadherins and their connections: adhesion junctions have broader functions". *Curr Opin Cell Biol* **11**, 554–560

Sutherland, D.; Samakovlis, C. and Krasnow, M. A. 1996: *Branchless* encodes a *Drosophila* FGF homolog that controls tracheal cell migration and the pattern of branching" *Cell* 87, 1091-101

Tanentzapf, G.; Tepass, U. 2003: "Interactions between the crumbs, lethal giant

larvae and bazooka pathways in epithelial polarization" Nat Cell Biol 5 (1) 46-52

Tepass, U. 1996: "Crumbs, a component of the apical membrane, is required for zonula adherens formation in primary epithelia of *Drosophila*" *Dev Biol* **177** (1) 217-25

Tepass, U. 1999: "Genetic analysis of cadherin function in animal morphogenesis"

Curr Opin Cell Biol 11 (5) 540-8 Oct

Tepass, U.; Hartenstein, V. 1994: "Epithelium formation in the *Drosophila* midgut depends on the interaction of endoderm and mesoderm" *Development* **120** (3) 579-90

Tepass, U.; Hartenstein, V. 1994: "The development of cellular junctions in the *Drosophila* embryo" *Dev Biol* **161** (2) 563-96

Tepass, U.; Theres, C. and Knust, E. 1990: "crumbs encodes an EGF-like protein expressed on apical membranes of Drosophila epithelial cells and required for organization of epithelia" *Cell* **61**, 787-99

Thiery, J. 2003.: "Epithelial-mesenchymal transitions in development and pathologies" *Curr. Opin. Cell Biol.* **15**, 740-746

Vincent, S.; Wilson, R.; Coelho, C.; Affolter, M. and Leptin, M. 1998: "The *Drosophila* protein Dof is specifically required for FGF signaling" *Mol Cell* **2**, 515-25

von Stein, W.; Ramrath, A.; Grimm, A.; Muller-Borg, M.; Wodarz, A. 2005: "Direct association of Bazooka/PAR-3 with the lipid phosphatase PTEN reveals a link between the PAR/aPKC complex and phosphoinositide signaling" *Development* **132** (7) 1675-86

Weis, W. I. and Nelson, W. J. 2006: "Re-solving the Cadherin-Catenin-Actin Conundrum" *J. Biol. Chem* 281, 35593-35597

Wilson, R. and Leptin, M. 2000: "Fibroblast growth factor receptor-dependent morphogenesis of the *Drosophila* mesoderm" *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 355, 891-5

Wilson, R.; Battersby, A.; Csiszar, A.; Vogelsang, E. and Leptin, M. 2004a: "A functional domain of Dof that is required for fibroblast growth factor signaling" *Mol Cell Biol* **24**, 2263-76

Wilson, R.; Battersby, A.; Csiszar, A.; Vogelsang, E. and Leptin, M. 2004a: "A functional domain of Dof that is required for fibroblast growth factor signaling" *Mol Cell Biol* **24**, 2263-76

Wilson, R.; Vogelsang, E. and Leptin, M. 2004b: "FGF signaling and the mechanism of mesoderm spreading in *Drosophila* embryos" *Development* **132**, 491-501

Wodarz, A. and Nusse, R. 1998: "Mechanisms of Wnt signalling in development" Annu Rev Cell Dev Biol 14, 59-88

Wodarz, A.; Grawe, F.; Knust, E. 1993: "CRUMBS is involved in the control of apical protein targeting during *Drosophila* epithelial development" *Mech Dev* 44 (2-3) 175-87

Wu, X.; Golden, K. and Bodmer, R. 1995: "Heart development in *Drosophila* requires the segment polarity gene *wingless*" *Dev Biol* **169**, 619-28

Yang, Z.; Zhang, H. and Kumar, R. 2005: "Regulation of E-cadherin" *Breast Cancer Online* 8 (3)

Yap, AS; Brieher, WM and Gumbiner BM 1997: "Molecular and functional analysis of cadherin-based adherens junctions". *Annu Rev Cell Dev Biol* **13**, 119–146

Yook, J.I.; Li, Ichiro, X.Y. and Stephen J. Weiss 2005: "Wnt-dependent regulation of the E-cadherin repressor snail" *J. Biol. Chem* **10**,1074

Zohn, I.; Yingqiu, L.; Skoinik, E.; Anderson, K.; Han, J. and Niswander, L. 2006: "p38 and a p38-Interacting Protein are critical for downregulation of E-Cadherin during mouse gastrulation" *Cell* **125**, 957-969
7. Anhang

7.1 Sequenzen

Ansequenzierung von Snail

CGCCAAGCTATTTAGGTGACACTATAGAATACTCAAGCTATGCATCAAGCTTGGTACCGA	60
GCTCGGATCCACTAGTAACGGCCGCCAGTGTGCTGGAATTCGCCCTT <mark>GGCCGCCAACTAC</mark>	120
AAAAGCTGCCCGCTAAAGAAGCGCCCCATTGTCTTCGTGGAGGAGCGTCTGCCACAAACG	180
GAGGCCTTGGCCCTGACCAAGGACTCACAGTTTGCCCAGGATCAGCCGCAGGATCTATCC	240
CTGAAACGGGGTCGCGACGAGGAGACCCAGGATTATCAGCAGCCGGAACCGAAACGTGAC	300
TATGTGCTGAACCTTTCAAAAACACCGGAAAGGAACTCCAGCTCTAGCTCCAACTCCTGC	360
CTGCTGTCGCCGCCAGTGGAGGCCCAGGATTACCTGCCCACCGAAATCCATATGCGTGGA	420
CTAACGGCGGGAACAACGGGATATACCACCGCCACCCCCACCACGATTAATCCCTTCCAG	480
TCCGCCTTTGTGATGGCCGCCGGTTGCAATCCGATCTCTGCCCTGTGGAGCAGCTATCAG	540
CCCCATCTGGCCGCCTTCCCCTCGCCAGCCAGCTCGATGGCCTCGCCCCAGTCGGTCTAC	600
AGCTACCAGCAGATGACGCCGCCCTCCAGCCCCGGATCCGATCTGGAAACCGGTTCCGAG	660
CCAGAGGATCTTTCAGTGCGAAATGACATCCCACTGCCGGCTCTGTTCCACCTTTTCGAT	720
GAGGCCAAGTCCAGCAGCGGTGCCAGTGTAAGCAGCTCATCGGGATACTCCTACACT	780
CCGGCCATGAGTGCCTCGTCGGCGAGTGTTGCCGCCAATCATGCCAAAACTACCGCTTCA	840
GTGCGACGAGTGCAGAGNNKACTCCACCTCGATGGGCCTGTCNANCNCGTNAGTTCACTG	900
CCNGCNGCNGANNTATCAGGA	922

Anhang 1: Die durch TOPO klonierte cDNA von *Snail* hat eine Länge von 1,2 kb. Bei der Ansequenzierung wurden 922 bp durchsequenziert (Hot shot). Die Sequenzen zeigten, dass Snail in Richtung 3´ \rightarrow 5` im TOPO-Vektor liegt (Reverse-Primer ist rot markiert).

7.2 Abkürzungen

α	anti		
AS	Aminosäure		
Abb.	Abbildung		
ähnl.	ähnlich		
amp	Ampicillin		
Anz.	Anzahl		
AP	alkalische Phosphatase		
APS	Ammoniumpersulfat		
Bal.	Balancer-Chromosom		
Bez.	Bezeichnung		
bp	Basenpaare		
BSA	Rinderserumalbumin		
bzw.	beziehungsweise		
CDNA Chr	kodierende DNA		
Chr.	Chromosom Diagain also angialin		
DAB	Diaminobenzidin		
dest.			
DIG	Digoxygenin		
	Dimethylformamid		
DIVISO	Dimethylsulfoxia		
	Desoxyribonukieotid-i ripnosphat		
EDIA	Ethylendiamintetraacetat		
	Epitnelial-Mesenchymal Transition		
EtBr	Ethialumpromia		
EtOH	Ethanol		
genom.	genomisch		
n	Stunden		
KD	Kilo-Basenpaare		
кDa	KIIO-Dalton		
KONZ.	konzentriert		
LB-Medium	Luria Bertani Broth-Medium		
Lsg.			
m	$M_{a} = a_{a} b_{a} b} b_{a} b_{a} b_{a} b_{a} b_{a} b_{a} b_{a} b_{a} b_{a} b} b_{a} b_{a} b} b_{b} b_{b} b_{b} b} b_{b} b_{b} b_{b} b} b_{b} b_{b} b_{b} b_{b} b_{b} b} b_{b} b_{b} b} b_{b} b} b_{b} b} b_{b} b_{b} b} b_{b} b_{b} b} b b_{b} b_{b} b_{b} b} b_{b} b_{b} b} b_{b} b} b_{b} b b} b b b b $		
IVI 	Minuter (MOI/I)		
min	Minuten (10^{-6})		
μ			
MRNA	messenger-RNA		
n	nano(10°)		
	Optische Dichte		
PAGE	Polyacrylamid-Gelelektrophorese		
LR2			
	Naul-Losung		
PUK	Polymerase-Kettenreaktion		
pot.	potentiell		
Prom.	Promotor		

rpm RT SDS sec StLsg s.o. s.u. Tab. Tad TE TEMED Temp. U u.a. UV-Licht ü.N. V vgl. verm. Vol. wdh.	revolutions per minute Raumtemperatur Natriumdodecylsulfat Sekunden Stamm-Lösung siehe oben siehe unten Tabelle Thermophilus aquaticus Tris-EDTA Tetramethyl-Ethyldiamin Temperatur Unit unter anderem ultraviolettes Licht über Nacht Volt vergleiche vermutlich Volumen wiederholen	(Umdrehungen pro Minute)
Vol.	Volumen	
wdh.		
ZNS		
2.D. 		
Z.I. - 7t		
۷.۷۲.		

Danksagung

Diese Dissertation wurde im Institut für Genetik der Heinrich-Heine Universität Düsseldorf unter der Anleitung von Herrn Dr. H. Arno J. Müller angefertigt. Ihm möchte ich für die interessante Themenstellung, seine stetige Diskussionsbereitschaft und die Bereitstellung des Arbeitsplatzes danken.

Ebenfalls recht herzlich bedanken möchte ich mich bei Herrn Prof. Dr. Rüdiger Simon für die Übernahme des Gutachtens.

Ich möchte mich bei allen Mitarbeitern der AG Müller für die schöne Atmosphäre, die anregenden Diskussionen und den Zusammenhalt bedanken. Im Besonderen gilt mein Dank Thomas Kessler, Mirjana Kessler, Wibke Meyer, Annika Raupach, Thorsten Volkmann, Andreas van Impel und Anna Klingseisen, die mir immer mit Rat und Tat zur Seite standen.

Allen Mitarbeitern der AG Knust, AG Bossinger und AG Simon im Institut für Genetik gilt mein herzlichster Dank für die jahrelange Unterstützung und die tolle Arbeitsatmosphäre. Insbesondere möchte ich mich bei Ferdi Grawe für seine Hilfsbereitschaft im und auch außerhalb des Instituts bedanken.

Ebenfalls möchte ich mich bei allen meinen Freunden außerhalb des Labors bedanken, die neben der Promotion für viel Abwechslung gesorgt haben und immer für mich da waren.

Mein ausdrücklicher Dank gebührt meiner Familie, ganz besonders meinen Eltern, die mich während meiner gesamten Studienzeit und Promotion immer unterstützt haben.

Meinem Mann Andreas danke ich für seine Liebe, Unterstützung und Geduld, die er mir in den letzten Jahren hat zukommen lassen.

Erklärung:

Ich versichere, dass ich die von mir vorgelegte Dissertation eigenständig und ohne unerlaubte Hilfe angefertigt, die benutzten Quellen und Hilfsmittel vollständig angegeben und die Stellen der Arbeit, die anderen Werken im Wortlaut oder dem Sinn nach entnommen sind, in jedem Fall als Entlehnung kenntlich gemacht habe.

Die Dissertation wurde in der vorgelegten oder in ähnlicher Form noch bei keiner anderen Institution eingereicht. Ich habe bisher keine erfolglosen Promotionsversuche unternommen.

Die Bestimmungen der geltenden Promotionsordnung sind mir bekannt. Die von mir vorgelegte Dissertation ist von Herrn Prof. Dr. Rüdiger Simon und Herrn Dr. H. Arno J. Müller betreut worden.

Sirin Otte

Düsseldorf, November 2007