

## Funktionelle Heterogenität der ependymalen Gliazellen im adulten Zebrafisch-Telencephalon

**Antragsteller:**

Dr. Jovica Ninkovic  
Ludwig-Maximilians-Universität München  
Biomedizinisches Centrum München  
Physiologische Genomik

**Förderungszeitraum:**

Förderung seit 2017

**Projekt Beschreibung:**

Die ependymalen Gliazellen im Telencephalon des Zebrafischs stellen nicht nur die adulten neuralen Stammzellen dar, sondern erfüllen darüber hinaus weitere Funktionen der protoplasmatischen Astrozyten und des Ependyms im Säugetier, wie der Stoffwechselunterstützung oder der Umhüllung von Synapsen. Es konnte bis heute nicht geklärt werden, ob diese vielfältigen Funktionen von einer Zelle übernommen werden oder durch verschiedene Zellen unterschiedlicher Subpopulationen. Wir konnten mit Hilfe verschiedener Marker zwei unterschiedliche ependymale Gliazellpopulationen isolieren und somit ihr Transkriptom miteinander vergleichen. Die Ergebnisse der Transkriptomanalyse deuten darauf hin, dass eine Population neue Neurone generieren kann (neurogene, ependymale Gliazellen), wohingegen die andere Population die Eigenschaften von protoplasmatischen Astrozyten (gliogene, ependymale Gliazellen) widerspiegelt. Innerhalb dieser Forschungsförderung möchten wir diese beiden Populationen mittels Transkriptom- und Metabolomanalyse näher charakterisieren. Darüber hinaus wollen wir eine Abstammungsanalyse durchführen, mit der wir das Potential beider Populationen im intakten Gehirn charakterisieren und ihre funktionelle Relevanz anhand von Ablationsexperimenten bestimmen. Schließlich möchten wir die Herkunft dieser Zellen während der Entwicklung des Zebrafischgehirns analysieren und die molekularen Signalwege identifizieren, die diese beiden Populationen ausmachen. Innerhalb dieses Antrages möchten wir die einzigartigen Eigenschaften des Zebrafisch-Telencephalons, nämlich die Koexistenz der bona fide Gliazellen und der neuralen Stammzellen in derselben Nische, dazu nutzen, um Rückschlüsse auf die neuronalen und Gliazellen Abstammungen in Vertebraten zu ziehen, und die Grundlage für deren molekulare und zelluläre Analyse in Säugern zu schaffen.

**Quelle:**

<https://gepris.dfg.de/gepris/projekt/387481403>