

3 | 2021

VBio

Verband | Biologie, Biowissenschaften
& Biomedizin in Deutschland



ERNÄHRUNG

Fast Food schadet dem Embryo



MEDIZIN

mRNA-Impfstoffe



WOHNRAUM-BIOLOGIE

Schimmel in Gebäuden

BIOLOGIE

IN UNSERER ZEIT



Edmonds Urzeit

Online Karriere-Event virtual jobvector career day

Eventtage

- 23. September 2021
- 19. November 2021
- 14. Februar 2022
- 30. Juni 2022



Live-Vorträge ■ Workshops ■
Karriereberatung ■ Top-Arbeitgeber im Videocall

Jetzt kostenlos anmelden!

www.jobvector.de/karrieremesse



Neue Wege beschreiten

Liebe Leserin, lieber Leser,
Das Senckenberg Naturmuseum Frankfurt, eines der großen Forschungsmuseen Europas, feiert dieses Jahr 200. Geburtstag. Seit dem Gründungsjahr der Frankfurter Institution 1821 bis zur Mitte des 20. Jahrhunderts sind die musealen Darstellungsformen der Naturmuseen erstaunlich konstant geblieben. Die visuellen Paradigmen jedoch, mit denen die Forschungen und Objekte in den letzten Jahrzehnten interpretiert und dargestellt wurden, sind dagegen einem sehr dynamischen Wandel unterworfen.

Das Senckenberg Naturmuseum befindet sich mitten in einem Transformationsprozess. Die Themen des Museums werden aus den naturwissenschaftlichen Ansätzen und Fragen entwickelt. Sie treffen auf gesellschaftliche Fragestellungen und Interessen. Und noch mehr, sie können diese Interessen auch bündeln und damit größer adressieren. Das Senckenbergmuseum verkörpert naturwissenschaftliche Forschung, aber auch – Willkommen im Anthropozän! – den Einfluss der Menschen. Es interpretiert und vermittelt also Natur und Kultur auch vergleichend und in Relation zueinander. Der Einbezug von Akteuren aus dem pazifischen Raum beispielsweise in eine Ausstellung zum Thema Korallenriffe ist essentieller Bestandteil einer solchen Vorgehensweise.

Im Projekt Edmond, das hier im Heft vorgestellt wird, wurde diese museal-wissenschaftliche Praxis in Frankfurt jüngst exemplarisch entwickelt. Hier standen nicht nur die wissenschaftliche Grabung und ihre Funde in einer Saurierfundstelle in den USA im Mittelpunkt, sondern auch die Frage, wie geht die Forschung denn überhaupt vor: Wer forscht und gräbt aus und wodurch generieren wir unsere Erkenntnisse und unsere musealen Objekte? Die wissenschaftliche Arbeit wurde als Ausstellungsobjekt mitten nach Frankfurt transferiert. Ein großer Gesteinsblock reiste aus Wyoming an und wird seither unter den Augen der Besucher/-innen vor Ort ausgegraben. Die Ausstellung ist also nicht fertig, wenn sie eröffnet wird, sondern sie findet im Prozess laufend statt und verändert sich. Gerade läuft die zweite Grabungssaison.

Die visuelle Kultur, die im Blick auf Natur manifestiert, wird bei uns als ein inhärenter Bestandteil der Darstellungsweisen des Naturmuseums begriffen. Dieses kann nur aus der Institution als kritische Praxis selbst ent-



Dr. Brigitte Franzen ist Direktorin des Senckenberg Naturmuseums Frankfurt. Die Kulturwissenschaftlerin ist eine ausgewiesene Museumsspezialistin, mit über 100 selbst kuratierten Ausstellungen und Erfahrungen als Museumsdirektorin und Stiftungsvorständin. Sie entwickelt gerade gemeinsam mit ihrem Team die inhaltliche Neuausrichtung des Senckenberg Naturmuseums, vor dem Hintergrund eines geplanten Um- und Erweiterungsbaus.

wickelt werden, da die Forschungen und die Sammlungen wesentliche Basis für die museale Darstellung sind. Im Falle des Edmond-Projektes bedeutete das, Partner/-innen einzuladen, die für die Forschung und Grabungsarbeit einen Darstellungsrahmen schaffen, der nicht nur Gestaltung ist, sondern einen inhaltlichen Mehrwert schafft und Veränderungen zulässt. Die Zusammenarbeit mit der Künstlergruppe YRD.Works war für das Projekt essentiell, denn die Gruppe schuf ein Interpretationssetting für die Paläontologen. Aufgrund seiner Gestalt ermöglicht es den Besuchenden näher zu treten, zu beobachten und sich zu beteiligen. In ihm kann sich das Projekt entwickeln.

In der Abfolge verschiedener Visualisierungskonzepte will das Senckenbergmuseum in Zukunft nicht nur aufeinander bezugnehmende Narrationen von Naturinterpretation präsentieren und dabei die Gesellschaft auf vielfältigste Weise berücksichtigen und einbeziehen. Das Ausstellungsmachen ist auch selbst eine forschende Disziplin, die sich ihre Forschungsgegenstände selbst sucht und sie – auch mit Blick auf die Geschichte der eigenen Disziplin und die Geschichte der Ideen – weiter entwickelt.

Ein Schlüssel um Naturwissenschaften heutig auszudrücken ist es, die Erkenntnisse so darzustellen, dass sie aus den zeitgenössischen visuellen und kulturellen Systemen heraus, die ja die Herkunftswelten der Betrachter/-innen repräsentieren, verstanden werden können. Historisch ist dies auch eine Anknüpfung, sowohl an die Gründerväter von Senckenberg, die den Bereich der Kultur ebenso repräsentiert haben wie den der Naturwissenschaften, als auch an die Wurzeln der einzigartigen musealen Erscheinungsformen von Senckenberg seit den 1970er Jahren, wo mit Wilhelm Schäfer und dem damaligen Team aus Forschenden, Gestalter/-innen und Architekt/-innen, Senckenberg in seinen Visualisierungsstrategien zu einem der führenden Naturmuseen wurde, gerade wegen der Verbindung von zeitgenössischen Bildwelten, aktuellen kuratorischen Konzepten und einzigartigen Forschungen und Sammlungen.

Ihre Brigitte Franzen



Biologie in unserer Zeit ist die Verbandszeitschrift des Verbandes Biologie, Biowissenschaften & Biomedizin in Deutschland – VBIO e.V. Mehr Informationen finden Sie im Internet unter www.vbio.de.

Verlag:

Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin in Deutschland – VBIO e.V.
Corneliusstr. 12, 80469 München
Telefon +49 (0)89/26 02 45 73
Email: biuz@vbio.de

Alleinvertretungsberechtigter Vorstand:

Prof. Dr. Karl-Josef Dietz, Bielefeld (Präsident)
PD Dr. Christian Lindermayr, Friedberg (Schatzmeister)

Managing Editor:

Dr. Larissa Tetsch (verantwortlich für den Inhalt),
Steinröselweg 9, 82216 Maisach;
Telefon +49 (0)81 41/8 88 06 27
Email: redaktion@biuz.de

Editorial Board:

Erwin Beck, Bayreuth
Ralf Dahm, Mainz
Harald Engelhardt, Martinsried
Jacob Engelmann, Bielefeld
Monika Hassel, Marburg
Christian Körner, Basel
Karin Krupinska, Kiel
Wolfgang Nellen, Kassel (Chief Editor)
Hannes Petrischak, Wustermark
Felicitas Pfeifer, Darmstadt
Michael Riffel, Hirschberg
Udo Schumacher, Hamburg
Marco Thines, Frankfurt

Herstellung:

Dr. Larissa Tetsch,
Telefon +49 (0)81 41/8 88 06 27
Email: redaktion@biuz.de

Anzeigenleitung:

Dr. Carsten Roller, Corneliusstr. 12, 80469 München
Telefon +49(0)89/26 02 45 73
Email: roller@vbio.de

Mitglieder- und Abo-Service:

VBIO e.V., Geschäftsstelle München,
Corneliusstr. 12, 80469 München
Telefon +49(0)89/26 02 45 73 - Fax +49(0)89/26 02 45 74
Email: mitgliederservice@vbio.de

Preise:

Bibliotheken und Organisationen: Bitte Rückfrage
Bei VBIO-Mitgliedschaft inklusiv
<https://vbio.de/beitritt>

Geschäftsstellen des Verbandes:

Geschäftsstelle München

Dr. Carsten Roller, Corneliusstraße 12, 80469 München
Telefon +49(0)89/26 02 45 73, info@vbio.de

Geschäftsstelle Berlin

Dr. Kerstin Elbing, Luisenstraße 58/59, 10117 Berlin,
Telefon +49(0)30/27 89 19 16, elbing@vbio.de

Satz:

TypoDesign Hecker GmbH, Leimen.

Druck und Bindung:

ColorDruck Solutions GmbH, Leimen.

© VBIO e.V., München, 2021.

Printed in the Federal Republic of Germany.

ISSN 0045-205 X

BIOLOGIE

3 | 2021 IN UNSERER ZEIT
www.biuz.de



Unser Titelbild zeigt einen Vertreter des *Edmontosaurus annectens*, wie ihn sich der Grafiker Dirk Baum vorstellt. Diese großen Pflanzenfresser durchstreiften vor rund 70 Millionen Jahren die Weiten des heutigen Wyoming. Dort kann man ihre fossilen Überreste heute in sogenannten Bonebeds finden – Anreicherungen von isolierten Knochen entlang fossiler Flussläufe. Unser Titelbeitrag bringt uns auf S. 238 die Lebenswelt der faszinierenden Hadrosaurier näher und zeigt uns gleichzeitig, wie man mit unglaublichem Aufwand paläontologische Ausgrabungen aus der ganzen Welt in ein Museum in Deutschland holen kann. Kollage: Hintergrund von David Mark über www.pixabay.com und Saurierrekonstruktion von Dirk Baum, Die Infografen.

MELDUNGEN

206 Forschung & Entwicklung, Standorte, Digitale Welt, Ausstellung, Veranstaltung

POLITIK UND GESELLSCHAFT

212 Digitalisierung und Hybridsemester

215 Das Virus als Herausforderung: Bewerbung in Corona-Zeiten

216 Vor der Bundestagswahl ...

217 VBIO-Position: Lebenslanges Biologielernen ermöglichen – nicht-formale Bildungsangebote sicherstellen

218 Vorbereitungen zur Biodiversitätskonferenz: Kommentar zu Überlegungen zur Synthetischen Biologie vorgelegt

TREFFPUNKT FORSCHUNG

219 Individueller Umgang mit warnfarbiger Beute

221 Verstetigung des de.NBI-Netzwerks

223 Xylotheiken als Baumherbarien – ein Beitrag zur ökologischen Forstbotanik

225 Das Immunsystem der Pflanze in einem Akt

227 Dinosaurier im Zoo Leipzig

229 Isothermale Amplifikation – DNA vervielfältigen ohne PCR? Geht das?

MAGAZIN

288 Mikroben verstehen: Mikrobielle Organellen

291 Bücher und Medien

294 Außerschulische Lernorte: Eintauchen in die Welt des Jurameeres im Urweltmuseum Hauff

296 Partner des Menschen: Der Seidenspinner: Statussymbol und Faserlieferant

298 Kolumne: Selbstüberschätzung

IM FOKUS

- 231** Fast Food macht den Embryo krank
Anette Christ
- 238** Edmonds Urzeit
Dieter Uhl | Philipe Havlik
- 246** Das Potenzial der mRNA-Technologie
Simone Giesler

- 254** Das Navigationssystem der Vögel – Teil 2
Roswitha und Wolfgang Wiltschko
- 264** Ökosystem Haus
Gerhard Führer | Sonja Stahl
- 272** Giftige Nahrungspflanzen
Susanne Bickel
- 281** Maritime Funktionsmorphologie
Wolfgang Hasenpusch

231 Fast Food macht den Embryo krank



Dass Fast Food ungesund ist, gehört zum Allgemeinwissen. Aber wer weiß, dass es bereits dem Kind im Mutterleib schaden kann? Epigenetische Veränderungen in dessen Genom begünstigen die spätere Entstehung von Stoffwechselerkrankungen.



272 Giftige Nahrungspflanzen

Etlche Pflanzenarten, die der Mensch als Nahrung nutzt, produzieren Gifte, um sich gegen Mikroorganismen und andere Fressfeinde zu wehren. Bei den Menschen haben sie mit dieser Strategie aber häufig keinen Erfolg.



246 Das Potenzial der mRNA-Technologie



In der Corona-Pandemie verändern Impfstoffe auf mRNA-Basis die Welt. Doch was genau steckt hinter dieser Technologie? Unsere Autorin erklärt sie am Beispiel der Tübinger CureVac AG, die weltweit als erstes Unternehmen mRNA für medizinische Zwecke eingesetzt hat.

254 Das Navigationssystem der Vögel – Teil 2



Vögel besitzen ein komplexes Navigationssystem, das sich aus angeborenen und erlernten Komponenten zusammensetzt. In zwei Beiträgen fassen unsere Autoren zusammen, was wir darüber wissen. Der zweite Teil widmet sich der Frage, wie Vögel die Richtung zum Ziel festlegen.

281 Maritime Funktionsmorphologie

Die Meere mit ihren großen Oberflächen und Tiefen haben ihren Bewohnern im Laufe der Evolution zu einer erstaunlichen Fülle spezifischer Anpassungen verholfen. Damit können sie wertvolle Anregungen für technische Anwendungen liefern.



264 Ökosystem Haus



Wohngebäude bieten – für den Menschen meist unsichtbar – Platz für ganz eigene Artengemeinschaften. Das Ökosystem „Schimmel“ entsteht bei ausreichender Feuchtigkeit – mit potenziellen Auswirkungen auf die Gesundheit der Hausbewohner.

238 Edmonds Urzeit



Grafik: Dirk Baum: Die Infografaten

Im Frankfurter Senckenberg Naturmuseum werden derzeit Dinosaurier ausgegraben. Hier erfahren die Besucher/-innen nicht nur, wie diese Riesen vor 70 Millionen Jahren lebten, sondern erleben live, wie Forschung funktioniert.

Auch Stechpalmen (*Ilex aquifolium*) tragen Früchte, wenn Singdrosseln (*Turdus philomelos*) in Europa nordwärts fliegen und werden daher potenziell von ihnen in diese Richtung ausgebreitet. Foto: David Chapman.



FORSCHUNG & ENTWICKLUNG

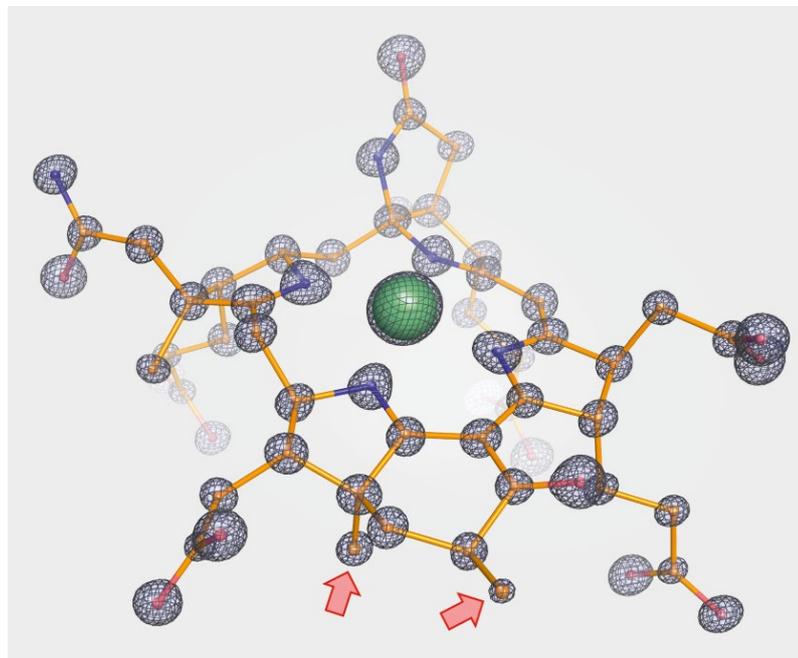
Der Klimawandel bringt es mit sich, dass Pflanzen ihre Verbreitungsgebiete in den Norden verlagern müssen, um in ihrer klimatischen Komfortzone zu bleiben. Die meisten Samen werden im Radius von einem Kilometer um die Ursprungspflanze ausbreitet – von allein schaffen es die Pflanzen daher nur, sich über kurze Strecken auszubreiten. **Hier kommen die Milliarden an Zugvögeln als Mitflugzentrale für Samen ins Spiel.** Sie könnten Samen über weite Strecken transportieren und den Pflanzen helfen, neue Gebiete im Norden zu besiedeln. Ob das auch in der Praxis funktioniert, hat ein Team von 18 Wissenschaftler/-innen von dreizehn europäischen Forschungseinrichtungen unter Leitung der Universität von Cádiz, darunter Dr. Jörg Albrecht, Wissenschaftler am Senckenberg Biodiversität und Klima Forschungszentrum, überprüft. Dabei konzentrierten sie sich auf Pflanzen mit fleischigen Früchten. Das Ergebnis ist ernüchternd: „Nur 35 Prozent der Pflanzenarten mit fleischigen Früchten werden von Zugvögeln gefressen, die auf der Rückkehr aus den Überwinterungsgebieten sind und danach nordwärts weiterfliegen. Bei über achtzig Prozent dieser Pflanzenarten waren die Vögel, die wir beim Fressen beobachtet haben, aber auf dem Weg in den Süden, also genau dahin, wo es die Pflanzen noch wärmer haben“, sagt Albrecht. „Hinzu kommt, dass die Vögel während des Zugs in ihre Überwinterungsgebiete im Süden ungefähr dreimal so viel fressen wie auf ihrer Reise in ihre Brutgebiete im Norden.“ Insgesamt kommen die Wissenschaftler zu dem Schluss, dass Zugvögel tatsächlich Pflanzen dabei helfen, mit dem Klimawandel Schritt zu halten, aber nur einer Minderheit und nur bestimmten Arten, was die Bildung neuer Pflanzengemeinschaften in nördlichen Gebieten stark beeinflussen wird.

www.senckenberg.de

An heißen Quellen in der Tiefsee leben Mikroorganismen, die sich von Ethan ernähren. Sie wurden kürzlich von Wissenschaftlern des Max-Planck-Instituts für Marine Mikrobiologie an heißen Quellen im Guaymas-Becken im Golf von Kalifornien in 2000 Metern Wassertiefe entdeckt und auf den Namen *Ethanoperedens thermophilum* („wärmeliebende Ethanfresser“) getauft. Tief im Meeresboden wird durch die geothermische Wärme organisches Material zu Öl und Erdgas umgesetzt. Erdgasbestandteile wie Methan und Ethan werden nach aktuellem Forschungsstand in sogenannten mikrobiellen Konsortien aus Archaeen und Bakterien abgebaut. Bislang beschränkten sich Analysen auf methanabbauende Mikroorganismen, die nur sehr langsam wachsen und sich nur alle paar Monate teilen. Die neu entdeckten Ethan-Mikroben verdoppeln sich dagegen wöchentlich, so dass schneller genug Bio-

masse für Analysen zur Verfügung steht. Die Forschenden konnten deshalb jetzt die **Schlüsselenzyme, die die Oxidation von Erdgas katalysieren, erfolgreich aufreinen und charakterisieren.** Die Kristallstruktur des Enzyms zeigte, dass die katalytische Kammer, in der die chemische Reaktion stattfindet, doppelt so groß ist wie in vergleichbaren Methan-Enzymen. Außerdem enthält der Katalysator der Reaktion, der Kofaktor, zwei zusätzliche Methylgruppen. Da die Kammer größer ist, würde ein normaler Kofaktor nicht passen und so die Reaktion beeinträchtigen. Die Methylgruppen verankern ihn an der richtigen Stelle. Die entdeckte Enzymstruktur verdeutlicht, wie sich diese Mikroben aus geothermisch aktiven Quellen auf die Ethanabscheidung spezialisiert haben.

www.mpi-bremen.de



Molekulare Struktur des modifizierten Kofaktors aus dem Enzym. Die Abbildung zeigt die atomare Zusammensetzung des Kofaktors, wobei Kohlenstoff, Stickstoff, Sauerstoff und Nickel als Kugeln dargestellt sind und jeweils orange, blau, rot und grün eingefärbt sind. Die Stäbchen stellen die Bindungen zwischen den Atomen dar. Die präzise Lokalisierung jedes einzelnen Atoms wird durch die sehr scharfe Elektronendichte ermöglicht (schwarzes Netz). Diese hohe Detailgenauigkeit offenbart zwei zusätzliche Methylgruppen am Kofaktor, (siehe rote Pfeile). Diese Methylgruppen existieren nicht in Enzymen, die auf Methan spezialisiert sind. Röntgenkristallographie: O. Lemaire, T. Wagner (MPI für Marine Mikrobiologie).



Vor etwa 4 Millionen Jahren beobachtete ein *Australopithecus anamensis* den Reichtum an Rüsseltieren im Gebiet der heutigen Turkana, Kenia. Von links nach rechts *Anancus ultimus*, *Deinotherium bozasi*, *Loxodonta adaurora* und *Loxodonta exoptata*. Illustration von Julius Csotonyi.

Anhand von Fossilienfunden wissen wir, dass die allermeisten Arten, die einst die Erde bewohnten, ausgestorben sind. Welche Faktoren das Werden und Vergehen von Abstammungslinien beeinflussen, ist aber immer noch eine ungelöste Frage. Ein internationales Forschungsteam aus Spanien, Finnland, Großbritannien, Deutschland und Argentinien unter Beteiligung des Museums für Naturkunde Berlin untersuchte diese Fragestellung nun anhand der charismatischen Gruppe der **Rüsseltiere, zu denen die heutigen Elefanten, aber auch die ausgestorbenen Mammut, Mastodon und Deinotherien gehören**. Obwohl es heute nur noch drei Elefantenarten in Asien und Afrika gibt, kennen wir fossil mehr als 180 Arten dieser Tiere, welche auch Europa, Süd-

amerika und Nordamerika bewohnten. Wie die Forschenden zeigen konnten, waren Rüsseltiere in den ersten 30 Millionen Jahren ihrer Geschichte auf Afrika und Arabien beschränkt, welche zusammen einen isolierten Kontinent bildeten, der nicht wie heute mit Asien verbunden war. Bis dahin verlief die Evolution dieser Tiere recht langsam, und die wenigen existierenden Arten waren ökologisch ziemlich ähnlich. Aber vor etwa 22 Millionen Jahren verband sich Afro-Arabien mit Eurasien, und die Rüsseltiere verbreiteten sich über die ganze Welt. Es entstanden Arten mit unterschiedlichen, höchst vielfältigen Zahnformen, einschließlich seltsamer, schaufelförmiger Stoßzähne. Vor 7 Millionen Jahren breiteten sich dann moderne Savannen-Ökosysteme auf allen

Kontinenten aus, und aufgrund dieser Veränderung verschwanden viele an das Leben in bewaldeten Gebieten angepasste Rüsseltiere. Gleichzeitig erschienen aber auch neue Formen, welche in der Lage waren, sich von weniger nahrhaftem Pflanzenmaterial wie Holz und vor allem Gras zu ernähren, wie es für Savannen typisch ist. Die heutigen Elefanten gehören zu diesen evolutionären Neankömmlingen. Mit dem Beginn der Eiszeiten vor etwa 3 Millionen Jahren vervinfachte sich das Aussterben, und vor 160.000 bzw. 75.000 Jahren stieg die Aussterberate in Eurasien und Amerika aufgrund des Rückgangs und der schnellen Schwankungen der globalen Temperaturen als Folge der Eiszeiten noch weiter an. Etwas später hat dann wohl der *Homo sapiens* zum Aussterben der

wenigen überlebenden Arten, wie z. B. dem Wollhaarmammut, beige-tragen.

www.museumfuernaturkunde.berlin/de

■ Pflanzen nutzen zahlreiche Mechanismen für ihre Bestäubung. Zwischen 4–6% der blühenden Pflanzen vermehren sich, indem sie Bestäubern eine Belohnung, so zum Beispiel Nektar, Pollen oder Paarungs- und Brutplätze, vortäuschen. Die Täuschung funktioniert, weil die Bestäuber kaum zwischen echter Belohnung und Nachahmung unterscheiden können. Eine neue Strategie haben Forschende bei der in Griechenland vorkommenden Pfeifenwindenart *Aristolochia microstoma* gefunden. Deren Blüten verströmen einen faulig-muffigen Geruch, **der den Geruch von verwesenden Insekten zu imitieren scheint.** Fliegen aus der Gattung *Megaselia* (auch „Sargfliegen“ genannt) werden von diesem Geruch angezogen, wenn sie nach Insektenleichen suchen, um sich womöglich darüber zu paaren und ihre Eier darin abzulegen. Wenn sie dann in eine *Aristolochia*-Blüte eindringen, werden sie von Haaren nach unten zu einer kleinen Kammer geleitet, in der sich die Geschlechtsorgane befinden. Darin gefangen, deponieren sie mitgebrachten Pollen auf den weiblichen Organen, bevor die Staubgefäße reifen und eigenen Pollen freisetzen. Wenn die Haare, die den Eingang zur Kammer blockieren, verwelken, können die Bestäuber entkommen, und ein neuer Zyklus kann beginnen. „Wir zeigen, dass die Blüten von *A. microstoma* eine einfache, aber höchst ungewöhnliche Duftmischung ausströmen, die 2,5-Dimethylpyrazin enthält, ein Molekül, das weder in Wirbeltierkadavern noch in Fäkalien vorkommt, wohl aber in toten Käfern. Der unangenehme, aasähnliche Geruch ist auch für Menschen schon aus kurzer Entfernung wahrnehmbar“, erläutert einer der korrespon-



Im Gegensatz zu anderen *Aristolochia*-Arten mit ihren auffälligen Blüten hat *A. microstoma* unauffällige bräunliche Blüten, die horizontal, teilweise vergraben oder nahe am Boden unter Laubstreu oder Steinen liegen. Die Blüten verströmen einen unangenehmen, aasähnlichen Geruch, der für Menschen schon aus kurzer Entfernung wahrnehmbar ist, um Bestäuber anzulocken und gefangen zu halten. Foto: Thomas Rupp et al.

dierenden Autoren, Prof. Stefan Wanke von der TU Dresden. www.tu-dresden.de

■ Damit die DNA im Zellkern Platz findet, wird sie mehrfach um bestimmte Proteine, die Histone, gewickelt. Wie eng dies geschieht, bestimmt auch, welche Gene aus unserem Erbgut abgelesen werden können. Bei vielen Lebewesen verändert sich die Menge der Histone mit steigendem Alter. Bislang ist jedoch unklar, ob Veränderungen der zellulären Histonmenge genutzt werden könnten, um den Alterungsprozess zu verbessern. Der Wirkstoff Rapamycin gilt inzwischen als eine der vielversprechendsten Anti-Aging-Substanzen und zeigt positive Effekte auf die Gesundheit im Alter. Insbesondere schaltet er den TOR-Signalweg ab, der ein breites Spektrum grundlegender zellulärer Aktivitäten wie Energie-, Ernährungs- und Stresszustand steuert. Um die Wirkung von Rapamycin auf Histonproteine zu untersuchen, analysierten Forschende des MPI für Biologie des Alterns verschiedene Organe der Taufliege *Drosophila melanogaster*. „Überraschenderwei-

se beobachteten wir einen Anstieg der Histonproteine nach der Zugabe von Rapamycin. Dieser Effekt trat ausschließlich im Darm der Fliegen auf, aber nicht in anderen Geweben“, erklärt Yu-Xuan Lu, Postdoc in der Abteilung von Linda Partridge und Erstautor der Publikation. In weiteren Experimenten konnte gezeigt werden, dass der erhöhte Gehalt an bestimmten Histonproteinen in Enterozyten das Tumorstadium reduzierte, die Darmgesundheit erhöhte und die Lebensspanne der Tiere verlängerte. Ähnliche Beobachtungen wurden in



Der Anti-Aging-Wirkstoff Rapamycin beeinflusst die DNA-Wicklung. Grafik: Hanna Salmonowicz, Monney Medical Media, 2021.

Darm-Enterozyten von Mäusen nach Rapamycin-Behandlung gemacht. „Unsere Ergebnisse zeigen zum ersten Mal eine **Verknüpfung zwischen dem TOR-Signalweg und den Histonmengen**, die die Langlebigkeit bestimmt“, sagt Yu-Xuan Lu. „Die Tatsache, dass wir diese Beobachtungen in Tauffliegen und Mäusen machen konnten, zeigt, dass dies ein weit verbreiteter Mechanismus ist.“ Mit Blick auf zukünftige Experimente fügt er hinzu: „Angesichts der zentralen Rolle der Histone bei der Lagerung der DNA in der Zelle erweitert diese Erkenntnis nicht nur unser Wissen über den Alterungsprozess, sondern bietet auch neue Möglichkeiten für gezielte therapeutische Behandlungen gegen das Altern.“ www.age.mpg.de

STANDORTE

Die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) und die von der Allianz der Wissenschaftsorganisationen getragene Informationsplattform „Tierversuche verstehen“ haben am 1. Juli 2021 die „Initiative Transparente Tierversuche“ gestartet. Darin



Foto: Tibor Janosi Mozes.

erklären Forschungseinrichtungen mit lebenswissenschaftlicher Ausrichtung, **transparent über Tierversuche zu informieren**, den öffentlichen Dialog über tierexperimentelle Forschung aktiv mitzugestalten sowie untereinander Erfahrungen auszutauschen und Aktivitäten bekannt zu machen. Zu den 53 Erstunterzeichnenden der Initiative gehören Universitäten, Kliniken, außeruniversitäre Forschungseinrichtungen, forschende Unternehmen sowie Fachgesellschaften und Förderorganisationen. Weitere Einrichtungen sollen folgen. Eine eigens für die Initiative eingerichtete Webseite listet alle Unterzeichnenden auf, bietet Beispiele für gelungene Kommunikation zu Tierversuchen und stellt Informationen zur Unterstützung der Unterzeichnen-

den bei der Umsetzung der genannten Ziele zur Verfügung. Die Initiative folgt ähnlichen Aktivitäten in anderen europäischen Ländern, etwa Großbritannien, Frankreich und Spanien. www.dfg.de

DIGITALE WELT

Icarus ist eine internationale Kooperation zur Beobachtung von Tieren aus dem Weltraum (International Cooperation for Animal Research Using Space). In ihr arbeiten Wissenschaftler mit dem Ziel zusammen, ein satellitengestütztes System zur Beobachtung kleiner Tiere wie zum Beispiel Vögel, Fledermäuse oder Wasserschildkröten zu entwickeln. Die Forscher rüsten dabei unterschiedliche Tierarten mit Minisendern aus, die ihre Messdaten an eine Empfangsstation im All schicken. Diese übermittelt sie an eine Bodenstation, von dort gelangen sie an die jeweiligen Forscherteams. Die Icarus-Forscher wollen sich aber nicht ausschließlich auf die Sender an den Tieren verlassen, sondern auch die Beobachtungen der vielen Hobby-Tierbeobachter weltweit

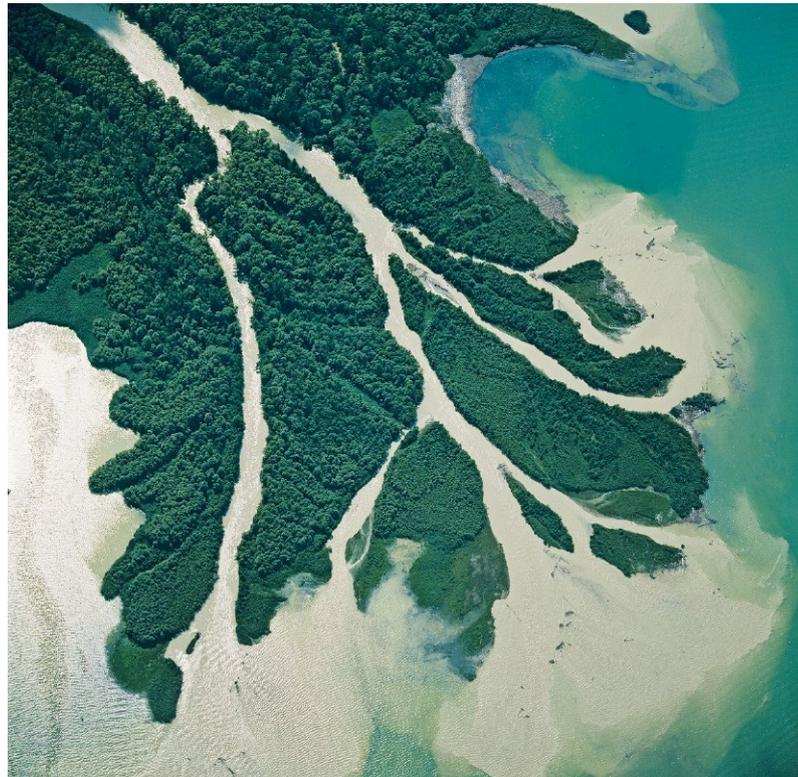


Animal Tracker ist eine kostenlose App, die auf dem eigenen Smartphone installiert werden kann. Damit kann jeder eigene Tierbeobachtungen dokumentieren und der Wissenschaftsgemeinde zugänglich machen. Foto: MPI für Verhaltensbiologie/MaxCine.

nutzen. Mit der **auf dem Smartphone installierten Animal Tracker App** lassen sich eigene Beobachtungen von Tieren speichern und Fotos hochladen. Die Daten werden in der Forschungsdatenbank Movebank gespeichert und direkt im Animal Tracker veröffentlicht – einer Plattform, die von hunderten Forschern zum Analysieren, Teilen, Verwalten und Archivieren von Bewegungsdaten genutzt wird.
www.icarus.mpg.de

AUSSTELLUNG

Wasser ist ein besonderer Stoff und prägt unseren Planeten wie kein anderes Element. Der Klimawandel wird die Verteilung von flüssigem und gefrorenem Wasser drastisch ändern. In der Sonderausstellung „Wasser – Wie es unsere Erde formt“ zeigt das **Deutsche Museum Flugwerft Schleissheim bis zum 28. November 2021** 45 großformatige Fotografien von Bernhard Edmaier, die Wasser als wichtigste landschaftsgestaltende Kraft auf der Erde präsentieren. Es sind zumeist Luftbilder, die in den verschiedenen Regionen der Erde aufgenommen wurden. Geografische und geologi-



Tiroler Achen, Chiemsee, Deutschland. Luftbild von Bernhard Edmaier.

sche Informationen dazu bieten die Bildtexte der Wissenschaftsautorin Angelika Jung-Hüttl. Der Klimawandel nimmt Einfluss auf die Verteilung von flüssigem Wasser, Eis und Wasserdampf auf unserem Planeten. Noch lässt sich kein glo-

baler Trend nachweisen, doch es gibt bereits deutliche Hinweise darauf: Die weltweit steigenden Temperaturen, heizen den Wasserkreislauf an – mit unabsehbaren Folgen.

www.deutsches-museum.de

VERANSTALTUNG

Auch in diesem Jahr sind junge Fotografinnen und Fotografen von 7 bis 18 Jahren wieder aufgerufen, unter dem Motto „Schau doch mal hin!“, **mit der Kamera auf Entdeckungsreise in Bayerns Natur zu gehen** und ihre besten Bilder einzureichen. Über 9.000 junge Fotografinnen und Fotografen aus Bayern haben seit dem Start des Fotowettbewerbs im Jahr 2007 daran teilgenommen. Vom Museum Mensch und Natur 2007 ins Leben gerufen, wird der Wettbewerb seit 2010 gemeinsam mit



dem Staatsministerium für Umwelt und Verbraucherschutz ausgerichtet. Der Fotowettbewerb umfasst zwei Kategorien: A: „Auftanken, Abhängen, Abschalten“ und

B: „Verändern, Vergehen, Verwandeln“. Die Preise werden in drei Altersgruppen vergeben. Die jeweils ersten Preisträger erhalten ein Naturerlebniswochenende mit Fotoseminar im Gebiet des Biosphärenzentrums Rhön. Auch den weiteren Preisträgern winken tolle Preise. Anmeldeschluss ist der 30. September 2021, Informationen zum Wettbewerb und Teilnahmebedingungen finden Sie im Internet unter www.natur-im-fokus.de



Prof. Dr. Robert Hänisch ist Mitglied im Präsidium des VBIO, stellvertretender Sprecher des Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultätentages und Professor für Botanik an der Technischen Universität Braunschweig



PD Dr. Alois Palmethofer ist Sprecher der Konferenz Biologischer Fachbereiche und Koordinator BioCareers an der Universität Würzburg

HOCHSCHULEN

Digitalisierung und Hybridsemester

Ein Plädoyer für die Erhaltung praktischer Lehre am Beispiel der Ausbildung in den Biowissenschaften an der Technischen Universität Braunschweig.

„Vielen Dank“ waren die Worte von Luca, als wir uns im November 2020 nach einem intensiven Bachelor-Praktikum zur pflanzlichen Zellbiologie in das verdiente Wochenende verabschiedeten. Hinter uns lag eine Hybridveranstaltung, die von allen ein höchstes Maß an Aufmerksamkeit und Einsatz abverlangte. Für die Studierenden bedeutete dies eine Woche digitale Einführung in das Praktikum plus eine Woche praktisches Arbeiten als Einzelperson, gefolgt von einem abzugebenden Protokoll, wieder ohne die Unterstützung einer Praktikumpartnerin bzw. eines Praktikumpartners. Für die Lehrenden hieß es: komplette Umstrukturierung des bisherigen Moduls mit der Erstellung der digitalen Einweisung inklusive praktischer Vorzeigeeexperimente, Herstellung sämtlicher Medien und Lösungen für einen klar strukturierten, reibungslosen, erfolgreichen Arbeitsablauf und die Neuaufteilung der Praktikumsplätze. In einem Praktikumlabor, in dem wir üblicherweise mit 12 Studierenden komfortabel arbeiten können, durften pandemisch bedingt nur noch zwei Praktikant/-innen plus Betreuer/-innen anwesend sein. Um dennoch die erforderlichen Plätze zur Verfügung stellen zu können, wurde neben der Nutzung eines zweiten Labors auch kurzerhand ein Seminarraum umgestaltet. Und es hat sich gelohnt: Die Lehrenden sind glücklich mit dem Erreichten. Mittlerweile haben die Studierenden in der Modulabschluss-Klausur ihre Kompetenzen erfolgreich unter Beweis gestellt und konnten maßgeblich vom praktischen Anteil des Moduls profitieren.

Es ist viel passiert in diesem einen Jahr mit Corona. Wie auch in anderen Bereichen des Lebens ist die Transformation in Richtung Digitalisierung deutlich vorangeschritten. Digitale Lernplattformen werden plötzlich deutlich intensiver genutzt bzw. werden sogar zum Standard für den Austausch von Datensätzen wie Vorlesungsmitschriften, Praktikumsprotokollen u. ä. Gerade dies freut das Biologenherz, denn der klassische und CO₂-produzierende Papierausdruck fiel an vielen Stellen weg. Protokolle und Klausuren werden immer häufiger ausschließlich digital durchgeführt und abgegeben. Um auch Prüfungen wirklich kompetenzorientiert und rechtssicher online durchführen zu können, bedarf es allerdings noch weiterer Verbesserung.

Nach der ersten Schockstarre im Frühjahr des letzten Jahres wurden an sämtlichen Universitäten und so auch in den Biowissenschaften Vorlesungen und Seminare ins World Wide Web verlagert. Dies hat seitdem für viele Studierende durchaus auch positive Gesichtspunkte: Lifestream-Vorlesungen können von überall aus verfolgt werden und lange Anfahrtswege entfallen. Viele Lehrende freuen sich entsprechend sogar über eine gestiegene Zuhörerschaft. Besonders begrüßen die Studierenden, wenn diese Vorlesungen auch aufgezeichnet werden und so für eine entsprechende Nacharbeit zur Verfügung stehen. Dieses Kriterium erfüllen auch Powerpoint-Vertonungen, wenn auch mit dem Nachteil, dass Studierende keine Verständnisfragen per Chat oder direkter Wortmeldung stellen können. Hier bieten die Lehrenden häufig

im Nachgang zusätzliche Sprechstunden an. Auf wenig Gegenliebe stößt das stumpfe Herunterladen von Foliensätzen, was dann auch in entsprechender Rückmeldung durch die Studierenden evaluiert wird.

Deutlich komplexer war und ist die direkte Kommunikation – der direkte Austausch zwischen den Studierenden und Lehrenden während der regulären Seminare. Der eigentliche Vortrag kann perfekt über die digitale Plattform gehalten werden, und mittlerweile laufen die zahlreichen Formate stabil. Auch sind die Studierenden bestens ausgestattet mit den dafür notwendigen Tools wie Headset und Digitalkamera – wenn notwendig unterstützt hier auch die Universität. Schwieriger wird es mit einer freien Diskussionsrunde. Das Sprechen gegen einen Monitor ist sehr gewöhnungsbedürftig, und auch die Sprechdisziplin musste erst erlernt werden. Hier haben Lehrende eine große Verantwortung, die Studierenden zur aktiven Teilnahme an der Diskussion zu motivieren und über das gezielte Ansprechen von eher stillen Teilnehmer/-innen eine lebendige Interaktion zu erreichen. Auf einer ähnlichen Ebene bewegen sich die so wichtigen Gespräche mit Mentor/-innen (Abbildung 1). Studierende erhalten zu Beginn ihres Studiums Hochschullehrende als Begleitperson zur Seite gestellt. Diese fungieren als „Kummerkasten“, beantworten wissenschaftliche und/oder allgemeine Fragen zum Studium und begleiten in der Endphase des Studiums bei der Berufswahlentscheidung oder der Auswahl eines geeigneten Masterplatzes. Diese zum Teil sehr persönliche Kommunikation leidet deutlich, so wie auch das persönliche Gespräch mit den Studiengangskordinator/-innen oder den Studiendekan/-innen. Und insgesamt leidet natürlich auch die Kommunikation der Studierenden untereinander: Es fehlt das unkomplizierte Gespräch und die soziale



ABB. 1 Virtuelle Mentorengespräche: Einer der Autoren mit Mentees im fünften Semester.

Interaktion mit den Kommilitonen/-innen vor und nach der Vorlesung oder dem Seminar, das gemeinsame Mittagessen in der Mensa, die Unterstützung im Praktikum, das Fachgruppentreffen oder das gemeinsame Bier zum Sommerfest. Dies alles ist durch ein digitales Medium nicht zu ersetzen. Dabei ist Teamarbeit gerade in den modernen Naturwissenschaften von absolut zentraler Bedeutung und sollte während des Studiums erlernt werden.

Bis hierher trifft es alle Studierenden unserer Universitäten gleichermaßen, ganz egal welcher Fachrichtung. Allen Universitäten gemein ist auch, dass viel Geld in die Hand genommen wurde und wird, um die Digitalisierung in der Lehre zu unterstützen. Lehrende können vergleichsweise unkompliziert mit entsprechender Begründung Anträge für die notwendige Beschaffung digitaler Ausstattung stellen oder auch wissenschaftliche Hilfskräfte akquirieren, die bei der zum Teil sehr aufwendigen Umsetzung digitaler Formate helfen. Aber die Biologie ist eine Naturwissenschaft mit einem fachspezifischen

praktischen Anteil von über 50 Prozent, wie es im gemeinsamen Referenzrahmen, dem Fachkanon Biologie (Konferenz Biologischer Fachbereiche (KBF) & VBIO, 2013) empfohlen und in den Universitäten auch umgesetzt wird. Für alle Naturwissenschaften übergreifend hat der Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultätentag (MNFT) in einer Resolution [1] auf die Wichtigkeit der praktischen Lehre, insbesondere unter den Rahmenbedingungen der COVID-19-Pandemie sehr nachdrücklich hingewiesen.

Welche große Bedeutung dies hat, zeigt sehr eindrucksvoll die aktuelle Corona-Entwicklung. Hervorragend wissenschaftlich ausgebildete Biolog/-innen mit aktueller Laborerfahrung sind in allen Teilen der Welt an der Erforschung von Krankheitserregern, der Entwicklung von Impfstoffen und weiteren Krankheitstherapien ganz maßgeblich beteiligt. Dafür sind theoretisches Wissen, die computergestützte Analyse und Laborerfahrung auf dem Stand der Technik untrennbare „Geschwister“. In den Biowissenschaften werden die Stu-

dierenden sehr früh in aktuelle Forschungsprojekte eingebunden und tragen mit ihren Experimenten zu deren Erfolg bei. In Braunschweig haben Promotionsstudierende in der Abteilung von Prof. Stefan Dübel erfolgreich dabei geholfen, in Phagen-Bibliotheken Antikörper gegen das Spike-Protein des Corona-Virus zu identifizieren, was entscheidend dabei half, ein Medikament gegen COVID-19 in Rekordzeit in die klinische Prüfung zu überführen [2]. Auch Masterstudierende konnten in dieser Abteilung die Entwicklung von SARS-CoV-2-Schnelltests unterstützen. Ganz ähnlich kann auch die folgende Erfahrung interpretiert werden: Zu Beginn der Corona-Pandemie fehlte es an Nachweiskapazitäten für SARS-CoV-2. Viele Kliniken wandten sich deshalb an Universitäten und Großforschungseinrichtungen in ihrem Umfeld und baten um die entsprechende Technik. Wir in Braunschweig konnten als Universität helfen – und wir haben auch noch das Personal gestellt: Über 50 Master- und Promotionsstudierende erklärten sich bereit, diese verantwortungsvolle Arbeit

des Virennachweises auf Nukleinsäure-Ebene (qRT-PCR) in den Kliniken durchzuführen. Die Methodik war ihnen aus zahlreichen Modulen bekannt und die praktische Umsetzung hatten sie trainiert. Damit waren sie im Prinzip auch sofort als qualifizierte Helfer/-innen einsetzbar. Stolz haben sich unsere Held/-innen dann auch auf der Webseite der Universität präsentiert [3]: Jan-Niklas Weber und Franziska Grüner (seit dem September 2020 nun ein glückliches Paar)! Eine Kollegin, Frau Dr. Martina Jahn, hat diese Idee verstetigt und ihr gesamtes Modul „Molekulare Infektionsbiologie“ für Biolog/-innen und Biotechnolog/-innen teilweise in die Klinik verlagert. Für die Studierenden – mittlerweile über 20 Praktikant/-innen – war und ist es eine ganz besonders motivierende Erfahrung, ihre Methodenkompetenz so direkt und unter Realbedingungen einsetzen zu können.

Entsprechend wichtig ist und bleibt auch in Zukunft eine gute praktische Ausbildung. Diese beginnt bereits im ersten Semester des Bachelorstudiums. Als Zauberwort steht hier aktuell die hybride Lehrveranstaltung mit einem maßgeblichen Anteil hochwertiger Praktika. Und Lehrende setzen dabei immer wieder ihren gesamten

Ideenreichtum ein. Wenn die Praktikumsräume bedingt durch die beschränkte Personenzahl nicht ausreichen, werden neben Seminarräumen auch altherwürdige Hörsäle zu Laboren umfunktioniert (Abbildung 2). Mit regelmäßigem Lüften, Tragen von Mund-Nasen-Schutz, dem Einsatz von Luftfilteranlagen und Desinfektionsmitteln sowie größtmöglichem Abstand zwischen den Personen ist dabei die gesamte Palette von Hygienemaßnahmen eingeschlossen. Auch für die so wichtigen botanischen und zoologischen Exkursionen wurden Formate gefunden, um diese praktische Kompetenz des Bestimmens und Erkennens in der Natur zu üben: Self-Guided-Exkursionen. Die Lehrenden entwickeln Regieanweisungen zu diesen Exkursionen, empfehlen Bestimmungs-Apps zum Identifizieren von z. B. Vogelstimmen oder Pflanzen.

Dennoch: Wir haben alle natürlich die große Hoffnung, bald wieder gemeinsam mit unseren Studierenden in der Natur unterwegs sein zu dürfen – viele Dinge sind digital nicht zu vermitteln oder sinnvoll umzusetzen. Für die Zukunft planen wir nach dieser Erfahrung eine hybride Veranstaltungsform mit echtem Pflanzenmaterial aus dem botanischen Garten, das wir den Studierenden in der Vorlesung über

das neugekaufte Digitalmikroskop ins Wohnzimmer bringen, in Kombination mit einem Präsenzpraktikum, einigen geführten und abschließend dann einer Self-Guided-Exkursion. Das bereitet auf das echte Wissenschaftler/-innen-Leben vor!

Resümierend darf gesagt werden: Corona stellt alle Studierenden und Lehrenden der Biowissenschaften vor gewaltige Herausforderungen. Viele davon konnten jedoch gerade auch dank digitaler Technik hervorragend gemeistert werden. Die Studierenden wurden dazu in der Umfrage des Centrums für Hochschulentwicklung (CHE) um Stellungnahme gebeten und waren grundsätzlich zufrieden mit der aktuellen Umsetzung der Corona-Maßnahmen in den Fächern Biologie und Biotechnologie, signalisieren aber auch deutlich den Bedarf an praktisch-experimentellen Arbeiten [4]. Naturwissenschaften leben davon, wissenschaftliche Hypothesen und auch Computermodelle in der praktischen Umsetzung, im Experiment, zu verifizieren. Die Kombination aus theoretischem Wissen gepaart mit praktisch-experimentellen Kompetenzen ist die Basis wissenschaftlich fundierten Erkenntnisgewinns und in dieser Bedeutung sowohl Studierenden als auch Lehrenden bewusst.



ABB. 2 Der Hörsaal im Institut für Pflanzenbiologie wird zum Mikroskopier-saal umgebaut und in Kleingruppen erfolgreich genutzt.

Dieser Bericht konzentriert sich auf eigene Erfahrungen. Gespräche mit Kolleg/-innen an anderen Universitäten zeigen deren in gleicher Weise großes Engagement und die Originalität von dort gefundenen Lösungsansätzen, mit den Pandemie-bedingten Einschränkungen in der Lehre umzugehen. Uns alle eint aber die Einsicht, dass die Rückkehr zur experimentell-praktischen Arbeit für eine adäquate universi-

täre Ausbildung unentbehrlich ist. Dafür zu kämpfen – auch gerade unter Corona-Bedingungen – ist nicht nur ein Herzensanliegen der Lehrenden, sondern von allergrößter Bedeutung für die Studierenden, die dies mit glücklichen Augen und Dankesworten bestätigen.

Literatur

[1] <http://www.mnft.de/veroeffentlichung/Resolution%20Praktische%20Ausbildung%202020.pdf>

- [2] https://www.tu-braunschweig.de/fileadmin/Redaktionsgruppen/Institute_Fakultaet_2/BBT-Biotech/PDFs/PR_2021.03.16_CORAT_COR-101-Zulassung-klinischen-Studie_DEU.pdf
- [3] https://magazin.tu-braunschweig.de/m-post/von-der-uni-ans-krankenhaus/gruener-weber-1_web/
- [4] <https://www.che.de/download/studium-lehre-corona/>

*Robert Hänsch, Braunschweig
Alois Palmetshofer, Würzburg*

BEWERBUNG

Das Virus als Herausforderung: Bewerbung in Corona-Zeiten

Auch die Arbeitsplatzsuche hat sich in den letzten Monaten gravierend verändert.

Biologen und Biologinnen wissen seit jeher, dass die Jobsuche gerade unmittelbar nach dem Universitätsabschluss in der Regel kein Zuckerschlecken ist. Die Pandemie verstärkt bereits bestehende Probleme. In den Life Sciences sind aber nur wenige Bereiche unmittelbar betroffen, insbesondere der gesamte Bildungsbereich. Die Situation bietet in vielen Bereichen sogar berufliche Chancen, die nur konsequent genutzt werden müssen.

Gerade in unsicheren Zeiten werden festgefahrene Strukturen in Frage gestellt. Die Unternehmen sind dann auf kompetentes, flexibles und mutiges Personal angewiesen. Begreifen Sie das Virus also nicht als unabwendbare Katastrophe, sondern als Herausforderung.

Der Bedarf ist da

Trotz Kurzarbeit und der angespannten Lage in vielen Branchen gibt es gerade in den Life Sciences viele offene Stellen. Gerade systemrelevante Unternehmen, die sich im Bereich der medizinischen Forschung bewegen, suchen nach wie vor geeignetes Personal. In anderen Bereichen, die unmittelbar

von Pandemiemaßnahmen betroffen sind, sieht es anders aus. Aber auch hier ist der Bedarf an qualifiziertem Personal hoch, das sich den digitalen Herausforderungen schnell anpassen kann. Es ist nur schwerer geworden, potenzielle Arbeitgeber auf konventionellen Wegen zu erreichen. Digitale Bewerbung ist schon vor Corona Standard geworden, nun muss man den gesamten Bewerbungsprozess digital denken.

Zeigen Sie Eigeninitiative

Derzeit sind nicht nur für Studierende und Arbeitssuchende, sondern auch für die Tarifpartner viele Fragen offen. Niemand auf Jobsuche sollte aktuell nur darauf warten, dass alles wieder besser wird oder sich die Situation von alleine klärt. Personalverantwortliche wie auch Interessierte und sich bereits Bewerbende stehen in Corona-Zeiten vor großen Herausforderungen. Alle Jobbörsen, Messen und Jahrestagungen sind zurzeit abgesagt oder finden digital statt. Echte Praktika außerhalb der Universität sind dank Homeoffice oder Kurzarbeit selten geworden; Bewerbungsgespräche sind zumeist

ins Virtuelle verlagert. Jegliche Kontaktaufnahme ist schwerer geworden, und selbst wenn man ein persönliches Gespräch ergattert hat, ist jegliche „normale“ Kommunikation durch derzeit notwendige Infektionsschutzmaßnahmen eingeschränkt.

Hinzu kommen prophylaktische Einstellungsstopps vieler Firmen. Zum Glück sind diese gerade bei Unternehmen, die unmittelbare Personalprobleme haben, oft ausgesetzt oder können von den Fachabteilungen umgangen werden. Ungefragte Kontaktaufnahmen per E-Mail werden dagegen oft automatisch als SPAM behandelt. Daher lohnt es sich, telefonisch nachzufragen. Hier ist im Vorteil, wer rechtzeitig sein persönliches Netzwerk aufgebaut hat, oder die Netzwerke der eigenen Arbeitsgruppe, von befreundeten Wissenschaftlern oder der wissenschaftlich passenden Fachgesellschaft nutzen kann. Dann kommen auch Netzwerke aus dem Studium zum Tragen. Ist nicht die nette Fachschafflerin bzw. der nette Fachschaffler, den man bei der Erstsemester-Veranstaltung kennen gelernt hat, inzwischen beim Wunscharbeitgeber gelandet? Kann ich auf ein Alumni-Netzwerk meiner Universität oder Studierendeninitiative zurückgreifen?

Persönlichkeit gefragt

Fachliche Kompetenz wird in der Regel vorausgesetzt, daher kommt es bei Bewerbungen insbesondere



Foto: www.pixabay.com

auf Ihre Persönlichkeit an. Gerade in diesen Zeiten können Sie unmittelbar beweisen, dass Sie in der Lage sind, unternehmensrelevante Soft Skills auch anzuwenden. Lösungsorientiertes Denken und Handeln, Teamfähigkeit, soziale Kompetenz, Flexibilität, Konfliktfähigkeit und Stressresistenz sind in Corona-Zeiten wichtiger denn je. Verstecken Sie sich also nicht, sondern stehen Sie zu Ihren Stärken, kennen Sie Ihre Schwächen und arbeiten Sie daran.

Professionalität hilft weiter

Zurzeit wird sehr viel improvisiert und übliche Bearbeitungszeiten werden oft arg strapaziert. Neben Geduld ist daher auch das richtige Maß an Hartnäckigkeit notwendig. Telefon- und Videointerviews sind

Standard geworden, allerdings ist die Kommunikation dadurch nicht leichter geworden. Daher fällt es positiv auf, wenn Ihre Bewerbung in Sachen Professionalität nichts zu wünschen übrig lässt. Das fängt bei den komplett digital verfügbaren Unterlagen an und hört nicht mit optimalen technischen Bedingungen im Video-Chat auf. Man kann sich zwar für schlechte Bild- oder Tonqualität entschuldigen, Pluspunkte bekommt man nur, wenn es nicht nur technisch klappt, sondern man auch darauf geachtet hat, dass Ausleuchtung und Hintergrund stimmen, man sich kurz und präzise ausdrücken kann und dabei freundlich und souverän rüberkommt.

Talent-Pool als Chance

Sie sollten jederzeit erreichbar sein oder zumindest klare Zeitfenster kommunizieren und wichtige Unterlagen griffbereit in der Cloud haben. Hier haben sich auch „Talent-Pools“ bewährt; Ihre persönliche Visitenkarte bei einer der großen online-Jobbörsen wie z. B. www.jobvector.com, den einschlägigen Social Media wie XING und LinkedIn oder direkt bei Ihrem Wunschunternehmen. Denn wer

rechtzeitig am richtigen Ort ist, hat die besseren Chancen, wenn die Krise vorbei ist. Sie sollten auch konsequent die ins Internet verlegten Jobbörsen besuchen. Wer es schafft, in Erinnerung zu bleiben, ist definitiv im Vorteil. Wer noch eines draufgeben möchte, kann auch ein professionelles Bewerbungsvideo von sich machen, um sich als Person von der besten Seite zu zeigen.

Viele Fragen offen

Viele Fragen bleiben in einem Artikel wie diesem offen, und die Auswirkungen der Pandemie auf die Wirtschaft lassen sich nicht vorhersehen. Wir können Ihnen als VBIO nur weiterhin anbieten, den Berufseinstieg und Ihre Karrierechancen über geeignete Informationen zu erleichtern. Auf www.master-bio.de finden Sie alle relevanten online-Jobbörsen, die aktuellen Termine unserer Berufsfelder-Infoabende sowie eine Vielzahl weiterer Informationen für Ihre Bewerbung nicht nur in Corona-Zeiten.

Carsten Roller

Ressortleiter Ausbildung & Karriere
VBIO-Geschäftsstelle München

AUS DEM VBIO

Vor der Bundestagswahl ...

... legt der VBIO den im Bundestag vertretenen Parteien traditionell sogenannte „Wahlprüfsteine“ vor. Es sind dies Fragen zu Themen, die den VBIO und seine Mitglieder in besonderer Weise interessieren.

Gerade bei Fragen zu Ausbildung, Hochschulwesen, Studium, Forschungsförderung und Wissenschaftssystem arbeiten wir dabei mit den anderen großen mathematisch-naturwissenschaftlichen Gesellschaften aus Chemie, Geologie, Mathematik und Physik eng zusammen. Die Ergebnisse der Befragung haben wir auch in der Vergangenheit auf einer gemeinsamen Homepage dargestellt

(<https://wissenschaft-verbindet.de/presse/2017/bundestagswahl-2017-befragung-der-parteien-zur-wissenschaftspolitik>).

Auch in diesem Jahr haben wir den Parteien Wahlprüfsteine vorgelegt. Allerdings sind bis zum Redaktionsschluss dieser Ausgabe der *BiuZ* erst wenige Antworten eingetroffen, so dass deren Dokumentation und Gegenüberstellung derzeit

wenig sinnvoll ist. Hintergrund ist, dass die Wahlprogramme der Parteien teilweise erst sehr spät (Ende Juni) beschlossen wurden. Außerdem haben sich (mit einer Ausnahme) alle Parteien auf ein stark formalisiertes Vorgehen geeinigt, das eine Bearbeitung von Anfragen dieser Art erst im Laufe des Juli vorsieht.

Alle, die an dieser Stelle eine Dokumentation unserer Wahlprüfsteine für die Bundestagswahl 2021 erwartet haben, müssen wir um Geduld bitten und auf die Webseiten www.wissenschaft-verbindet.de bzw. www.vbio.de verweisen, wo wir die Antworten zu einem späteren Zeitpunkt darstellen werden.

VBIO-Position: Lebenslanges Biologie- lernen ermöglichen – nicht-formale Bildungsangebote sicherstellen

Der Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin in Deutschland (VBIO e. V.) hat jüngst ein Positionspapier zu nicht-formalen Bildungsangeboten vorgelegt. Diese bilden eine zusätzliche Basis für die Entwicklung einer naturwissenschaftlichen bzw. biologischen Grundbildung. Um die entsprechenden Aktivitäten langfristig zu sichern, müssen sowohl die Bildungsinstitutionen selbst als auch Politik und Förderinstitutionen gewisse Weichenstellungen vornehmen. Hierzu gehören nicht zuletzt eine bessere Zugänglichkeit nicht-formaler Bildungsangebote, eine gesicherte Grundfinanzierung, Initiativen zur Fortbildung, Qualitätssicherungsmaßnahmen und eine stärkere Verzahnung der Angebote.

„Biologische Zusammenhänge prägen wesentliche Teile unseres Alltags. Dies wird uns im Zusammenhang mit der globalen Ressourcenübernutzung, der Klimakrise und der Pandemie gerade drastisch vor Augen geführt“, erläutert Ilka Gropengießer, die das Positionspapier vorbereitet hat. „Grundlegendes biologisches Verständnis und der kontinuierliche Prozess des lebenslangen Biologielearnens sind daher essentiell“.

Nur auf Basis einer natur- bzw. biowissenschaftlichen Grundbildung („Scientific Literacy“) ist es möglich, die Anwendung biologischer Erkenntnisse abzuwägen, Fakten von Fehlinformationen zu unterscheiden und Verschwörungsdenken vorzubeugen. Und das ist wichtiger denn

je. Der VBIO erkennt dabei an, dass Initiativen und Institutionen der nicht-formalen biologischen Bildung – verstanden als Gesamtheit aller Angebote jenseits der Curricula formaler Bildungsgänge – oft unter schwierigen Rahmenbedingungen wertvolle Beiträge zur Förderung biologischer Scientific Literacy leisten.

Um aber die Arbeit langfristig zu sichern und flächendeckend ein attraktives nicht-formales Bildungsangebot in der Biologie zu gewährleisten, müssen aus Sicht des VBIO geeignete finanzielle, personelle, organisatorische und formale Rahmenbedingungen geschaffen werden.

Die Anbieter der nicht-formalen Bildung sind ebenso wie Politik, Ge-

sellschaft und Geldgeber aufgefordert, hierfür die Weichen zu stellen:

- Nicht-formale Bildungsangebote müssen besser bekannt und zugänglich sein.
- Die Grundfinanzierung nicht-formaler Bildungsangebote muss dauerhaft sichergestellt werden. Zusätzliche Projektmittel tragen zur Innovation und kreativen Weiterentwicklung bei.
- Die Fortbildung des Personals im Vermittlungsprozess soll intensiviert und verbessert werden. Für das pädagogische Personal sind vor allem Fort- und Weiterbildungen im fachbiologischen Bereich, für Personen mit biowissenschaftlicher Qualifikation insbesondere didaktische Maßnahmen vorzusehen.
- Systematische, aber unbürokratische Qualitätssicherungssysteme in nicht-formalen Bildungseinrichtungen sollen eingeführt werden, um die Angebote attraktiv und lernförderlich gestalten zu können.
- Die Verzahnung aller biologischen Bildungsangebote muss weiter entwickelt werden. Dabei ist die Kooperation von Forschung, Fachwissenschaft, Fachdidaktik und Praxis zu stärken.

Der VBIO wünscht sich von allen Akteurinnen und Akteuren die Weitsicht, die Bedeutung der Scientific Literacy und ihrer gesellschaftlichen Implikationen zu erkennen, die Ausdauer, gemeinsam an Lösungen für die skizzierten Herausforderungen zu arbeiten sowie den Mut und die Kreativität, neue Ideen in die Tat umzusetzen. „Der VBIO und seine Mitglieder – von denen sich viele der biologischen Bildung in allen ihren Facetten widmen – werden sich auch weiterhin in diesem Bereich engagieren und freuen sich über eine engagierte Debatte“, so Prof. Dr. Karl-Josef Dietz, Präsident des VBIO.

https://www.vbio.de/fileadmin/user_upload/verband/Positionen/210702_nicht-formale_Bildung_final.pdf



Naturkundemuseen, Öffentlichkeitslabore und Co. vermitteln biologische Grundbildung in der Freizeit. Foto: pschulz auf Pixabay.

Vorbereitungen zur Biodiversitätskonferenz: Kommentar zu Überlegungen zur Synthetischen Biologie vorgelegt

Auch wenn noch nicht entschieden ist, ob die ursprünglich für den Herbst letzten Jahres geplante Biodiversitätskonferenz in Kunming (China) pandemiebedingt nicht noch einmal verschoben wird, so sind die Vorbereitungen und Diskussionen doch in eine heiße Phase eingetreten. Unter dem Cartagena-Protokoll wurde unter anderem die Studie „Technical Series on Synthetic Biology“ vorgelegt, an deren peer review sich VBIO und GASB (German Association on Synthetic Biology) mit einer gemeinsamen Kommentierung beteiligt haben.

Sowohl VBIO als auch GASB setzen sich für die Freiheit der biowissenschaftlichen Forschung ebenso ein wie für deren ethische, sichere Durchführung und die Einhaltung der entsprechenden Vorschriften durch alle Beteiligten. Zum Thema Synthetische Biologie wurde bereits 2018 ein gemeinsamer Input zum Thema Synthetische Biologie beim Sekretariat der Biodiversitätskonvention vorgelegt (<https://bch.cbd.int/database/record.shtml?documentid=113239>).

Allerdings müssen VBIO und GASB mit Bedauern feststellen, dass seitdem kein erkennbarer Fortschritt in Richtung einer klaren Definition der Synthetischen Biologie erzielt wurde. Nach wie vor fehlt eine klare Unterscheidung zwischen Methoden und Anwendungen, die undifferenziert unter dem Oberbegriff Synthetische Biologie subsumiert werden. Ohne eine klare Definition ist aber eine Bewertung der Aussagen in der vorgelegten Studie nicht möglich. Eine gemeinsame Definition zu finden, ist keine einfache Aufgabe, da in verschiedenen Ländern unter-

schiedliche Definitionen und Terminologien verwendet werden. Diese Schwierigkeiten dürfen aber nicht genutzt werden, um den politischen Prozess zu blockieren.

Ein möglicher Weg wurde im Rahmen der Diskussionen des Nagoya-Protokolls zu den Digitalen Sequenzinformationen (DSI) aufgezeigt. Die Technische Expertengruppe (AHTEG) hatte hier vier mögliche Definitionen für DSI als Ausgangspunkt für Diskussionen zusammengestellt. Mehrere potenzielle Definitionen zu haben, die von der engsten bis zur weitesten reichen, würde helfen, unzulässige Gleichsetzungen zu vermeiden (z. B. Genome Editing mit Gene Drives), ohne dass man sich auf eine endgültige Definition festlegen müsste. Für jede Definition könnte dann geprüft werden, ob es sich bei der Synthetischen Biologie um ein „New Emerging Issue“ handelt, und ob bzw. welche weitere Regulierung erforderlich ist.

Breiten Raum nimmt in der Studie das Thema Gene Drives ein. Diese können ein neues Instrument



Was ist „Synthetische Biologie“? Die Studie „Technical Series on Synthetic Biology“ bleibt die Antwort schuldig.
Bild: geralt auf Pixabay.

zur Unterstützung von Erhaltungsmaßnahmen sein, aber gleichzeitig auch große Risiken für die biologische Vielfalt bedeuten. Umso wichtiger wäre eine Definition dessen, was im Rahmen des Cartagena-Protokolls unter Gene Drives zu verstehen und zu regulieren ist. Diese fehlt allerdings in der vorgelegten Studie. In jedem Fall sind Gene Drives nur ein sehr spezifisches Werkzeug der Synthetischen Biologie, selbst in der engsten Definition. Hier sollte eine klare Abgrenzung erfolgen, insbesondere zu Methoden der industriellen Biotechnologie, die im geschlossenen Rahmen stattfinden. Möglichweise wäre es sinnvoll, die Themen Synthetische Biologie und Gene Drives aufgrund der großen Unterschiede zu trennen.

Auf den Seiten des Sekretariates der Biodiversitätskonvention finden sie die Volltexte zur Studie „Technical Series on Synthetic Biology“ (https://bch.cbd.int/synbio/peer_review/) ebenso wie die gemeinsame Stellungnahme von VBIO und GASB (<https://bch.cbd.int/database/record.shtml?documentid=116185>).

VIDEOS ZU CRISPR/CAS



Science Bridge

Im Rahmen des DFG-SPP 2141 stellt Science Bridge einige kurze Stop-Motion-Videos zu CRISPR/Cas zur Verfügung. Die Reihe „The World of CRISPR with Khalid“ ist möglicherweise auch für die Lehre geeignet und wird ständig erweitert. Zugang über den QR-Code:



VERHALTEN

Individueller Umgang mit warnfarbiger Beute

Durch kontrastreiche Warnfärbungen schrecken viele schlecht schmeckende oder giftige Tiere potenzielle Fressfeinde ab. Einige Individuen aus der Räuberpopulation greifen jedoch trotzdem an, verzehren die Beute trotz deren chemischer Verteidigung und der Warnfärbung – und tragen offenbar keinerlei Schaden davon, sondern profitieren sogar von der wehrhaften Nahrung.

Die Milkkrautwanze (*Oncopeltus fasciatus*; Familie Lygaeidae, Abbildung 1) zählt zu einer etwa 40 Arten umfassenden, rein neuweltlichen Gattung. Ihr Verbreitungsgebiet ist enorm und reicht von Costa Rica in Mittelamerika über Mexiko und die Karibik bis in den Süden Kanadas. Ihren Lebensraum bilden Wiesen, aber auch vom Menschen gestörte Habitate wie Straßenränder.

Knallige Warnfärbung

Die bis zu 1,8 cm langen Tiere fallen durch ihre kontrastreiche Musterung auf: Auf orangeroter Grundfarbe findet sich eine schwarze Zeichnung. Dabei handelt es sich um eine typische aposematische Färbung (Warnfärbung), mit der diese Insekten mögliche Fressfeinde auf ihre Giftigkeit bzw. Ungenießbarkeit hinweisen (Abbildung 2). Diese Wanzen sind nämlich darauf spezialisiert, sich von den giftigen Seidenpflanzen (*Ascle-*



ABB. 1 Mit ihrer auffälligen, schwarz-roten Warntracht schreckt die Milkkrautwanze die meisten potenziellen Fressfeinde ab. Alle Fotos Kriton Kunz.

pias spp.) zu ernähren, die sie außerdem als Unterschlupf und zur Eiablage nutzen [1]. Die tagaktiven Wanzen stechen gefundene Samen mit ihrem langen Rostrum an, injizieren Speichel und saugen die gelöste, emulgierte Nahrung anschließend ein [2]. Dabei reichern sie im Thorax (Brust) sowie im Abdomen (Hinterleib) Cardenolide an. Auf Wirbeltiere ebenso wie auf Wirbellose wirken diese Substanzen sowohl ekelerregend als auch giftig. Wirbeltiere und bestimmte Wirbellose wie Springspinnen und die Gottesanbeterin *Tenodera ardifolia sinensis* lernen durch schlechte Erfahrung schnell, derart gefärbte, schlecht schmeckende bzw. toxische Beute zu meiden [3].

Springspinnen als Räuber

Wie nun jedoch zwei Forscherinnen der University of Florida feststellten, muss die Antwort von Fressfeinden auf die aposematische Färbung und die Giftstoffe keineswegs starr festgelegt sein [4]. Als potenziellen Fressfeind für ihre Laborversuche wählten sie die bis zu 22 mm große Springspinne *Phidippus regius* (Abbildung 3), deren Verbreitungsgebiet sich mit dem der Milkkrautwanze überschneidet. Springspinnen eignen sich generell hervorragend dazu, individuelle Unterschiede bei der Jagd auf Beute mit Warnfärbungen zu ermitteln: Sie besitzen ein ausgezeichnetes Sehvermögen und jagen auf Sicht, sind aggressive Beutegreifer und können Verhaltensweisen aufgrund gemachter Erfahrungen erlernen und anpassen. Aus vor-



ABB. 2 Solche aposematischen Färbungen sind im Tierreich weit verbreitet und spielen auch eine Rolle bei der Nachahmung durch Mimikry. Hier die heimische Feuerwanze (*Pyrrhocoris apterus*).

herigen Studien war bekannt, dass Springspinnen ohne vorangegangene Erfahrungen mit Beute, die sich mithilfe chemischer Substanzen verteidigt, diese zwar oft angreifen, jedoch rasch deren Ungenießbarkeit bemerken und sie künftig meiden. Bei diesen Untersuchungen war die giftige Beute niemals verzehrt, sondern in der Regel weitgehend unverletzt wieder losgelassen worden.

Überraschende Ergebnisse

Als Beute boten die Wissenschaftlerinnen den Springspinnen Milkkrautwanzen aus einer Zuchtlinie an, die seit sechs Jahren ausschließlich



ABB. 3 Sowohl bei Männchen (a) als auch bei Weibchen (b) der Springspinne *Phidippus regius* und unabhängig von deren Alter treten Exemplare auf, die Milkkrautwanzen trotz ihrer Warntracht angreifen und fressen.

ABB. 4 Vor Milchkräutwanzen, die lediglich mit Sonnenblumenkernen statt mit giftigen *Asclepias*-Samen gefüttert werden, schrecken etliche Tiere auch weiterhin zurück – nicht so allerdings diese Riesenkrabbspinne (*Heteropoda* sp.) aus Asien.

mit Samen von *Asclepias syriaca* gefüttert wurde. Auf diese Weise sollte ein möglichst einheitlicher Gehalt an Cardenoliden sichergestellt werden. Die Springspinnen stammten aus der Natur oder aus Nachzucht. Beide Geschlechter waren ebenso vertreten wie adulte Exemplare und Jungtiere.

Während die meisten *Phidippus regius*-Springspinnen die jeweils etwa halb so großen Milchkräutwanzen erst gar nicht angriffen oder nach einer Attacke wieder unverletzt losließen, erbeuteten 17 von 122 Exemplaren (14%) die Insekten im Verlauf der Studie mindestens ein Mal. Bei solchen Springspinnen, die eine Milchkräutwanze getötet und gefressen hatten, war die Wahrscheinlichkeit höher, dass sie dies auch in nachfolgenden Experimenten taten – es trat also kein Vermeidungsverhalten durch gemachte Erfahrungen ein, wie es in anderen Studien mit weiteren Springspinnenarten der Fall gewesen war, auch solchen derselben Gattung.

Die in Milchkräutwanzen enthaltenen Cardenolide wirken nachweislich giftig auf nicht speziell an *Asclepias* angepasste pflanzenfressende Insekten sowie zu einem gewissen Grad auch auf einen Gattungsgenossen der hier untersuchten Springspinne, nämlich *Phidippus audax*. Im Gegensatz zu den Erwartungen schadete das Fressen der Wanzen mit ihrer chemischen Abwehr *Phidippus regius* jedoch offenbar keineswegs. Im Gegenteil: Die Springspinnen wiesen zwei Wochen danach ein günstigeres Verhältnis von Gewicht zu Carapaxlänge und eine stärkere Gewichtszunahme als ihre Artgenossen auf, die keine Wanzen verzehrt hatten.

Unklare Ursachen

Dass bestimmte Springspinnenindividuen die Wanzen angriffen und fraßen, stand in keinem erkennbaren Zusammenhang mit ihrem Geschlecht, der Geschlechtsreife, der Körpergröße, der Haltungform im Labor oder der Tatsache, ob es sich um Nachzuchten oder Wildfänge handelte. Die



Autorinnen spekulieren, ursächlich könnten entweder ein genereller individueller Unterschied im Verhalten (z. B. größere Fressgier) oder Unterschiede in der Physiologie (rasche versus langsamere Entwicklung) sein. Die wenigen Individuen, die Milchkräutwanzen angriffen, würden dadurch in Zeiten geringer Beutedichte eine Ressource nutzen, die ihren Artgenossen verwehrt bliebe.

Da die Cardenolide außerdem in der Epidermis stark angereichert sind, wäre es denkbar, dass die Spinnen, wenn sie erst einmal die schlecht schmeckende Haut durchbissen haben, für ihre Forscherheit durch die viel weniger toxische Hämolymphe belohnt werden, die sie mittels extroraler Verdauung aufnehmen und verwerten. Interessant wäre nun sicher zu erforschen, wie sich solch individuelles Verhalten einer kleinen Gruppe einer Räuberpopulation auf die Evolution der aposematischen Färbung sowie der chemischen Verteidigung einer Beute auswirkt.

Milchkräutwanzen ohne *Asclepias*-Nahrung

Ebenfalls spannend ist, wie sich potenzielle Fressfeinde gegenüber Milchkräutwanzen aus solchen Zuchtlinien verhalten, die seit vielen Generationen ausschließlich mit geschälten Sonnenblumenkernen gefüttert werden, also theoretisch keine Cardenolide enthalten dürften. Eigene anekdotische, unveröffentlichte Beobachtungen zeigen auch hier artspezifische ebenso wie individuelle Unterschiede sowohl bei Wirbeltieren als auch bei Wirbellosen.

So erbeuteten und fraßen nur wenige Springspinnen der asiatischen

Art *Hyllus diardi* solche Milchkräutwanzen, während sämtliche getesteten *Kukulcania hibernalis* (Filistatidae, Lochröhrenspinnen) verschiedener Entwicklungsstufen die Wanzen anstandslos fraßen. Gleiches gilt für asiatische *Heteropoda* sp. (Sparassidae, Riesenkrabbspinnen, Abbildung 4). *Peucetia lucasi* (Oxyopidae, Luchsspinnen) aus Madagaskar lehnten die Wanzen durchweg ab, ebenso verschiedene Geckos, beispielsweise Leopardgeckos (*Eublepharis macularius*). Adulte und junge vietnamesische Moosfrösche (*Teloderma corticale*), Jungtiere der Maurischen Geburtshelferkröte (*Alytes maurus*) sowie adulte und junge Exemplare verschiedener Krötenarten (Bufonidae) nahmen die Wanzen dagegen gerne, einige jedoch nur wenige Male, andere durchgängig.

Manche Springspinnen verschiedener Gattungen aus unterschiedlichen Erdteilen griffen die Milchkräutwanzen erst gar nicht an, was bei ihnen auf eine ererbte Vermeidung solcher aposematischer Färbungen schließen lässt. Andere erbeuteten sie zwar und begannen zu fressen, ließen dann aber los. Offenbar wirken also auch solche Milchkräutwanzen, die keine *Asclepias*-Nahrung erhalten, zumindest auf einige Fressfeinde ekelregend oder gar toxisch – kontrollierte Studien dazu könnten interessante Zusammenhänge aufzeigen.

Literatur

- [1] D. Sauer, D. Feier (1973). Studies on natural populations of *Oncopeltus fasciatus* (Dallas), the large milkweed bug. *Am Midl Nat*, 90, 13–37.
- [2] J. Woodring et al. (2007). Feeding, nutrient flow, and digestive enzyme release in the giant milkweed bug. *Physiological Entomology* 32 (4), 328–335.
- [3] M. R. Berenbaum, E. Miliczky (1984). Mantids and Milkweed Bugs: Efficacy of Aposematic Coloration Against Invertebrate Predators. *The American Midland Naturalist* 111 (1), 64–68.
- [4] E. C. Powell, L. A. Taylor (2020). Intraspecific variation in responses to aposematic prey in a jumping spider (*Phidippus regius*). *Ethology* 126, 1089–1097.

Kriton Kunz, Speyer

BIOINFORMATIK

Verstetigung des de.NBI-Netzwerks

Der Aufbau einer Bioinformatik-Infrastruktur in Deutschland wird vom BMBF seit dem Jahr 2015 betrieben. Dazu wurde die Fördermaßnahme „Deutsches Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur (de.NBI)“ (www.denbi.de) ins Leben gerufen mit der Aufgabe, Forschenden in den Lebenswissenschaften die Analyse großer Datenmengen zu ermöglichen. Nach Einrichtung der Infrastrukturbereiche Serviceangebote, Trainingskurse und Cloud-Computing steht nun eine Verstetigung dieser Bioinformatik-Infrastruktur durch Integration in die Helmholtz-Gemeinschaft an. Die Bundesregierung hat hierzu in ihrer jüngsten Finanzplanung dem Forschungszentrum Jülich Finanzmittel zur Verfügung gestellt, um die etablierte Bioinformatik-Infrastruktur langfristig zu betreiben.

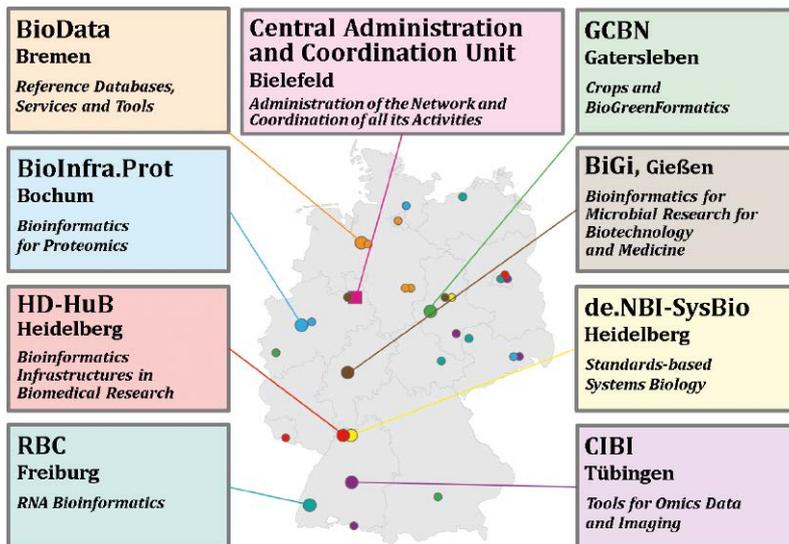


ABB. 1 Die de.NBI-Servicezentren. Die Lage der acht Servicezentren ist durch große farbige Kreise dargestellt. Die kleinen Kreise stellen Kooperationspartner dar. Die Geschäftsstelle in Bielefeld ist durch ein Quadrat gekennzeichnet.

In der lebenswissenschaftlichen Forschung fallen durch Einsatz moderner Hochdurchsatzanalysen oder auch durch innovative Bildgebungsverfahren immer größere Datenmengen an, die erst nach einer detaillierten Analyse zum gewünschten Erkenntnisgewinn führen. Um Forschenden den Umgang mit großen Datenmengen zu erleichtern, wurde vom BMBF die oben genannte de.NBI-Fördermaßnahme eingerichtet. Im de.NBI-Netzwerk sind 40 Projekte von führenden Bioinformatik-Gruppen in Deutschland angesiedelt, die insgesamt auf acht the-

matisch abgegrenzte Servicezentren verteilt sind (Abbildung 1). Die Servicezentren in Heidelberg, Bielefeld und Gatersleben sind organismisch ausgerichtet und beschäftigen sich mit humanen, pflanzlichen und mikrobiellen Daten. Zwei weitere Servicezentren in Bochum und Freiburg sind auf Zellkomponenten fokussiert und widmen sich Daten, die bei der Proteom- und der RNA-Analytik erhoben werden. Die übrigen drei Zentren in Bremen, Tübingen und Heidelberg sind methodisch angelegt und bearbeiten die Themen Datenbanken, Datenmana-

gement und Integrative Bioinformatik. Das gesamte de.NBI-Netzwerk wird von einem Koordinator mit Geschäftsstelle in Bielefeld geleitet.

Infrastrukturbereiche des de.NBI-Netzwerks

Als Hauptaufgaben wurden von den 40 de.NBI-Projekten zunächst die Infrastrukturbereiche Serviceangebote, Trainingskurse und Cloud-Ressourcen entwickelt (Abbildung 2). Zwei weitere Bereiche für internationale Kooperation und Industrieanbindung wurden zu einem späteren Zeitpunkt der Projektlaufzeit hinzugefügt.

Die **Serviceangebote** des de.NBI-Netzwerks stammen von den 40 beteiligten Projektgruppen. Hierbei handelt es sich um ausgewiesene Bioinformatik-Gruppen in Deutschland, die zu relevanten lebenswissenschaftlichen Themen Bioinformatik-Auswerteprogramme entwickelt haben und diese de.NBI-Nutzern zur Verfügung stellen. Die de.NBI-Webseite präsentiert eine Zusammenstellung dieser mehr als 160 Analysetools (<https://www.denbi.de/services>), die von Einzelprogrammen über Programmpakete bis hin zu Datenbanken reichen. In Abbildung 3 ist eine Auswahl an Serviceangeboten dargestellt, die Forschende aus den Lebenswissenschaften nutzen können.

Die Serviceangebote des de.NBI-Netzwerks werden durch den Infrastrukturbereich **Trainingskurse** ergänzt. In solchen Trainingskursen wird die Handhabung von Software-Tools sowie der Umgang mit erzielten Ergebnissen vermittelt. Im de.NBI-Netzwerk werden pro Jahr an die 70 Trainingskurse angeboten. Insgesamt wurden bisher rund 7.000 Nutzer geschult. Zusätzlich werden auch wissenschaftlich orientierte Sommerschulen durchgeführt, die sich an Forschende mit Bioinformatik-Kenntnissen richten (<https://www.denbi.de/training>).

Der Infrastrukturbereich **Cloud-Computing** liefert dem de.NBI-Netzwerk die notwendigen Rechen-

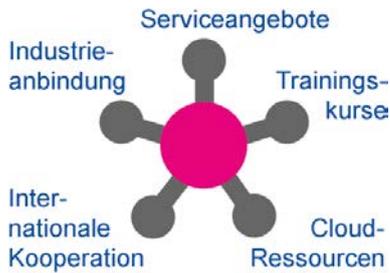


ABB. 2 Die fünf Infrastrukturbereiche des de.NBI-Netzwerks

kapazitäten zur Analyse von lebenswissenschaftlichen Daten. Hierzu wurde die förderierte de.NBI-Cloud an den sechs Standorten Berlin, Bielefeld, Gießen, Heidelberg, Freiburg und Tübingen etabliert. Die de.NBI-Cloud gilt in Deutschland als die größte akademische Rechnerstruktur in den Lebenswissenschaften. Es existiert ein de.NBI-Cloud-Verbundkonzept, das die sechs Standorte in eine einzige Plattform integriert. Das de.NBI-Cloud-Portal (<https://cloud.denbi.de/>) ist der zentrale Zugang für de.NBI-Nutzer. Als Bioinformatik-Infrastruktur steht die de.NBI-Cloud allen Forschenden in den Lebenswissenschaften gebührenfrei zur Verfügung.

Von Beginn an wurde dem de.NBI-Netzwerk die Aufgabe zuteil, die **internationale Kooperation** voranzutreiben. Diese Aufgabe konnte im Jahr 2016 umfassend mit dem Beitritt Deutschlands zur europäischen Bioinformatik-Infrastrukturorganisation ELIXIR gelöst werden.

In Deutschland wurde der nationale Knoten ELIXIR Germany (<https://www.denbi.de/elixir-de>) ins Leben gerufen, und das de.NBI-Netzwerk wurde beauftragt, die Basisarbeit für diesen deutschen ELIXIR-Knoten zu übernehmen. Die europäische Vernetzung stellt sicher, dass die Entwicklung einer nationalen Bioinformatik-Infrastruktur in Deutschland im Einklang mit der europäischen Entwicklung erfolgt.

Die jüngste Entwicklung im Infrastrukturbereich des de.NBI-Netzwerks betrifft die industrielle Anbindung. Dazu wurde das de.NBI-Industrieforum (<https://www.denbi.de/industrial-forum>) gegründet, in dem zurzeit rund 35 Firmen als Mitglieder geführt werden. Das de.NBI-Industrieforum bietet einschlägigen Industrieunternehmen Hilfestellung bei der Lösung von bioinformatischen Fragen an. Mitglieder des de.NBI-Industrieforums erhalten bevorzugt Zugang zu den etablierten de.NBI-Infrastrukturen.

Langfristige Finanzierung in der Helmholtz-Gemeinschaft

Die durch das de.NBI-Netzwerk erfolgreich aufgebaute Bioinformatik-Infrastruktur macht nur Sinn, wenn diese Infrastruktur in Zukunft sowohl von Forschenden aus den Lebenswissenschaften genutzt als auch den neuen Entwicklungen auf dem bioinformatischen Sektor angepasst wird. Der de.NBI-Koordinator war

daher von Beginn an gefordert, eine Lösung für einen dauerhaften Betrieb zu finden. Diese Aufgabe erwies sich zunächst als enorm schwierig und erfuhr erst vor kurzem wesentliche Unterstützung, als das Impulspapier „Bio-IT-Innovationen – Konvergenz von Biowissenschaften und Informationstechnologien“ des Hightech-Forums der Bundesregierung explizit das de.NBI-Netzwerk als ein Paradebeispiel für ein zukünftiges, innovatives Zentrum auf dem Grenzgebiet Bio- und Informationswissenschaften nannte [1]. Nach dieser Würdigung des de.NBI-Netzwerks erfolgte kurzfristig der entscheidende Schritt zur de.NBI-Verstetigung. Die Bundesregierung verfügte, dass das de.NBI-Netzwerk Aufnahme in die Helmholtz-Gemeinschaft finden soll. Diese Entscheidung wurde dadurch unterfüttert, dass dem Forschungszentrum Jülich zusätzliche Finanzmittel zum Betrieb der aufgebauten Bioinformatik-Infrastruktur zugewiesen wurden. Nun gilt es, in Absprache mit der Leitung des Forschungszentrums Jülich eine Einrichtung zu etablieren, die die Aufgaben des de.NBI-Netzwerks fortführt und insbesondere die etablierte Bioinformatik-Infrastruktur den Forschenden aus den Lebenswissenschaften zur Verfügung stellt. In diesen Überlegungen soll die Universität Bielefeld als Standort für die beiden Geschäftsstellen von de.NBI und ELIXIR Germany eine besondere Rolle spielen. Da die Integration der etablierten Bioinformatik-Infrastruktur in die Helmholtz-Gemeinschaft zu Beginn des Jahres 2022 erfolgen soll, bleibt nicht allzu viel Zeit, um den Übergang von einem BMBF-Projekt zu einer Helmholtz-Einrichtung zu finden.

Literatur

[1] https://www.hightech-forum.de/wp-content/uploads/htf_impulspapier_bio_it_innovationen.pdf



ABB. 3 Serviceangebote für die Lebenswissenschaften im de.NBI-Netzwerk

Alfred Pühler, Bielefeld

BOTANIK

Xylotheiken als Baumherbarien – ein Beitrag zur ökologischen Forstbotanik

Xylotheiken als Holzbibliotheken entstanden um 1800 und werden heute als wertvolle Objekte in einigen Naturkundemuseen ausgestellt, u. a. in Kassel (Ottoneum), auf Burg Guttenberg am Neckar, in Stuttgart-Hohenheim (Universität) und Ebersberg (Oberbayern). Sie stellen Baumherbarien dar: Ein buchähnlicher Kasten aus dem Holz und der Rinde des jeweiligen Baumes enthält alle botanisch wesentlichen Teile dieses Baumes. Xylotheiken sind eine Kombination aus Holzsammlung und Herbarium – sie veranschaulichen die ganze Naturgeschichte der Bäume eines Waldes.

Die historischen *Baum-Bücher* bestehen aus Holzschatullen bzw. Kästen mit Schubdeckeln in Buchformat und lassen sich senkrecht wie Bücher aufstellen. Auf dem „Buchrücken“ sind ein Stück Rinde und das Namensschild aufgeleimt. Das Holz des Kastens zeigt die verschiedenen Möglichkeiten des Holzschnittes – hier am Beispiel der Schildbach'schen Xylotheik in Kassel beschrieben. Aus *Splintholz* (junges Holz mit Wasserleitbahnen) besteht die vordere Buchseite. Die hintere Buchseite ist aus *Span-* oder *Spiegelholz* (Schnitt senkrecht durch den Stamm) gefertigt. Die obere Buchseite zeigt Astquerschnitte und die untere Buchseite besteht aus *Hirnbolz* (Quer-

schnitt durch den Stamm). Die Rinde auf dem Buchrücken zeigt häufig auch den Algen-, Pilz-, Flechten- oder Moosbewuchs [1] (Abbildung 1).

Im Inneren sind getrocknete Teile des Baumes und Präparate (manchmal auch künstliche Nachbildungen) aus allen Wachstumsperioden so angeordnet, dass sie auch eine ästhetische Wirkung auf den Beschauer haben. Zusätzlich sind ausführliche Beschreibungen auf Zetteln beigefügt. Mit der Gestaltung solcher Xylotheiken verfolgten die Autoren – Carl Schildbach (1730–1817, zuletzt kurfürstl. Oeconomie-Director) in Kassel und Candid Huber (1747–1813;

Benediktinermönch und Forstbotaniker) aus Ebersberg die Absicht, durch sie zum Dienste der „Natur-, Forst- und Cameral-Wissenschaft“ und auch für Liebhaber der Naturkunde alles Wissenswerte zu vermitteln [2].

Auch für die Forschung stellen Baumherbarien wertvolle Objekte dar. Standen damals ökonomische Interessen im Vordergrund – die Nutzung des Holzes und auch anderer Teile eines Baumes – so sind es heute ökologische Gesichtspunkte innerhalb der Forstbotanik, die als angewandte Botanik auch in der Zeit um 1800 ihren Anfang nahm. Anhand eines genauen Studiums dieser Xylotheiken lassen sich Informationen über den Zustand der Bäume vor über zwei Jahrhunderten und zum Naturverständnis dieser Zeit im Allgemeinen erzielen.

Zur Stieleiche – von Schildbach als *Windereiche* bezeichnet, im Juni blühend, enthält der Zettel forstbotanisch z. B. folgende Angabe: *Das harte Laubbolz wächst langsam in mittelmäßig guten, lockern etwas mit Sand melierten freien Standort zu 60 bis über 80 Fus Höhe. Die starken bolzigen festen Wurzeln dringen tiefer als flach in die Erde, breiten sich aus, und machen wenig Ausläufer.*

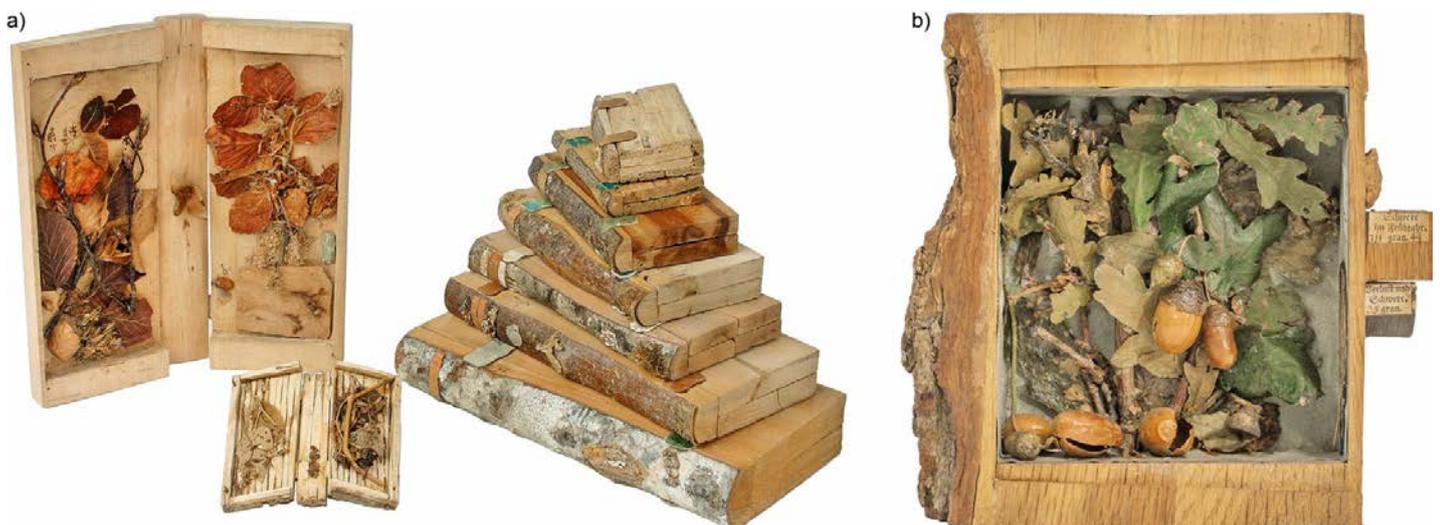


ABB. 1 Aus der historischen Xylotheik: a) Holzforschung München, TUM, b) Eiche, Naturkundemuseum Ottoneum Kassel. Fotos: a) Ralf Rosin, b) Peter Mansfeld.

Auf den Zetteln auf einem Holzwürfel ist die Dichte (als Schwere) im Herbst und Frühjahr, auf einem Stück Holzkohle der Verlust im Vergleich zum Holz und die *Kohlenbitze* mit 96 gr. Fahrenheit bzw. 28 gr. Reaumur (umgerechnet 36,6 °C bzw. 35 °C) angegeben. Und abschließend wird über den Nutzen berichtet [1]: *Das gute harte Holz vor die mebrsten Holz Arbeiten, zu langer Dauer. Zu Schif und Landbau. Die Schale zu Lohgerber Arbeit. Die Früchte zu Mast und Nabrung von Thier. Gibt Baubolz und Boblen und [ist] einer der nützlichsten Bäume.*



ABB. 2 Die Xylotheke 2020. Foto: G. Schwedt.



ABB. 3 Baumbuch „Rotbuche“. Foto: G. Schwedt.



ABB. 4 Baumbuch „Eichen“. Foto: G. Schwedt.

Herstellung eines Baumbuches heute

Baum-/Holzherbarien heute lassen sich als Anschauungsobjekte für einen Jahreszyklus unabhängig von der Jahreszeit einsetzen, und deren Anlage lädt zunächst auch zu einer genauen Beobachtung eines Baumes ein. Die Herstellung eines buchähnlichen Kastens nach historischem Vorbild wird heute nicht so einfach sein. Es bietet sich dafür jedoch eine kommerziell erhältliche Schachtel im Buchformat ([creativ company/www.cchobby.de](http://creativcompany/www.cchobby.de)) mit einer ovalen Öffnung mit Glasscheibe auf der Vorderseite zur Anlage eines Holz-/Baumherbariums an (Abbildung 2). In diese Öffnung kann man beispielsweise eine farbige Abbildung aus der Sammlung an Abbildungen aus „Deutschlands Flora“ von Johann Georg Sturm (1798) einfügen, die im Internet zu finden sind (siehe Beispiel Stieleiche). Auf der Rückseite der Schachtel wurde vom Autor jeweils eine Schwarz-Weiß-Abbildung aus dem Buch „Forstbotanik“ von Heinrich Fischbach (1827–1900) aufgeklebt. Beide Abbildungen beinhalten zugleich eine Anleitung bzw. detaillierte Hinweise, welche Teile des Baumes in Form des Herbariums gesammelt werden können.

Abbildung 2 zeigt die Ergebnisse aus der Sammelperiode im Herbst

2020 am Beispiel von Wald-/Gemeiner Kiefer (*Pinus sylvestris*), Fichte (*Picea abies*) und Tanne (*Abies alba*), Rotbuche (*Fagus sylvatica*, siehe auch Abbildung 3) sowie den drei Eichenarten (siehe auch Abbildung 4) Stieleiche (*Quercus robur*), Traubeneiche (*Q. petraea*) sowie amerikan./Roteiche (*Q. rubra*).

Es wurden Blätter der Stieleiche sowohl noch im grünen Zustand als auch nach der vollständigen Braunfärbung nach dem Trocknen in einer Pflanzenpresse im Innendeckel auf festem Papier aufgeklebt (mit Tesafilm befestigt, Abbildung 4). In einem Innenteil befinden sich Früchte von Stiel- und Traubeneiche und deren Fruchtkelch, Herbstblätter der Traubeneiche und in einem Plastiktäschchen (für Münzen) auch die Fruchtkelch der Roteiche (*Quercus rubra*). Der Holzquerschnitt einer Eiche ist in der oberen, rechten Ecke zu sehen – er stammt aus einem Sägewerk. Vom Holz sind zwei unterschiedliche Schnitte empfehlenswert – ein Längs- und ein Querschnitt. Im Holzkasten ist noch Platz für weitere Pflanzenteile aus der Blütezeit (Blütenstände), die ebenfalls aufgeklebt (zuvor getrocknet) oder in der genannten Plastiktasche eingefügt bzw. mit einer Folie überklebt werden können. Auf dem schmalen Buchrücken befinden sich die Namen und ein Stück Baumrinde.

Eine Konservierung der Früchte und anderer Teile erfolgte mit einem Haarspray – eine Veränderung war über eine Zeit von 6 Monaten nicht feststellbar. Die Einzelteile können mit Ziffern versehen auf einem Blatt erläutert und mit Datum und Standort des Baums versehen entweder dem Kasten beigelegt oder auch auf der Rückseite aufgeklebt und mit einer Klarsichtfolie überzogen werden. Im Baumbuch der Rotbuche wurden auch Herbstblätter in verschiedenen Verfärbungszuständen eingefügt – daran können beispielsweise die schrittweisen Vorgänge des Chlorophyllabbaus erkannt werden.

Ein solches Baumherbarium bietet zwei Vorteile: Der Sammler beobachtet das Baumleben über eine Vegetationsperiode und hat zum zweiten danach zu jeder Zeit die jeweiligen Pflanzenteile zur genauen

Betrachtung zur Verfügung, wozu auch eine Lupe oder die Verwendung eines Digitalmikroskops hilfreich sind.

Die Anlage einer solchen *Xylobek* ermöglicht es sowohl Forstleuten als auch Botanikern, vor allem als Lehrende, stets auf die gesamte Entwicklung eines Baumes blicken bzw. sie darstellen zu können. Nähere Untersuchungen sind so an herbstlichen Blättern im Frühjahr und Sommer, an Blütenständen auch im Winter möglich. Die heutigen Bestimmungsbücher enthalten zwar sehr gute farbige Abbildungen und beispielsweise auch Bestimmungsschlüssel zu Knospen, Blüten, Blättern und Früchten sowie Rinde [5]. Sie können jedoch die Betrachtung realer Objekte nicht ersetzen. Die Ökologie der Bäume, auch die Frage der Nachhaltigkeit, lässt sich bereits am zitierten Text aus dem Baum-

buch der Stieleiche von Schildbach (s. o.) diskutieren.

Literatur

- [1] A. Feuchter-Schawelka (2001). Carl Schildbachs „Holzbibliothek nach selbstgewähltem Plan“ von 1788. Eine „Sammlung von Holzarten, so Hessenland von Natur hervorbringt“, Stadt Kassel Naturkundemuseum (Hrsg.) 2001, Nachdruck 2012.
- [2] A. Feuchter-Schawelka, W. Freitag, D. Groszer (2001). Alte Holzsammlungen. Die Ebersberger Holzbibliothek: Vorgänger, Vorbilder, Nachfolger – Der Landkreis Ebersberg Geschichte und Gegenwart Band 8, Kreissparkasse Ebersberg (Hrsg.) 2001.
- [3] G. Schwedt (2021). Vom Baum zum Holz. Einführung in die Forstbotanik, Springer Spektrum, Heidelberg (in Vorbereitung).
- [4] H. Fischbach (1905). Forstbotanik, 6. Aufl. (Hrsg. R. Beck), Verlagsbuchh. J. J. Weber, Leipzig.
- [5] R. Lüder (2019). Bäume bestimmen – Knospen, Blüten, Blätter, Früchte, 2. Aufl., Haupt Verlag, Bern.

Georg Schwedt,
Bonn

PHYTOPATHOLOGIE

Das Immunsystem der Pflanze in einem Akt

Pflanzen verfügen über eine ausgeklügelte Strategie, um sich gegen pathogene Mikroorganismen zu verteidigen. Zunächst aktiviert die Erkennung des pathogenen Bakteriums Rezeptoren auf der Oberfläche der Pflanzenzelle, was zur Auslösung einer frühen, schnellen Verteidigungsantwort führt. Danach erkennen intrazelluläre Rezeptoren spezielle Proteine, die die Bakterien in die infizierten Pflanzenzellen schleusen, was eine zweite Verteidigungswelle auslöst. Während beide Reaktionen Gegenstand intensiver Forschung sind, zeigen neue Forschungsarbeiten, dass es sich dabei nicht um separate Reaktionen handelt, sondern dass sie sich gegenseitig verstärken.

Pflanzen sind ständig Angriffen durch Mikroorganismen ausgesetzt. Ihr Überleben hängt davon ab, Pathogene zu erkennen und entsprechende Maßnahmen zur Verteidigung zu ergreifen. Obwohl Pflanzen offensichtlich nicht in der Lage sind, Antikörper zur Neutralisierung der Pathogene zu produzieren, spricht man doch von dem „Immunsystem“ der Pflanze. Rezeptoren auf der Zell-

oberfläche erkennen Bakterien anhand von konservierten Signaturen, die man als ein „Pathogen associated molecular pattern“, kurz „PAMP“, bezeichnet. Ein solch konserviertes Molekül ist das Protein Flagellin, aus dem die Flagellen aufgebaut sind; jene Anhefte der Bakterienzelle, mit denen sich diese fortbewegen kann [1]. Die Aktivierung der PAMP-Rezeptoren auf der Zelloberfläche

führt zu einer Kaskade an molekularen Ereignissen in der Zelle, die eine erste Verteidigung gegen das Pathogen darstellt – die „PAMP-triggered immunity“, kurz PTI – um die Vermehrung der Bakterien zu verhindern. Dabei kommt es beispielsweise durch die Einlagerung bestimmter Zuckermoleküle, der Kallose, zu einer Verstärkung der pflanzlichen Zellwand. Ferner werden Gene aktiviert, die für antimikrobielle Proteine kodieren und die der Zelle helfen, sich gegen das Pathogen zu schützen. Im Zuge der PTI werden auch NADPH-abhängige Oxidasen aktiviert, die im extrazellulären Raum besonders reaktive Sauerstoffderivate produzieren, die die Vermehrung der pathogenen Bakterien beeinträchtigen.

Pathogene, die diese erste Verteidigungswelle überstehen, verfolgen eine ausgeklügelte Strategie, um diese PTI zu unterlaufen. Sie injizieren eine Reihe von Proteinen in die Zelle [2–4]. Diese sogenannten Effektorproteine unterdrücken ver-

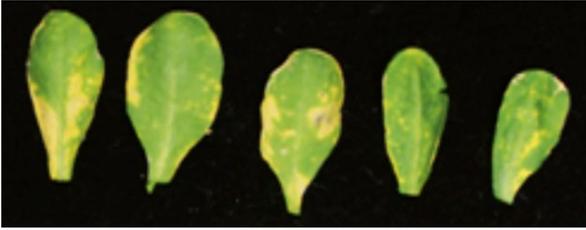


ABB. 1 Blätter einer mit *Pseudomonas syringae* infizierten *Arabidopsis*-Pflanze.

schiedene Reaktionen der PTI. Man könnte nun annehmen, dass damit ein strategisches Gleichgewicht erreicht ist – die Phytopathologie macht traditionell Anleihen in der militärischen Terminologie. Die Effektorproteine erweisen sich jedoch für die Bakterien als trojanisches Pferd: Pflanzen haben Mechanismen entwickelt, die Effektorproteine mit Hilfe von intrazellulären Rezeptoren zu erkennen. Das löst eine weitere Verteidigungswelle in der Pflanze aus, die „effector-triggered immunity“, kurz ETI, die im Allgemeinen schneller erfolgt und länger andauert als die PTI. Ein spezifisches Charakteristikum der ETI ist auch ein lokal begrenzter programmierter Zelltod, bei dem infizierte Zellen absterben, um dadurch die weitere Verbreitung der pathogenen Bakterien in der Pflanze zu verhindern – man nennt dies die hypersensitive Reaktion der Pflanze.

Generationen von Studierenden haben dieses „Zick-Zack“-Schema des Wettrüstens aus PTI, Überwinden der PTI und ETI zwischen Pflanze und Pathogen gelernt und versucht, sich die Unterschiede der zwei Verteidigungsreaktionen, die vor allem während der frühen Phasen beobachtet wurden, klar zu machen [5].

Volle Immunität erfordert eine Pathogendetektion in zwei Schritten

Aktuelle Forschungsergebnisse zeigen nun, dass diese zwei Stränge des pflanzlichen Immunsystems tatsächlich zwei Seiten der gleichen Münze sind [6, 7]. Dazu wurden PTI und ETI bei der Infektion der

Modellpflanze *Arabidopsis thaliana*, der Ackerschmalwand, mit *Pseudomonas syringae*-Bakterien (Abbildung 1) jeweils einzeln und zusammen untersucht. Alle pathogenen Bakterien verfügen über PAMPs. Deshalb war eine wesentliche Voraussetzung, einen Ansatz zu finden, die ETI ohne eine vorherige Aktivierung der PTI auszulösen. Die Teams von Jonathan Jones vom Sainsbury Laboratory in Norwich und Xiu-Fan Xin vom Center for Excellence in Molecular Plant Sciences in Shanghai haben dafür Pflanzen erzeugt, die ein bakterielles Effektorprotein direkt in der Pflanze produzieren [6, 7]. Dazu wurde das bakterielle Gen für das Effektorprotein unter Kontrolle eines durch Östrogen regulierbaren Promotors gestellt, so dass es durch Besprühen der Pflanzen mit Östrogen angeschaltet werden kann. Damit können frühe Ereignisse nach der Erkennung des Effektorproteins durch die Rezeptoren in der Pflanzenzelle untersucht werden. Ferner setzte das Team von Xiu-Fan Xin *Arabidopsis*-Mutanten ein, in denen PAMP-Rezeptoren nicht funktionell waren [7].

Beide Studien zeigten, dass die Aktivierung des intrazellulären Rezeptors durch ein Effektorprotein alleine wenig Wirkung hatte. Erst wenn zusätzlich der PAMP-Rezeptor durch Flagellin aktiviert wurde, zeigte sich eine volle Antwort. Interessanterweise verstärkte die Auslösung der PTI auch die hypersensitive Reaktion, eine klassische Reaktion der ETI. Umgekehrt flachte die PTI nach Aktivierung des PAMP-Rezeptors mit Flagellin schnell ab, wenn nicht anschließend die intrazellulären Rezeptoren durch Effektoren aktiviert wurden. Insbesondere wurde deutlich, dass unter den Genen, die während der ETI aktiviert wurden, viele Komponenten der PTI waren, was zur Verstärkung der PTI beiträgt.

Diese Ergebnisse bedeuten, dass sich die zwei Stränge des Immunsystems gegenseitig beeinflussen, so

dass beide zusammen mehr als die Summe der Teile sind und eine stärkere Verteidigung bewirken. „ETI ist gleichsam der Hersteller der Bombe, und PTI ist verantwortlich für die Zündung“, sagte Xiu-Fan Xin gegenüber der englischsprachigen Tageszeitung CHINADAILY. Es wird interessant sein zu sehen, wie weit verbreitet dieses Phänomen im Pflanzenreich ist, da diese Erkenntnisse möglicherweise zu neuen Ansätzen für die Herstellung resistenter Nutzpflanzen führen könnten, bei denen Komponenten aus beiden Strängen des Immunsystems in die Pflanzen gebracht werden, um einen stärkeren Effekt zu erzielen. Im Jargon für transgene Organismen wird das als „gene stacking“ bezeichnet [8].

Literatur

- [1] D. Chinchilla et al. (2006). The *Arabidopsis* receptor kinase FLS2 binds flg22 and determines the specificity of flagellin perception. *Plant Cell* 18, 465–476.
- [2] A. Collmer et al. (2000). *Pseudomonas syringae* Hrp type III secretion system and effector proteins. *Proc Natl Acad Sci U S A* 97, 8770–8777.
- [3] Z. Q. Fu et al. (2007). A type III effector ADP-ribosylates RNA-binding proteins and quells plant immunity. *Nature* 447, 284–288.
- [4] D. Mackey et al. (2002). RIN4 interacts with *Pseudomonas syringae* type III effector molecules and is required for RPM1-mediated resistance in *Arabidopsis*. *Cell* 108, 743–754.
- [5] J. D. Jones, J. L. Dangl (2006). The plant immune system. *Nature* 444, 323–329.
- [6] B. P. M. Ngou et al. (2021). Mutual potentiation of plant immunity by cell-surface and intracellular receptors. *Nature* 592, 110–115.
- [7] M. Yuan et al. (2021). Pattern-recognition receptors are required for NLR-mediated plant immunity. *Nature* 592, 105–109.
- [8] A. Lampropoulos et al. (2013). GreenGate – A Novel, Versatile, and Efficient Cloning System for Plant Transgenesis. *PLoS ONE* 8, e83043.

Dorothee Staiger,
Lehrstuhl für RNA Biologie und
Molekulare Physiologie, Fakultät
für Biologie, Universität Bielefeld,
Dorothee.staiger@uni-bielefeld.de

AUSSTELLUNG

Dinosaurier im Zoo Leipzig

Dieses Jahr werden im Zoo Leipzig 20 lebensgroße Dinosaurierexponate gezeigt. Die in Deutschland einzigartige Ausstellung ist von Don Lessem kuratiert, der für die Jurassic-Park-Filmreihe als Berater für Steven Spielberg tätig war. Im Zoo Leipzig übernahmen Biologiedidaktiker aus Frankfurt in enger Zusammenarbeit mit der Zooschule die didaktische Aufbereitung der komplexen Thematik. Ein Ziel der Ausstellung ist es, Bezüge zu rezenten und im Zoo gepflegten Tierarten herzustellen, um so allgemeinbiologisch relevante Themen zu vermitteln.

Die besondere Herausforderung der Dino-Ausstellung im Zoo Leipzig bestand darin, aktuelle wissenschaftliche Erkenntnisse der Dinosaurierforschung zu berücksichtigen und diese für ein breites Publikum interessant und verständlich zu verpacken. Durch immer wieder neue, zum Teil spektakuläre Funde ist die Dinosaurierforschung eine sehr dynamische Wissenschaft, die unsere Vorstellungen von den Dinosauriern ständig verändert. So weiß man heute, dass der Riesenvuchs z. B. von *Argentinosaurus* (Abbildung 1) oder *Brachiosaurus* (Abbildung 2) nur durch ein außerordentlich leistungsfähiges Atmungssystem möglich war, das dem der heutigen Vögel ähnelt.

Ein kompliziertes Luftsacksystem, das den ganzen Körper bis in die Knochen durchzieht, sorgte nicht nur für genügend Sauerstoff, sondern auch für ausreichend Kühlung und im Vergleich zur Größe geringeres Gewicht.

Tyrannosaurus rex (Abbildung 3), der am Ende der Kreidezeit an der Spitze der Nahrungskette stand, konnte wahrscheinlich nicht, wie ursprünglich vermutet, seine Beute mit an die 70 km/h verfolgen. Dafür waren erwachsene Tiere einfach zu schwer. Neuere biomechanische Untersuchungen legen eine viel niedrigere Höchstgeschwindigkeit von vielleicht 30 km/h nahe. Vermutlich war T. rex ein Lauerjäger, der auch Aas nicht verschmä-

te. Diese und viele weitere Informationen lassen sich den anschaulich und interessant gestalteten Infotafeln entnehmen (Abbildung 4). Mit Hilfe eines QR-Codes kann man sich die Texte auch anhören.

Brücke zu rezenten Tieren

Aber nicht nur aktuelle Forschungen wurden bei der Erstellung der Schilder berücksichtigt, auch die gesamte Ausstellungskonzeption ist neuartig, weil sie die ausgestorbe-



ABB. 2 Modell des *Brachiosaurus*.



ABB. 1 *Argentinosaurus* neben dem 46 Meter langen Zeitstrahl der Erdgeschichte. Alle Fotos: Zoo Leipzig.



ABB. 3 Modell eines *Tyrannosaurus rex*.



ABB. 4 Informationstafel zu Füßen des *Brachiosaurus*.



ABB. 5 *Maiasaura*-Kolonie mit Eiern, die von Sauriern der Gattung *Troodon* bedroht werden.

nen Tiere hinsichtlich ihrer Biologie mit heutigen Tieren des Zoos in Beziehung setzt. So können Gemeinsamkeiten und Unterschiede besonders gut herausgearbeitet werden. Ein *Brachiosaurus* beispielsweise erinnert mit seinem langen Hals und der abfallenden Rückenlinie auf den ersten Blick an eine etwas zu groß geratene Giraffe mit Elefantenbeinen. Der lange Hals dient in beiden Fällen der Erweiterung des Aktionsradius, der bei den Giraffen nochmals um die 50 Zentimeter lange Zunge verlängert wird. Während Giraffen ihre Nahrung jedoch vor und nach dem Wiederkäuen sorgfältig zermahlen, wurde die Pflanzenkost von Brachiosauriern lediglich abgerupft und unzerkaut geschluckt. Das belegen die fehlenden Backenzähne auch bei anderen, ähnlich großen Sauropoden. Die eigentliche Verdauungsarbeit müssen Mikroorganis-

men in den riesigen Gärkammern des Magen-Darm-Trakts geleistet haben.

Einige Dinosaurier, wie z. B. die *Maiasaura* (Gute-Mutter-Echse, Abbildung 5) haben offenbar Brutpflege betrieben und ähneln damit heutigen Vögeln, mit denen die Dinosaurier eng verwandt sind. Nahe beieinanderliegende, fossilisierte Nester mit Eiern, Embryonen und Jungtieren lassen den Schluss zu, dass die Jungtiere in Kolonien aufgezogen wurden, was einige Überlebensvorteile gerade für die relativ wehrlosen *Maiasaura* mit sich brachte. Diese Vorteile machen sich auch heutige Vögel, wie Flamingos oder Pinguine zunutze.

46 Meter langer Zeitstrahl der Erdgeschichte

Ein weiteres zentrales Anliegen der Ausstellung war die Veranschaulichung der unvorstellbaren Zeit-

dimensionen der Erdgeschichte. Zu diesem Zweck konzipierten die Frankfurter Biologiedidaktiker und Leipziger Zoopädagogen einen 46 Meter langen Zeitstrahl, der die 4,6 Mrd. Jahre dauernde Geschichte der Erde zeigt (Abbildung 6). Wichtige Informationen zur Evolution des Lebens, dem Klima und den Massenaussterbeereignissen wurden in den Zeitstrahl eingearbeitet. Bei einem Spaziergang entlang der Erdgeschichte können Besucher am eigenen Leib erleben, dass man zuerst ca. 8 Meter zurücklegen muss, bis vor ca. 3,8 Mrd. Jahren erste einzellige Lebewesen auf der Erde erscheinen. Etwa 13 Meter später wurde die Photosynthese „erfunden“, durch die sich im weiteren Verlauf Sauerstoff in der Atmosphäre anreichern konnte. Die Dinosaurier des Erdmittellalters erscheinen recht spät nach etwa 43 Metern, um dann 185 Mio. Jahre später durch einen Meteoriteneinschlag und dessen Folgen zu verschwinden. Für den modernen Menschen verbleiben auf dem Zeitstrahl nur die letzten zwei Millimeter. Das Zeitalter des Anthropozäns, das sie einläuten, könnte von einem weiteren Massenaussterben, verursacht durch menschliche Aktivitäten, geprägt sein.

Volker Wenzel, Michael Kubi,
Paul Dierkes,
Goethe-Universität Frankfurt
Axel Kästner, Zoo Leipzig



ABB. 6 Zeitstrahl der Erdgeschichte.



© Lorelyn Medina – FOTOLIA

DIE LABORSEITE

Isothermale Amplifikation – DNA vervielfältigen ohne PCR? Geht das?

Ja, das geht! Hinter dem Kürzel LAMP verbirgt sich eine Methode, mit der es möglich ist, ohne Thermocycler bei konstanter Temperatur DNA zu vervielfältigen. Prima, damit können wir also direkt an Ort und Stelle die DNA in einer frisch gesammelten Probe amplifizieren, um z. B. einen Erreger nachzuweisen.

Der Goldstandard versus LAMP

Seit mehr als 30 Jahren lernen und lehren wir, dass die Standardmethode zur schnellen Vervielfältigung von DNA-Fragmenten die Polymerasekettenreaktion – kurz PCR – ist. Wir alle wissen, dass man dafür die DNA zunächst bei etwa 95 °C denaturieren muss, dann lagern sich bei einer Temperatur zwischen 50 bis 70 °C die beiden Primer an, und schließlich werden bei 72 °C von der hitzestabilen DNA-Polymerase die neuen DNA-Stränge synthetisiert. Diese Temperaturwechsel erzeugt der Thermocycler („PCR-Maschine“) voll automatisch in schneller Abfol-

ge. Nach etwa 30 Zyklen – für die ein moderner Thermocycler etwa eine Stunde braucht – entstehen exponentiell Milliarden Kopien des gewünschten DNA-Fragments, das wir über die Wahl entsprechender Primer festgelegt haben.

Mit LAMP, der *Loop-mediated isothermal AMplification*, soll das alles nun bei gleichbleibender Temperatur – also ohne PCR-Maschine – gehen. Wie soll das funktionieren? Gleich vorneweg: Obwohl so einfach in der Anwendung, ist der zugrundeliegende Mechanismus, der von Notomie et al. 2000 erstmals beschrieben wurde [1], kompliziert,

und wir wollen hier nur das Grundprinzip vorstellen.

Ganz ähnlich wie bei der PCR werden für die isothermale Amplifikation Primer benötigt, die den Bereich eingrenzen, den man vervielfältigen möchte, aber anstelle von nur zwei Primern, werden vier bis sechs Primer benötigt. Außerdem muss man eine besondere DNA-Polymerase verwenden: Sie muss in der Lage sein, während der Elongation den Nicht-Matrizenstrang zu verdrängen. Das kann z. B. die *Bst*-DNA-Polymerase aus *Bacillus stearothermophilus* (Abbildung 1b und c).

Besonders kompliziert ist die Wahl und Verwendung der Primer. Auf jeder Seite werden mindestens zwei Primer benötigt (Abbildung 1a): ein Forward Internal Primer (FIP) bzw. Backward Internal Primer (BIP) sowie jeweils ein äußerer Primer dazu (F3 bzw. B3). Das Besondere am internen Primer ist, dass er am 5'-Ende mit einer Sequenz (F1c bzw. B1c) verlängert ist, die komplementär zu einer stromabwärts gelegenen Sequenz (F1 bzw. B1) ist, so dass der durch FIP bzw. BIP erzeugte DNA-Strang einen Loop (eine Schlaufe) ausbildet (Abbildung 1c). Daher also der Name *Loop-vermittelte Amplifikation* – der uns direkt zum eigentlichen LAMP-Grundprinzip führt: Zunächst werden in einem ersten Prozess hantelförmige DNA-Fragmente gebildet (Abbildung 2). An die äußeren Bereiche der Hanteln (den Loops) können nun wieder die FIP- bzw. BIP-Primer binden, so dass von hier ausgehend die DNA neu synthetisiert wird. Gleichzeitig findet auch eine Kettenverlängerung vom F1-Primer bzw. B1-Primer statt, was die „strangverdrängende“ DNA-Polymerase möglich macht. Am Ende entstehen fortwährend neue Fragmente, die aus Vielfachen der von den Primern eingerahmten Sequenz bestehen – Multimeren also, auch Konkatemere genannt (Abbildung 2). Die Choreographie dieses Prozesses ist so komplex, dass eine komplette Beschreibung das Format

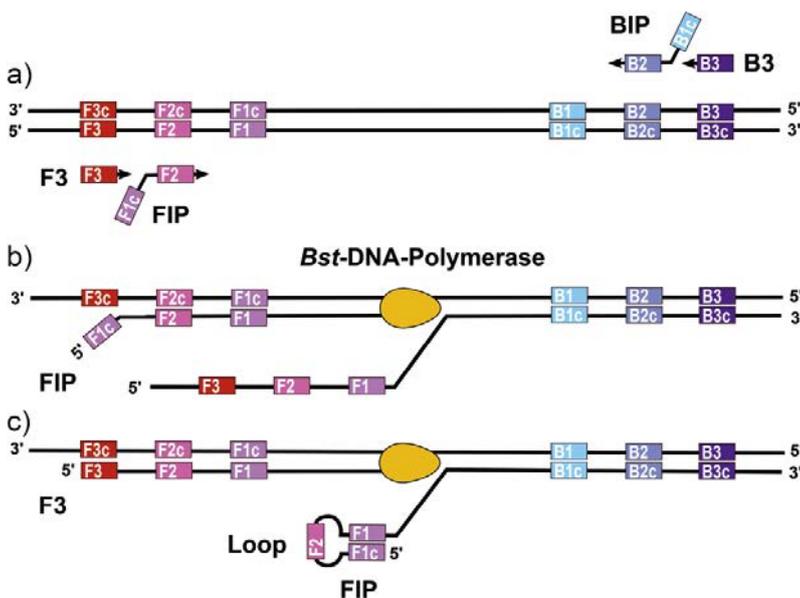


ABB. 1 Primer und Loopbildung unter Verwendung der strangverdrängenden *Bst*-DNA-Polymerase. a) Zielsequenz mit den Primer-Paaren FIP und BIP (Forward bzw. Backward Internal Primer) und den dazugehörigen äußeren Primern F3 und B3. Die identischen bzw. komplementären (mit c gekennzeichneten) Sequenzen sind auf der Ziel-DNA ebenfalls abgebildet. b) Polymerisation und Strangverdrängung durch die *Bst*-DNA-Polymerase ausgehend vom Primer FIP. c) Loop-Bildung im FIP-Primerbereich des verdrängten Stranges, Polymerisation des zweiten Stranges ausgehend von F3.

ABB. 2 Erzeugung der Hantelstrukturen und der konkatemeren Amplifikate. Ausgangspunkt der Konkatemerbildung ist die Polymerisation der am Loop bindenden Primer FIP bzw. BIP sowie der Primerenden F1 bzw. B1. Die Konkatemerbildung ist hier nur für eine Seite gezeigt.

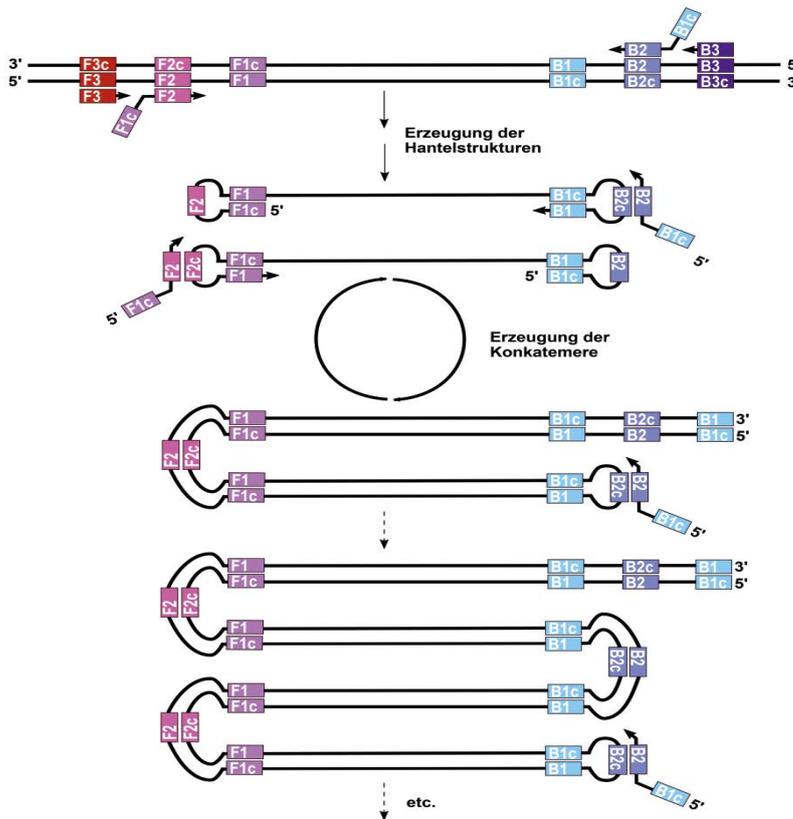


ABB. 3 Youtube-Video "Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP)" von New England Biolabs.

der „Laborseite“ sprengen würde. Eine sehr eindrucksvolle Animation der Abläufe finden Sie über den QR-Code (Abbildung 3), der zum Youtube-Video *Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP)* von New England Biolabs führt.

Nach maximal 30 Minuten – bei einer konstanten Temperatur von etwa 65 °C liegen Milliarden von Kopien des gewünschten Fragmentes vor, allerdings in Form von Multimeren in den unterschiedlichsten Längen („jüngere“ Fragmente sind kürzer, „ältere“ länger).

Nachweis der Amplifikate

Trennt man diese Fragmente im Agarosegel auf, erhält man eine ganze Leiter bis hin zu einem Schmier von Banden. Eine feinere Verfolgung der Amplifizierungsreaktion erfolgt mit der *Real Time*-Fluoreszenzmes- sung, indem man, ganz ähnlich wie bei der *Real Time PCR* mit Hilfe eines Fluoreszenzfarbstoffs, der sich in die DNA einlagert, die zunehmende DNA-Menge verfolgt, wofür allerdings eine entsprechende Apparatur notwendig ist. Für den Einsatz „im

Feld“ kann die amplifizierte DNA auch einfach durch die Einlagerung eines Farbstoffes nachgewiesen werden, der als kolorimetrischer Nachweis direkt im Reaktionsgefäß sichtbar wird. Noch einfacher und basaler ist der Nachweis über Magnesiumphosphat-Präzipitate. Hört sich kompliziert an, ist es aber nicht: Werden bei der DNA-Polymerisation *Nukleotide* in die wachsende Kette eingebaut, entsteht, sozusagen als Abfallprodukt, Pyrophosphat. Gibt man nun Magnesium dazu, fällt dieses als weißer Niederschlag in Form von Magnesiumphosphat aus, was mit bloßem Auge im Reaktionsgefäß sichtbar ist. Eine Trübung zeigt also an, dass ein Amplifikat der gesuchten DNA vorliegt.

Vor- und Nachteile der isothermalen Amplifizierung

Die Vorteile der LAMP liegen auf der Hand: Es werden keine teuren und komplizierten Geräte benötigt; ein Heizblock, Pipetten, ein paar Eppis und die Reagenzien genügen, daher kann sie direkt vor Ort bzw. beim Endverbraucher angewandt werden.

Sie ist hoch sensitiv und spezifisch, sehr schnell und bringt eine hohe Ausbeute [1]. Ein Nachteil ist, dass sie mit diesen vielen Primern nicht so leicht zu entwickeln ist. Außerdem ist es schwierig, mehrere verschiedene DNA-Fragmente in einem Ansatz nachzuweisen (kein einfaches „Multiplexen“).

Anwendungsbereiche

Die LAMP kann hervorragend in der klinischen oder Felddiagnostik eingesetzt werden. Sie eignet sich sehr gut als diagnostisches Werkzeug für fast jeden Erregertyp, selbstverständlich auch für den Nachweis von SARS-CoV2 [2]. Für das RNA-Virus muss allerdings zunächst noch eine *Reverse Transkriptase* zugesetzt werden, um die RNA des Virus in DNA umzuschreiben, die dann amplifiziert werden kann. Anwendung findet die LAMP auch in der Lebensmittelkontrolle, hier kann z. B. der Befall mit Schimmelpilzen direkt vor Ort nachgewiesen werden [3]. Im Umweltmonitoring kann z. B. die Anwesenheit von invasiven Muscheln (genauer deren Eier und Larven) im Oberflächenwasser identifiziert werden [4].

Literatur

- [1] T. Notomi et al. (2000). Loop-mediated isothermal amplification of DNA, *Nucleic acids research* 28, E63. <https://doi.org/10.1093/nar/28.12.e63>
- [2] V. L. Dao Thi et al. (2020). A colorimetric RT-LAMP assay and LAMP-sequencing for detecting SARS-CoV-2 RNA in clinical samples, *Science translational medicine* 12, <https://doi.org/10.1126/scitranslmed.abc7075>
- [3] L. Niessen (2018). The application of loop-mediated isothermal amplification (LAMP) assays for the rapid diagnosis of food-borne mycotoxigenic fungi, *Current Opinion in Food Science* 23, 11–22. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2018.02.007>
- [4] M. R. Williams et al. (2017). Isothermal amplification of environmental DNA (eDNA) for direct field-based monitoring and laboratory confirmation of Dreissena sp, *PLoS one* 12, e0186462, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0186462>

Dr. Heike Ziegler, Universität Kassel, Schüler- und Öffentlichkeitslabor Science Bridge e.V., Kassel

Der mütterliche Ernährungsstil und die Gesundheit der Nachkommen

Fast Food macht den Embryo krank

ANETTE CHRIST



Boris Gonzalez auf www.pixabay.com.

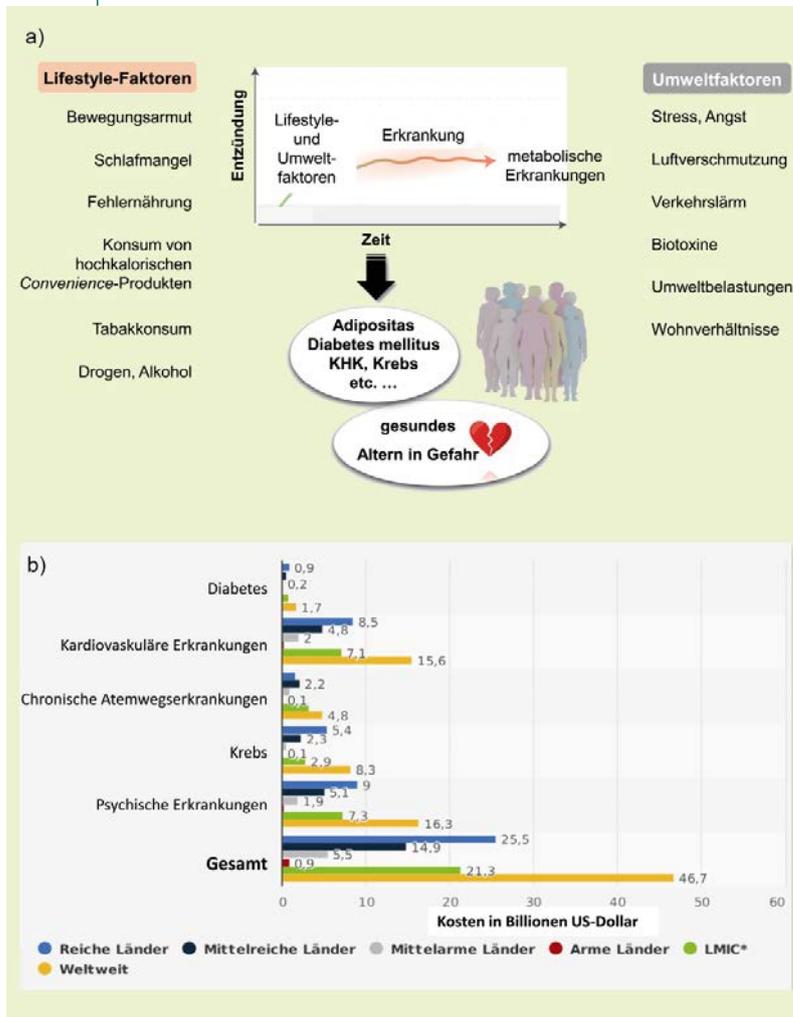
Die Umgebung im mütterlichen Uterus hat einen starken Einfluss auf den heranwachsenden Embryo und auf die Gesundheits- bzw. Krankheitsentwicklung in seinem späteren Leben. In diesem Zusammenhang ist auch die Rede vom Konzept der in utero-Entwicklungsprogrammierung bzw. der entwicklungsbedingten Ursprünge von Gesundheit und Krankheit während der Embryonalentwicklung (Hypothese des fetalen Ursprungs). Vor allem Ernährungsmuster der Mutter beeinflussen den Entwicklungsverlauf des Embryos durch eine Veränderung von dessen ► Epigenom. So kann der permanente Konsum von hochkalorischen ungesunden Convenience-Produkten während der Schwangerschaft dazu führen, dass die Nachkommen ein erhöhtes Risiko haben, im Jugend- und Erwachsenenalter Stoffwechselerkrankungen wie Adipositas, Diabetes mellitus Typ 2, Dyslipidämie und Herz-Kreislauferkrankungen zu entwickeln. Momentan wird daran geforscht, welche nahrungsassoziierten Programmierungsfaktoren einen Einfluss auf das Epigenom des Embryos und auf zukünftige Generationen und deren Gesundheitszustand haben könnten.

Adipositas und assoziierte chronisch-metabolische Erkrankungen stellen weltweit die größte Herausforderung für die Gesundheitssysteme im 21. Jahrhundert dar. Schon jetzt hat die Zahl der Adipösen im Erwachsenenalter globale pandemische Ausmaße erreicht. Laut WHO haben sich die weltweiten Fälle von Adipositas und die damit verbundenen Stoffwechselerkrankungen seit 1975 bis 2016 fast verdreifacht. Dies betrifft nicht mehr nur die Erwachsenen, sondern mehr und mehr auch Kinder und Jugendliche. Rund 80 Prozent der weltweiten Todesfälle gehen schon jetzt auf Adipositas und die damit assoziierten metabolischen Lifestyle-Erkrankungen zurück [1] (Abbildung 1). Im Jahr 2014 wurde der EU-Aktionsplan zu Childhood Obesity ins Leben gerufen – mit dem übergreifenden Ziel, den Anstieg von Übergewicht und Adipositas zu minimieren. Adipositas ist das Resultat eines komplexen Zusammenspiels von genetischen, umweltbedingten und sozioökonomischen Faktoren [2]. Genomweite Assoziationsstudien haben gezeigt, dass weniger als 20 Prozent des Adipositasrisikos auf konservierte genomische Variationen zurückzuführen sind und somit der Großteil der Heritabilität noch offen ist. Jüngste Studien belegen den Einfluss von Verhaltens- und Umweltfaktoren (u. a. Ernährung, Bewegung, Alkohol- und Tabakkonsum, Schlaf, Stress, und eine Reihe weiterer sozioökonomischer und ökologischer Faktoren) auf das Genomuster und die Genexpression [3].

Einfluss einer ungesunden Ernährungsweise auf den Embryo

Gen-Umwelt-Wechselwirkungen und umweltbedingte ► epigenetische Modifikationen beeinflussen die individuelle Gensignatur schon während der Embryonalentwicklung bis hin ins Erwachsenenalter und bieten eine Erklärung für die fehlende Heritabilität, die mit dem erhöhten Risiko für Adipositas assoziiert ist. Die Erkenntnis, dass die Ernährungsweise molekulare und epigenetische Veränderungen hervorruft, welche mit der Entwicklung chronischer Stoffwechselerkrankungen verknüpft sind, ist für die Gesellschaft von enormer Bedeutung. Das Bewusstsein für Gen-Umwelt-Interaktionen und langfristige Veränderungen der Genmuster lassen vermuten, dass metabolische

ABB. 1 | METABOLISCHE LIFESTYLE-ERKRANKUNGEN



a) Einfluss von Lifestyle- und Umweltfaktoren auf die Entstehung von chronischen metabolischen Erkrankungen. b) Kostenkalkulation für nicht übertragbare chronische Erkrankungen weltweit für den Zeitraum von 2011 bis 2030 (in Billionen US-Dollar); KHK: koronare Herzerkrankung. LMIC: Low and low middle income countries. Quelle: World Economic Forum – Harvard University, Statista 2018.

Dysfunktionen über Generationen hinweg weitergegeben werden, und Folgegenerationen somit ein erhöhtes Risiko zur Krankheitsanfälligkeit besitzen [4]. Der generelle Lebensstil der Eltern vor, aber vor allem der mütterliche Lebensstil während der Schwangerschaft, sind daher von enormer Bedeutung für das embryonale Epigenom und schädliche epigenetische Veränderungen der Nachkommen (Abbildung 2). Auf die Zeit während der Schwangerschaft und die damit assoziierten Auswirkungen auf die Gesundheit bzw. Krankheitsentwicklung eines Individuums vom Säuglingsalter bis zum Erwachsenenalter bezieht sich David Barkers Hypothese des fetalen Ursprungs. Das Ausmaß der Auswirkungen ist durch drei Merkmale gekennzeichnet: (1) die Latenz, (2) die Persistenz und (3) die (epi-)genetische Programmierung [5]. Damit grenzt sich Barkers Hypothese von der Hypothese des entwicklungsbedingten Ursprungs von Gesundheit und Krankheit, die die Umweltbedingungen vor und unmittelbar nach der Geburt betont, ab.

Es ist nach wie vor ungeklärt, welche Nahrungsmetabolite einen Einfluss auf die Entwicklungsprogrammierung des Embryos haben, ob es zu einer permanenten Umprogrammierung und damit zu einer assoziierten transgenerationalen Weitergabe kommt und ob diese Prozesse durch Lebensstilinterventionen, z. B. einem bewussten gesunden Ernährungsverhalten, rückgängig zu machen sind.

Die epigenetische transgenerationale Vererbung

Die Anzahl an veröffentlichten Studien, die sich mit der epigenetischen transgenerationalen Vererbung beschäftigen, hat in den letzten Jahren stark zugenommen. Viele Studien haben bestätigt, dass die Exposition gegenüber diversen Stimuli, u. a. schädliche Umwelteinflüsse, Biotoxine und Nahrungsmetabolite, während der Schwangerschaft *in utero* epigenetische Veränderungen hervorrufen [3, 6]. Eine der ersten Beobachtungsstudien, die die Umwelt-Gen-Interaktion untersuchte, zeigte, dass das Fungizid Vinclozolin, wenn ihm trächtige Ratten ausgesetzt waren, DNA-Methylierungsveränderungen in der Keimbahn förderte [7]. Die Exposition gegenüber weiteren Umwelteinflüssen, wie Hitze, Salzstress, chronischem Stress und Trauma, einer hochkalorischen fettreichen Diät, Ernährungsman- gel, Diabetes mellitus Typ 2 und Gestationsdiabetes, Alkohol- und Tabakmissbrauch und einer Vielzahl an Fungiziden, Herbiziden und Pestiziden (u. a. Atrazin, Glyphosat, Bisphenol A, Diethyltoluamid, Dichlorodiphenyltrichloroethan) führten in Tierversuchsmodellen mit Mäusen und Ratten zu epigenetischen transgenerationalen Modifikationen, die mit einem erhöhten Schadensrisiko und der Entwicklung diverser Erkrankungen in der Folgegeneration einhergingen [6]. Unter anderem wurden Hodenanomalien, Prostata-, Eierstock- und Gebärmuttererkrankungen, stoffwechselassoziierte Erkrankungen, Nierenerkrankungen, Anomalien des Immunsystems und Tumorentwicklungen in den Nachkommen beschrieben.

IN KÜRZE

- Bis zu einem Drittel der Frauen im reproduktiven Alter sind übergewichtig oder adipös und initiieren dadurch vermutlich einen **generationenübergreifenden Zyklus von chronischen Stoffwechselstörungen**.
- Die Nährstoffversorgung während der Schwangerschaft beeinflusst potenziell die **Anfälligkeit für Krankheiten** im Jugend- und Erwachsenenalter der Nachkommen.
- Nährstoffe greifen in das **Epigenom des heranwachsenden Embryos** ein: Der permanente Konsum von Fast Food beeinflusst den zellulären Metabolismus, die epigenetische Maschinerie und verändert letztlich das Genom des heranwachsenden Embryos und das seiner Nachkommen.
- Welche Nahrungsmetabolite einen Einfluss auf die Entwicklungsprogrammierung des Embryos haben, ob es zu einer **permanenten Umprogrammierung** kommt oder ob diese Prozesse reversibel sind, wird momentan erforscht.



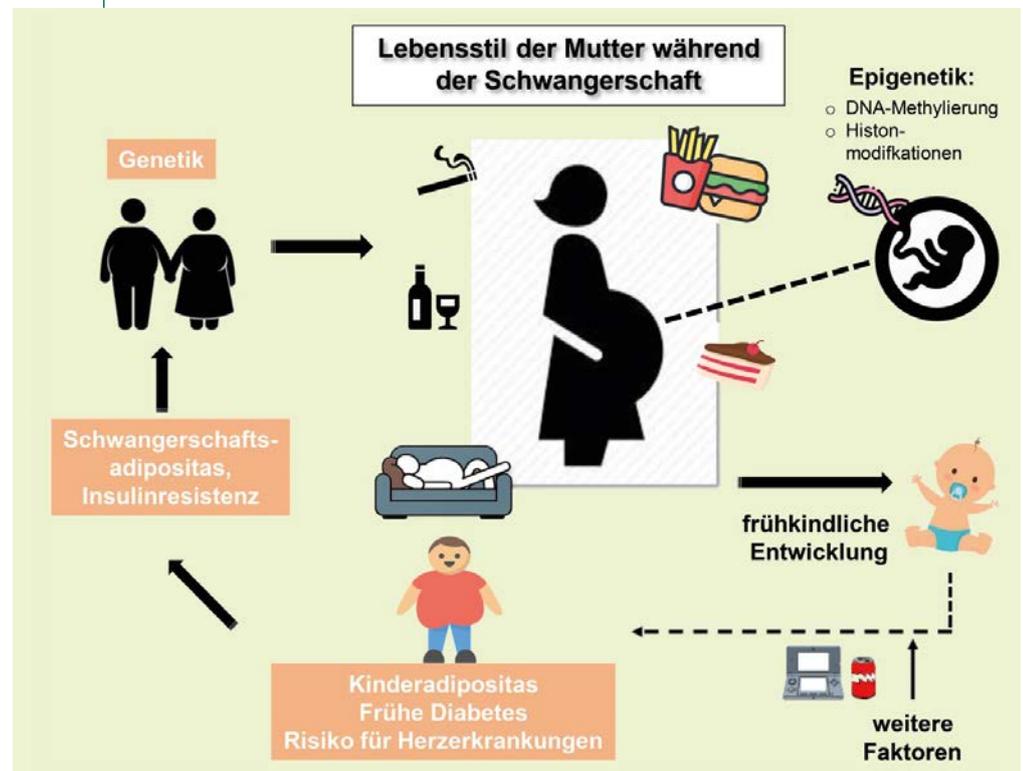
Die meisten bisher veröffentlichten epidemiologischen Langzeitstudien (meist in Tierversuchsmodellen etabliert) haben den Einfluss diverser Diäten (Mangeldiäten, hochkalorische fettreiche Diäten, zucker- und cholesterolreiche Diäten, pflanzenbasierte Diäten etc.) während der Schwangerschaft auf die Nachkommen untersucht [3, 4]. Unter anderem wurde gezeigt, dass Kinder, die mit einem geringen Geburtsgewicht geboren wurden, eine erhöhte Anfälligkeit für kardiovaskuläre Erkrankungen und Stoffwechselstörungen im adulten Alter aufwiesen [8]. Zudem besagt die „Sparsamkeits-Phänotyp-Hypothese“, dass eine schlechte fetale Ernährung im Erwachsenenalter zu erhöhter Adipositas mit verminderter Fettmobilisierung und Diabetes mellitus Typ 2 führt. Ursprünglich wurde vermutet, dass dieser Genotyp sich einen evolutionären Vorteil in der Energiespeicherung unter Hungersnotbedingungen verschafft, sich aber letztlich bei Nahrungsüberschuss nachteilig auswirkt [8]. Andererseits führte der mütterliche Konsum einer hochkalorischen fettreichen Diät in den Nachkommen zu einem erhöhten Körpergewicht und metabolischen Dysfunktionen im Fettgewebe, der Leber und der Bauchspeicheldrüse (Glukosetoleranz, Hyperglykämie, hepatische Insulinresistenz, metabolisches Syndrom). Eine Reihe von Genen (*Caln1*, *Irf1*, *Iqsec3*, *Mycbp2*, *Tmem236*), die mit metabolischen Funktionen und einer metabolischen Homöostase assoziiert sind, zeigten in den Nachkommen ein verändertes DNA-Methylierungsmuster [3, 4]. Ob dies auch mit den beschriebenen metabolischen Dysfunktionen zusammenhängt, bleibt zu untersuchen.

Zusammenfassend zeigen die bisherigen Studien, dass Lifestyle- und ernährungsbedingte epigenetische Mechanismen, die einen Einfluss auf die Entwicklungs- bzw. Neuprogrammierung des heranwachsenden Embryos ausüben, mit dem Krankheits- oder Gesundheitsgeschehen in den Nachkommen zusammenhängen. Während der Embryonalentwicklung gibt es also kritische Zeitfenster, die sensibel auf Umwelteinflüsse wie das mütterliche Ernährungsverhalten reagieren, das Epigenom langfristig beeinflussen, und u. a. das Risiko für Adipositas und damit assoziierte Komorbiditäten im späteren Leben erhöhen [3–6].

Epigenetische Mechanismen und ihre Auswirkungen

Epigenetische Mechanismen erlauben es einem Organismus, sich flexibel an Umgebungsveränderungen anzupassen.

ABB. 2 | EPIGENETISCHE TRANSGENERATIONALE VERERBUNG



Ein ungünstiger Lebensstil der Mutter während der Schwangerschaft prädisponiert sowohl die Mutter als auch das Kind für ungünstige Schwangerschaftsergebnisse – ein transgenerationaler Kreislauf von Adipositas und damit assoziierten chronischen Stoffwechselerkrankungen entsteht. Quelle: adaptiert nach [18].

Letztlich kommt es durch ein verändertes zelluläres Epigenom zu einer veränderten Genexpression, ohne dabei den genetischen Code zu verändern. Bestimmte Histon- und DNA-modifizierende molekulare Faktoren und Enzyme regulieren je nach Umweltstimulus die genomische Aktivität [9, 10]. Zu den epigenetischen Modifikationen zählen (1) die DNA-Methylierung von CpG-(Cytosin-Phosphorus-Guanin)-Dinukleotidreichen Bereichen der DNA, (2) Histonmodifikationen durch Histon-modifizierende Enzyme und (3) nicht-kodierende Ribonukleinsäuren (RNAs) (Abbildung 3). DNA-Methylierungsprozesse regulieren unter normalen Umständen die Zellentwicklung, die Zellhomöostase und weitere Zellfunktionen (u. a. die Genexpressionskontrolle, die Regulation der Chromatinstruktur und die Inaktivierung des X-Chromosoms in weiblichen Zellen). Unter homöostatischen Bedingungen ist die DNA-Methylierung gut ausbalanciert. Umweltfaktoren beeinflussen jedoch durch eine Veränderung der Methylaseaktivität (Anhängen von Methylresten an die CpG-reichen DNA-Bereiche) oder der Demethylaseaktivität (Abspalten von Methylresten in den CpG-reichen DNA-Bereichen) immer wieder das Epigenom und folglich das Genexpressionsmuster. Die Änderungen verbleiben dabei teils stabil und dauerhaft [10].

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 236 erklärt.

Histonmodifikationen sind komplex und werden wie bereits erwähnt durch modifizierende Enzyme (u. a. Deacetylasen und -methylasen, sowie Acetyltransferasen und Methylasen) induziert. Vor allem an Promoter- und Enhancer-spezifischen Genomstellen werden Histone durch das Anhängen oder Abspalten von Aminosäureresten (Lysin, Arginin), sowie Methyl- und Acetylgruppen an ihren N-terminalen Schwänzen modifiziert. Diese epigenetischen Modulationen regulieren die Chromatinstruktur und damit den Zugang der Transkriptionsmaschinerie zu den Promotoren und folglich die Transkriptionsaktivität innerhalb einer Zelle. Allgemein haben diese Modifikationen eine wichtige Funktion bei verschiedenen zellulären Prozessen, wie z. B. der Regulation der Gentranskription, DNA-Reparaturprozessen, dem Zellzyklus und der zellulären Stoffwechselkontrolle [9].

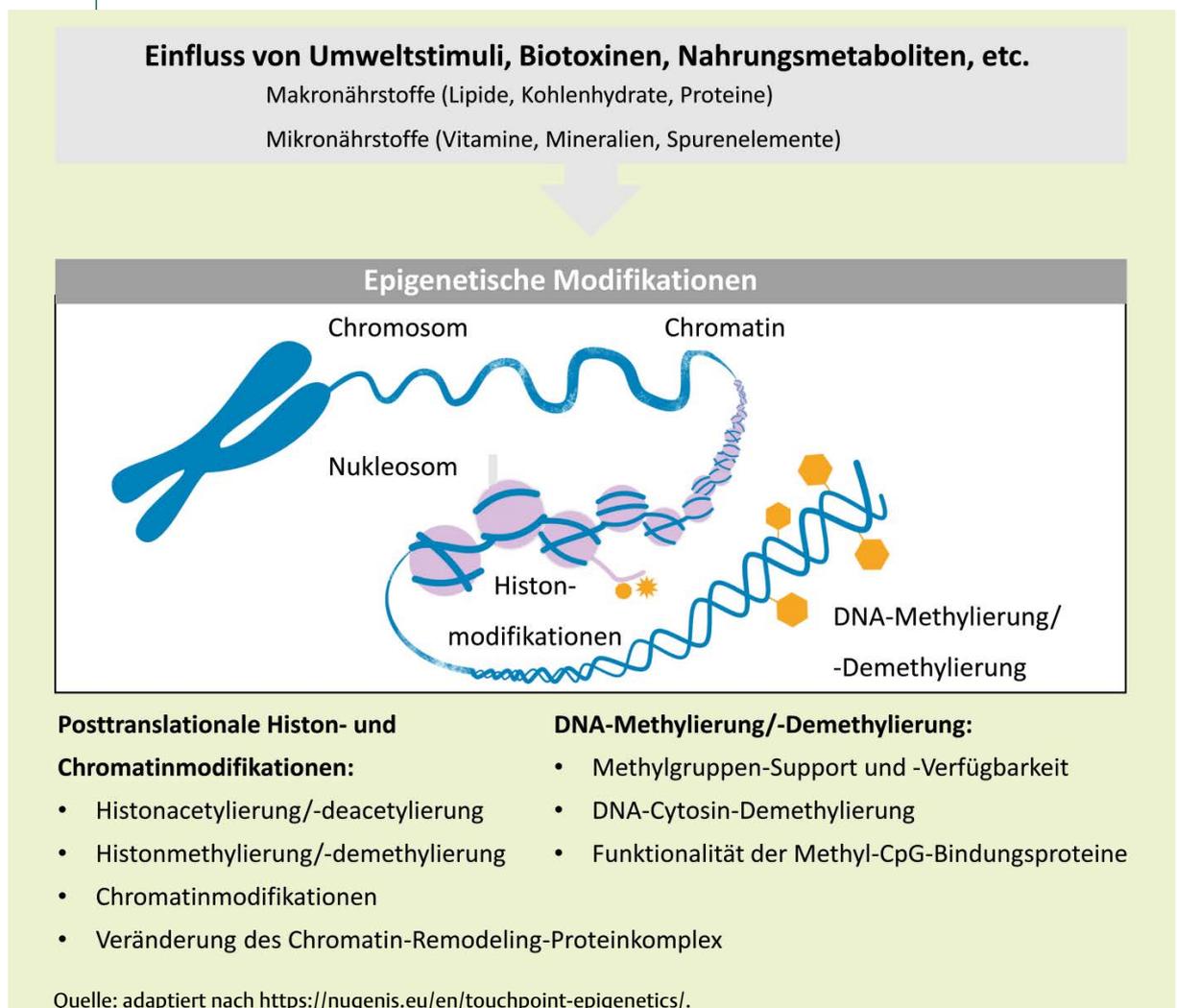
Die Embryonalentwicklung ist durch die Fähigkeit gekennzeichnet, auf Umweltveränderungen durch die beschriebenen epigenetischen Prozesse sehr plastisch zu

reagieren. Je nach Umweltstimulus kann dies dem sich entwickelnden Organismus während der Embryogenese Vorteile bringen, die überlebensnotwendig sind. Eine unausgewogene Ernährung oder bestimmte Umwelttoxine können diese Prozesse allerdings stören oder negativ beeinflussen und die DNA-Methylierungsmuster sowie Histone dauerhaft und nachteilig verändern. Generell haben Ernährungsmuster wie der Konsum von hochkalorischen und fettreichen Diäten, bestimmte Makro- und Mikronährstoffderivate (u. a. Betain, Cholin und Methionin), Vitamine (Vitamine des B-Komplexes, Folsäure, Vitamin D, Retinsäure) und sekundäre Pflanzenstoffe (Phytochemikalien: (Poly-)Phenole, Terpene, Carotinoide, Alkaloide und Aminosäuren) einen starken Einfluss auf das Epigenom [11].

Ernährungsmuster und ihre Effekte auf das embryonale Epigenom

Diverse publizierte Studien unterstützen mittlerweile die Hypothese, dass hochkalorische fettreiche Diäten während

ABB. 3 | MÖGLICHE EFFEKTE VON NAHRUNGSMETABOLITEN AUF DAS EPIGENOM UND EPIGENETISCHE PROZESSE





der Schwangerschaft den Stoffwechsel des Neugeborenen verändern. So zeigten Neugeborene von adipösen Eltern ein verändertes DNA-Methylierungsmuster in stoffwechselbezogenen Genen (Insulinrezeptorgen, Leptinrezeptorgen, Proopiomelanocortin-(POMC)-Gen, Neuropeptid-Y-Gen), welche das Körpergewicht, den Lipidstoffwechsel, die Insulinsekretion und die Energiehomöostase regulieren [12]. Im Gegensatz zu diesen Erkenntnissen, war mütterliche Unterernährung mit einer Insulinresistenz in den Nachkommen assoziiert, was auf eine Dysfunktion der β -Zellen (Abnahme der Zellmasse und beeinträchtigte Insulinsekretion) im Pankreas zurückzuführen ist [8].

Die Menge bzw. der Anteil von kurz- und langkettigen, sowie gesättigten und ungesättigten Fettsäuren, die mit der Nahrung aufgenommen werden, hat einen starken Einfluss auf den DNA-Methylierungszustand und die Expression relevanter Gene, die in metabolische Prozesse involviert sind [13]. Vor allem der primäre Konsum gesättigter Fette und Transfette während der Schwangerschaft ist mit schädlichen Auswirkungen auf die embryonale Programmierung sowie dem erhöhten Risiko, im späteren Erwachsenenalter kardiovaskuläre Erkrankungen zu entwickeln, assoziiert. Im Gegensatz dazu wirkte sich die Aufnahme von Omega-3-Fettsäuren aus nativem Olivenöl und Nüssen vorteilhaft auf den DNA- und Histon-Methylierungs- und Acetylierungszustand heranwachsender Embryonen aus und bewahrte nicht nur die metabolische Homöostase, sondern minimierte auch systemische Entzündungsreaktionen im Erwachsenenalter [13]. Auch die Nahrungsergänzung mit Fischöl während der Schwangerschaft wirkte sich über zwei Generationen vorteilhaft auf die DNA-Methylierungsmuster in der Leber aus, und korrelierte mit verminderten Lipidkonzentrationen im Blut, und einer erhöhten Insulinsensitivität. Darüber hinaus wurde gezeigt, dass hohe Glukosespiegel während der Schwangerschaft das Risiko in den Nachkommen erhöhen, an Diabetes mellitus Typ 2 zu erkranken [13].

Auch die ausreichende Versorgung mit Vitaminen und Mineralien wie Folsäure, Vitamin B12, Methionin, Zink, Betain und Cholin während der Schwangerschaft haben einen Einfluss auf die Entwicklung und epigenetische Reprogrammierung des Embryos (Zellwachstum, Proliferationsprozesse, Stoffwechselvorgänge, Entwicklung des Neuralrohres etc.). Eine Unterversorgung mit Folsäure während der Embryonalentwicklung ist u. a. mit schweren neurologischen Entwicklungsstörungen verbunden [14]. Ein Mangel bzw. ein Ungleichgewicht an Folat, Methionin, Vitamin B12 und Folsäure in der Schwangerschaft führte zu veränderten DNA-Methylierungsmustern und einer verminderten Expression der Gene *SIRT1* und *PRMT1* im Embryo, die mit einer Insulinresistenz und einer Erhöhung des Blutdrucks im Erwachsenenalter sowie mit einem höheren Bauch- und Körperfettanteil assoziiert waren. Cholin, Methionin und Folsäure fungieren zudem als wichtige Kofaktoren von Methylierungsreaktionen an der DNA, RNA und Proteinen, da sie die Verfügbarkeit und die

Positionierung von Methylgruppen und somit die Methylierung selbst beeinflussen [14]. Zinkmangel während der Schwangerschaft führte zu epigenetischen Veränderungen im Embryo, die mit einer Dysregulation der Immunhomöostase und der Entwicklung chronischer Erkrankungen im Erwachsenenalter gekoppelt waren [15] (Abbildung 3).

Ausblick

Adipositas und die assoziierten metabolischen Folgeerkrankungen sind mittlerweile als globale pandemische Krise anerkannt, die die Gesundheitskosten in die Höhe treiben und den Gesundheitssektor damit stark belasten [1]. Neben dem permanenten Konsum von ungesunden hochkalorischen *Convenience*-Produkten und einem Bewegungsmangel, oft ab dem frühen Kindesalter, modulieren diverse andere Umwelteinflüsse die Krankheitsentstehung mit. Wie in den vorherigen Abschnitten beschrieben, beeinflussen diese vielfältigen schädlichen Faktoren bereits den ungeborenen Embryo und führen zu nachteilhaften Veränderungen des Epigenoms während der Embryonalentwicklung und in den Nachkommen. Evolutionär betrachtet ist die epigenetische transgenerationale Vererbung ein schützender konservierter Mechanismus, der das Epigenom der Nachkommen vorteilhaft an diverse Umweltfaktoren anpasst und somit ihr Überleben sichert. Im Zuge des modernen westlichen Lebensstils wirken sich diese Adaptationen allerdings negativ aus und erhöhen das Risiko für eine ganze Reihe an chronisch metabolischen Erkrankungen. Neueste Forschungsstudien versuchen durch Sequenzierungstechniken u. a. Adipositas-spezifische epigenetische Signaturen in den Spermien und den Eizellen, aber auch im sich entwickelnden Embryo zu identifizieren, die zukünftig als mögliche Biomarker herangezogen und zu frühzeitigen therapeutischen Entwicklungsinterventionen genutzt werden könnten [16].

Bisherige Erkenntnisse über die epigenetische transgenerationale Vererbung entstammen primär aus Tierversuchstudien. Ausgedehnte humane Studien sind zukünftig notwendig, um das Phänomen der epigenetischen transgenerationalen Vererbung im Zusammenhang mit Adipositas und chronisch-metabolischen Erkrankungen im Menschen noch besser zu verstehen. Der Fokus sollte hier neben der elterlichen Keimbahnanalyse auch auf der Analyse von molekularen Veränderungen in den somatischen Zellen und Geweben liegen. Ein weiterer Faktor, der im Zusammenhang mit der epigenetischen Umprogrammierung des Embryos zukünftig stärker berücksichtigt werden muss, ist die ernährungsbedingte Zusammensetzung der mütterlichen \blacktriangleright Darmmikrobiota [17]. Diverse Studien haben gezeigt, dass ernährungsbedingte \blacktriangleright intestinale Dysbiosen und dadurch ausgelöste systemische Entzündungszustände einen starken Einfluss auf die Entstehung von Adipositas und zahlreichen weiteren chronischen Krankheiten haben. Es ist zudem belegt worden, dass eine maternale intestinale Dysbiose sich negativ auf das Epigenom

des heranwachsenden Embryos auswirkt und den Methylierungszustand der DNA in Adipositas-assoziierten Genombereichen modifiziert. Eine bewusste pflanzenbasierte und ballaststoffhaltige Ernährung sowie die Supplementierung mit Prä- und Probiotika, insbesondere während der Schwangerschaft, senken hingegen das Risiko der Nachkommen u. a. an Adipositas zu erkranken [17]. Weitere Studien am Menschen in diesem Bereich sollten zukünftig die bisherigen Erkenntnisse stärken und die Entwicklung weiterer Therapeutika unterstützen.

Zusammenfassend ist festzuhalten, dass die mütterliche Ernährungsweise epigenetische Prozesse und die metabolische Programmierung während bestimmter Zeitfenster der embryonalen und frühen postnatalen Entwicklung modulieren kann. Letztlich kann die mütterliche Ernährung einen lebenslangen Einfluss auf das Genom der Nachkommen haben und deren Risiko erhöhen, komplexe chronische Krankheiten im späteren Jugend- und Erwachsenenalter zu entwickeln. Es bleibt weiterhin offen, welche nahrungsassoziierten Programmierungsfaktoren einen Einfluss auf das (Epi-)genom des Embryos und auf zukünftige Generationen und deren Gesundheitszustand haben könnten. Die spezifische Wirkung einzelner Metabolite, die modulierend auf das embryonale Epigenom wirken, wird momentan erforscht. Generell ist festzuhalten, dass eine gesunde bewusste Ernährung der Mutter von großer Bedeutung für die Gesundheit zukünftiger Generationen ist. Dies sollte sowohl durch die Wissenschaft, als auch durch die öffentliche Politik viel stärker kommuniziert werden.

Zusammenfassung

Die mütterliche in utero-Umgebung beeinflusst die embryonale Entwicklung und die ihrer Nachkommen. Das Konzept der Entwicklungsprogrammierung bzw. der entwicklungsbedingten Ursachen von Gesundheit und Krankheit im Erwachsenenalter basiert auf der Hypothese, dass der mütterliche Lebensstil und die Exposition gegenüber diversen Umweltstimuli während der Schwangerschaft zu epigenetischen Modifikationen (Änderung der Histon- und DNA-Methylierungsmuster) und somit einer langfristigen Veränderung des Genoms führen können. Bestimmte maternale Ernährungsmuster, wie der Konsum von fettreichen ungesunden Nahrungsprodukten, sind dadurch mit einem erhöhten Risiko für die Entwicklung von chronischen Stoffwechselerkrankungen wie Adipositas und Diabetes mellitus Typ 2 im späteren Erwachsenenalter der Nachkommen assoziiert. Auf welche Art bestimmte Nahrungsmetabolite das Epigenom des Embryos und zukünftiger Generationen beeinflussen, und ob diese Modifikationen von Dauer oder reversibel sind, bleibt zu erforschen.

Summary

The impact of Fast Food on the embryonic development and its offspring

The maternal in utero environment influences embryonic development and that of the offspring. The concept of developmental programming, or developmental causes of health and disease in adulthood, is based on the hypothesis that maternal lifestyle and exposure to diverse environmental stimuli during pregnancy can lead to epigenetic

GLOSSAR

Darmmikrobiota (Darmflora): Die Gesamtheit der Mikroorganismen (Bakterien, Viren etc.), die den Darm des Menschen, wie auch den fast aller Tiere, besiedeln und für den Wirtsorganismus von entscheidender Bedeutung bei der Prozessierung von Nahrungsmitteln sind. Die meisten Bakterien befinden sich im Dickdarm.

DNA-Methylierung: Prozess, bei dem Methylgruppen durch die Methyltransferase an das DNA-Molekül angehängt werden. Eine solche Methylierung kann die Aktivität des DNA-Abschnitts verändern, ohne die DNA-Sequenz zu verändern.

Epigenetische Modifikationen: Durch Umweltstimuli induzierte Veränderungen in der Genexpression, die nicht die Gensequenz verändern, aber vererbt werden können.

Epigenetische transgenerationale Vererbung: Beschreibt die Weitergabe epigenetischer Modifikationen und die damit assoziierten Funktionsveränderungen von Zellen und Geweben an die Nachkommen bzw. die Folgegenerationen.

Epigenom: Beschreibt die Gesamtheit von epigenetischen Zuständen, zu welchen der DNA-Methylierungszustand und der Modifizierungszustand der Histone gehören. Änderungen des Epigenoms können zur Veränderung der Genexpression führen.

Das Epigenom ist somit an der Regulation der Genexpression, der Differenzierung von Zellen und Geweben sowie deren Funktionalität beteiligt. Das Epigenom kann durch die Umgebung dynamisch verändert werden.

Histonmodifikationen: Posttranslationale Modifikationen der Histonproteine (Veränderung der Chromatinstruktur durch das Anhängen oder Abspalten von chemischen Gruppen), die die Genexpression beeinflussen.

Intestinale Dysbiose: Bezeichnet ein Ungleichgewicht der Darmflora, hervorgerufen u. a. durch übermäßigen Alkoholkonsum, Einnahme von Medikamenten wie Antibiotika oder Kortison, oder Fehlernährung. Bei einer Dysbiose überwachsen die schädlichen oder pathogenen Bakterienstämme die symbiotischen oder kommensalen Stämme und führen zu Entzündungsprozessen und chronischen Darmerkrankungen.

Sparsamkeits-Phänotyp-Hypothese: Besagt, dass ein reduziertes embryonales Wachstum stark mit einer Reihe von chronischen Erkrankungen (koronare Herzkrankheit, Schlaganfall, Diabetes mellitus Typ 2, Bluthochdruck) im späteren Leben verbunden ist. Diese erhöhte Anfälligkeit resultiert daraus, dass sich der Embryo in einer nährstoffarmen Umgebung entwickelt.



modifications (alterations of histone and DNA methylation patterns) and thus long-term alterations of the genome. Certain maternal dietary patterns, such as the consumption of high-fat unhealthy diets, are thereby associated with an increased risk of developing chronic metabolic diseases such as obesity and type 2 diabetes mellitus in the later adulthood of the offspring. The way in which certain dietary metabolites influence the epigenome of the embryo and future generations, and whether these modifications are permanent or reversible, remains to be investigated.

Schlagworte

Schwangerschaftsadipositas, Uterusumgebung, epigenetische Reprogrammierung, Embryonalentwicklung, chronische Stoffwechselstörungen der Nachkommen.

Literatur

- [1] NCD Risk Factor Collaboration (NCD-RisC) (2017). Worldwide trends in body-mass index, underweight, overweight, and obesity from 1975 to 2016: a pooled analysis of 2416 population-based measurement studies in 128.9 million children, adolescents, and adults. *Lancet* 390, 2627–2642.
- [2] https://ec.europa.eu/health/sites/default/files/nutrition_physical_activity/docs/childhoodobesity_actionplan_2014_2020_en.pdf
- [3] H. S. Lee (2015). Impact of maternal diet on the epigenome during in utero life and the developmental programming of diseases in childhood and adulthood. *Nutrients* 7, 9492–9507.
- [4] Y. Pasternak et al. (2013). Maternal nutrition and offspring's adulthood NCD's: a review. *J Matern Fetal Neonatal* 26, 439–4.
- [5] D. Almond, J. Currie (2011). Killing me softly: The fetal origins hypothesis. *J Econ Perspect* 25, 153–172.
- [6] M. Manikkam et al. (2012). Transgenerational actions of environmental compounds on reproductive disease and identification of epigenetic biomarkers of ancestral exposures. *PLoS ONE* 7, e31901.
- [7] E. Nilsson et al. (2018). Vinclozolin induced epigenetic transgenerational inheritance of pathologies and sperm epimutation biomarkers for specific diseases. *PLoS ONE* 13, e0202662.
- [8] C. N. Hales, D. J. Barker (2001). The thrifty phenotype Hypothesis. *Br Med Bull* 60, 5–20.
- [9] E. Li (2002). Chromatin modification and epigenetic reprogramming in mammalian development. *Nat Rev. Genet.* 2002, 3, 662–673.
- [10] R. J. Klose, A. P. Bird (2006). Genomic DNA methylation: the mark and its mediators. *Trends Biochem Sci* 31, 89–97.
- [11] K. Ramirez-Alarcon et al. (2019). Epigenetics, Maternal Diet and Metabolic Reprogramming. *The Open Biology Journal* 7, 45–51.
- [12] A. Soubry et al. (2015). Newborns of obese parents have altered DNA methylation patterns at imprinted genes. *Int J Obes* 39, 650–7.
- [13] K. Gonzalez-Becerra et al. (2019). Fatty acids, epigenetic mechanisms and chronic disease: a systematic review. *Lipids in Health and Disease* 18, 178.
- [14] S. W. Choi, S. Friso (2010). Epigenetics: A new bridge between nutrition and health. *Adv Nutr* 2010, 1, 8–16.
- [15] C. P. Wong et al. (2015) Zinc deficiency enhanced inflammatory response by increasing immune cell activation and inducing IL6 promoter demethylation. *Mol Nutr Food Res* 59, 991–9.
- [16] T. J. G. Chambers et al. (2016). High-fat diet disrupts metabolism in two generations of rats in a parent-of-origin specific manner. *Sci Rep* 6, 31857.
- [17] Y. Li (2018). Epigenetic mechanisms link maternal diets and gut microbiome to obesity in the offspring, *Front Genet* 9, 342.
- [18] T. Moholdt, J. A. Hawley (2020). Maternal Lifestyle Interventions: Targeting Preconception Health. *Trends Endocrinol Metab* 8, 561.

Verfasst von:



Nach dem Studium der Biomedizin in Tübingen und Marseille erwarb Anette Christ ihren PhD an der RWTH Aachen, sowie dem Universitätsklinikum Maastricht. In dieser Zeit beschäftigte sie sich mit den Grundlagen des Immunsystems im Zusammenhang mit der Entstehung von kardiovaskulären Erkrankungen. Seit Ende 2013 arbeitet Frau Christ als wissenschaftliche Mitarbeiterin im Team von Prof. Eicke Latz im Institut für Angeborene Immunität am Universitätsklinikum in Bonn. Einen Großteil ihrer wissenschaftlichen Postdoc-Zeit verbrachte sie an der UMass Medical School in Worcester, USA, wo sie sich primär mit den Einflüssen eines modernen westlichen Lebensstils und v. a. dem Konsum von Convenience Food, auf das Immunsystem beschäftigte. Seit 2018 arbeitet sie als Junior-Arbeitsgruppenleiterin im Team von Prof. Latz. Der Fokus ihrer Arbeit liegt u. a. auf klinischen und soziologischen ernährungsbasierten Verhaltensstudien im Zusammenhang mit Stoffwechselerkrankungen wie Adipositas und Diabetes mellitus Typ 2, und auf der strategischen Umsetzung einer gesunden nachhaltigen Ernährungsweise. In diesem Zuge absolviert sie momentan nebenberuflich einen M. Sc. in Public Health.

Korrespondenz:

Dr. Anette Christ
 Institute of Innate Immunity
 University Hospital Bonn
 Sigmund-Freud Str. 25
 53127 Bonn
 E-Mail: christa@uni-bonn.de



**Rekonstruktion von
Edmontosaurus annectens.**
Grafik: Dirk Baum,
Die Infografen.

Eine Dinograbung
in Frankfurt

Edmonds Urzeit

DIETER UHL | PHILIPPE HAVLIK

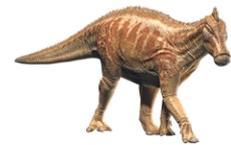
Im Frankfurter Senckenberg Naturmuseum werden derzeit Dinosaurier ausgegraben. Hier erfahren die Besucher/-innen nicht nur, wie diese Riesen vor 70 Millionen Jahren lebten, sondern erleben live wie Forschung funktioniert.

Dinosaurier sind gleichzeitig ein spannendes Forschungsfeld, um vergangene Lebewesen und deren Ökosysteme zu begreifen, und ausgezeichnete Botschafter, um Wissenschaft für alle erlebbar zu machen. Paläontologische Forschung lebt von herausragenden Fundstellen und deren systematischer Untersuchung. Viele Museen und Forschungsinstitute sind mit solchen Fundstellen eng verbunden; im Falle des Senckenberg Naturmuseums Frankfurt ist dies die Grube Messel. Die physische Distanz zwischen Museum und Grabung macht hier jedoch den Fundort als authentischen Wissenschaftsort für die Besucher/-innen des Museums kaum erlebbar. Aus diesem Grund wurde im Projekt „Edmonds Urzeitreich“ ein Ausschnitt einer Fundstelle direkt ins Museum gebracht. Gerade in Zeiten steigender Skepsis gegenüber naturwissenschaftlich fundierten Ergebnissen ist ein Ziel des Projekts „Edmonds Urzeitreich“, geologisch-paläontologische Forschung durchzuführen, diese zu kommunizieren und vielleicht sogar dazu beizutragen, dass wir aus der Erdgeschichte für bevorstehende Klimaveränderungen lernen können.

Das Projekt „Edmonds Urzeitreich“

Unter dem Titel „Edmonds Urzeitreich“ eröffnete am 5. Juni 2020 am Senckenberg Naturmuseum Frankfurt eine

außergewöhnliche Sonderausstellung. Ein 20 m² großer und rund 30 Tonnen schwerer Ausschnitt eines Dinosaurier-Bonebeds, also einer Anreicherung von nicht zusammenhängenden Knochen von Dinosauriern in einer Fundschicht, wurde in der Weite Wyomings (USA) in 16 „handliche“ Teile zerlegt, geborgen, auf Paletten verpackt und nach Frankfurt verschifft [1]. In dem gesamten Block befinden sich hunderte, wenn nicht tausende Knochen von Wirbeltieren, aber auch unzählige weitere Überreste eines ganzen Ökosystems, das entlang ausgedehnter, verflochtener Flusssysteme vor 70 Millionen Jahren im Westen der heutigen USA existierte. Um dieses Ökosystem besser zu verstehen, wurde seit 2018 ein Team aus rund 20 Wissenschaftlern von Senckenberg und verschiedenen Universitäten zusammengestellt, die dieses Ökosystem interdisziplinär erforschen wollen. Erste Ergebnisse ihrer Untersuchungen wurden in der Sonderausstellung aufgegriffen und dienen – stark personalisiert – direkt dem Public Understanding of Research. Dank der Zusammenarbeit mit unserem amerikanischen Partner, dem Wyoming Dinosaur Center (<https://wyomingdinosaurcenter.org/>), konnte die extrem aufwendige Bergungstechnik für dieses bislang einzigartige Projekt entwickelt und umgesetzt werden. National Geographic hat das Ganze von Anfang an medial begleitet, so dass sowohl im Museum als auch im Internet jeder Schritt von der Prospektion im Gelände bis zur Grabung in Frankfurt miterlebt werden kann (<https://www.nationalgeographic.de/edmonds-urzeitreich>). Herzstück des Projektes ist allerdings die paläontologische Grabungsstelle, die sich nun in einem eigens errichteten Bauwerk im Innenhof des Senckenberg Naturmuseums in Frankfurt befindet. Darin graben Wissenschaftler/-innen,



Präparator/-innen und Studierende der Geowissenschaften vor den Augen der Besucher/-innen diese Fossilagerstätte aus. Gleichzeitig stehen sie den Besucher/-innen als Informationsquelle zur Verfügung und vermitteln so individuelle, authentische Informationen nicht nur zum Bonebed direkt aus erster Hand.

Die Idee, eine Dinosauriergrabung aus dem fernen Wyoming nach Frankfurt am Main zu transportieren und diese vor den Augen der Museumsbesucher im Senckenberg Naturmuseum auszustellen, entstand bereits im Dezember 2017 [1]. Der immense logistische Aufwand und die gewissenhafte Auswahl des Grabungsortes machten mehrere Geländekampagnen in den Jahren 2018 und 2019 notwendig. Die Fundstelle des *Edmontosaurus*-Bonebeds befindet sich unweit des Ortes, an dem vor 110 Jahren eines der wertvollsten Ausstellungsobjekte der Senckenberg Gesellschaft entdeckt wurde: Edmond, die sechs Meter lange Mumie eines *Edmontosaurus annectens*. Ein Team von mehr als 20 Personen grub im Juni und Juli 2019 wochenlang in den Weiten des Niobrara County im Osten des US-Bundesstaates Wyoming nach den Dinosaurierknochen. Dabei kam schweres Gerät zum Einsatz: Neben Baggern und Geländestaplern wurden die Gesteinsblöcke mit diamantbesetzten Kettensägen in transportfähige Formate gebracht [1] (Abbildung 1). In Containern überquerte das Bonebed den Atlantik und wurde in Frankfurt wieder zusammengesetzt. Aufgrund des sehr hohen Gewichtes und den damit verbundenen Anforderungen an die Statik des Untergrundes musste die Grabung im Innenhof des Museums platziert werden. Zum Schutz der Fossilien und des Grabungsteams wurde dann von der Künstlergruppe YRD.Works eine Einhausung entworfen und angefertigt [1] (Abbildung 2). Unter optimalen Bedingungen, die im Gelände in Wyoming nicht erreicht werden könnten, können hier nicht nur alle Einzelfunde (also auch solche, die bei einer normalen Grabung im Gelände oft übersehen werden) freigelegt werden (Abbildung 3), sondern vor allem die Befunde, z. B. die exakte Position



ABB. 1 Behutsam wird jeder der 16 Blöcke für den Transport vorbereitet. Foto: Janosch Boerckel.



ABB. 2 Der Pavillon, der die Grabungsfläche vor Wind und Wetter schützt, ist ein Kunstwerk der Künstlergruppe YRD.Works. Foto: Janosch Boerckel.



ABB. 3 Im Museum in Frankfurt kann ohne Zeitdruck und unter optimalen Bedingungen gegraben werden. Foto: Sven Tränkner (Senckenberg).

IN KÜRZE

- Das Projekt „Edmonds Urzeitreich“ ist die bisher einzigartige Verbindung einer **hochinteraktiven Ausstellung mit einer paläontologischen Ausgrabung** nach modernsten Standards.
- Ein großer **Gesteinsblock eines Dinosaurier-Bonebeds** wurde aus Wyoming ans Senckenberg Naturmuseum Frankfurt transportiert, um dort vor den Augen der Besucher/-innen ausgegraben zu werden.
- Doch damit nicht genug: Parallel dazu ist ein Team von Geowissenschaftlern dabei, das **Ökosystem vor 70 Millionen Jahren multidisziplinär** zu erforschen.
- Dabei rekonstruieren sie nicht nur die Temperatur und Botanik vergangener Zeiten, sondern **ganze Nahrungsketten** aus einer Zeit vor 70 Millionen Jahren und weisen sogar Waldbrände nach.

jedes Fundstücks, mittels modernster Lasertechnologie millimetergenau, dreidimensional dokumentiert werden. Darüber hinaus wurde ein Teil der Dauerausstellung rund um die Mumie von Edmond im Museum umgestaltet und erläutert nun alles Wissenswerte zur Geologie des Fundgebietes, der großen historischen Bedeutung und natürlich zur aktuellen Forschung an der Mumie, an dem Bonebed und vor allem an dem Ökosystem, in dem all diese Lebewesen lebten.

Die Dinosauriermumie im Senckenberg Naturmuseum

Edmond, die Dinosauriermumie befindet sich bereits seit mehr als 100 Jahren am Senckenberg Naturmuseum Frankfurt (Abbildung 4). Gefunden wurde die Mumie im September 1910 von Charles M. Sternberg, einem der Söhne des „Dinosaur Hunters“ Charles H. Sternberg, im Quellgebiet des South Schneider Creeks im Niobrara County. Bereits im Jahr davor hatten die Sternbergs in derselben Gegend zwei *Triceratops*-Schädel entdeckt, die sie später an Senckenberg verkauften. Die Sternbergs erkannten sofort, dass es sich bei dem neuen Fund um etwas Besonderes, nämlich eine Dinosauriermumie mit erhaltenen Hautabdrücken, handelte. Bereits wenige Jahre zuvor

hatten sie in der Region eine solche Mumie ausgegraben, die heute eines der Glanzstücke in der Ausstellung des American Museum of Natural History in New York bildet. Nachdem die Mumie unter schwierigsten Bedingungen ausgegraben und zur nächsten Bahnstation transportiert worden war, bot Sternberg sie verschiedenen Museen zum Kauf an. Fritz Drevermann, der damalige Direktor des Senckenberg-Museums, konnte den Fund dank der großzügigen finanziellen Unterstützung durch den langjährigen Mäzen Arthur von Weinberg für Senckenberg sichern. Die Präparation der Mumie verzögerte sich dann in Frankfurt bedingt durch die Wirren des 1. Weltkriegs, so dass die Mumie erst 1920 in der Ausstellung der Öffentlichkeit präsentiert werden konnte [2]. Seit dieser Zeit bildet sie ein, zeitweise leider etwas vergessenes, Glanzstück der Ausstellung in Frankfurt.

Neben dem fast vollständigen Skelett und einem der weltweit am besten erhaltenen Schädel eines *Edmontosaurus* zeigt die Mumie auch in verschiedenen Bereichen Abdrücke der mit unterschiedlichen Schuppen bedeckten Körperoberfläche. Bei der Präparation wurde innerhalb des mit Sediment verfüllten Bauchraums auch eine Ansammlung von Pflanzenresten gefunden, die damals als Reste des Mageninhalts gedeutet wurden [3]. Dieser Fund



ABB. 4 Die Mumie des *Edmontosaurus annectens*, die 1911 in Wyoming entdeckt wurde, ist eines der Glanzstücke der Ausstellungen im Senckenberg Naturmuseum Frankfurt. Foto: Sven Tränkner (Senckenberg).



wurde seitdem von Saurierforschern immer wieder quasi als „Kronzeuge“ für die Nahrungspräferenzen von Entenschnabeldinosauriern zitiert. Jedoch zeigte eine aktuelle Studie, die auch bislang nicht bearbeitetes Material aus dem Bauchraum der Mumie mit berücksichtigte, dass dieses Pflanzenmaterial wohl einfach durch die Strömung des Flusses, in dem die Leiche lag, zusammen mit Sand in den Bauchraum hineingespült wurde [4]. In einer derzeit laufenden Studie konnten auch erstmals Pollen und Sporen aus den die Mumie umgebenden Sedimenten isoliert werden, die uns neue Informationen zur Umwelt von Edmond liefern können [5].

Wyoming: ein Eldorado für Dinosaurierforscher

Wyoming befindet sich im Westen der USA, zwischen den Bundesstaaten Montana im Norden und Colorado im Süden. Wyoming ist mit rund 250.000 km² etwas kleiner als Italien, hat aber nur rund 500.000 Einwohner (also deutlich weniger als die Stadt Frankfurt am Main mit etwa 760.000 Einwohnern). Das Klima ist extrem kontinental, mit trockenen, kalten Wintern und heißen, sehr wechselhaften Sommern. Die Geologie Wyomings ist geprägt von mehreren Nord-Süd-gerichteten Becken und dazwischenliegenden, sehr alten Rumpfgebirgen. Die Becken werden seit der Triaszeit sukzessive verfüllt, wobei sich Landablagerungen und Meeresablagerungen abwechselten. Durch die Auffaltung der Rocky Mountains wurden die Beckensedimente am Rand steilgestellt, wodurch alle Gesteinsschichten großflächig an der Oberfläche aufgeschlossen sind. Das extreme Klima in Wyoming führt zur Bildung einer inversen Baumgrenze, so dass sich in den Tallagen durch Wassermangel weite Grasländer ausbreiten konnten, während die Wälder in den Gebirgsketten von den häufigeren Niederschlägen profitieren. Außerdem kommt es kaum zur Bildung von Böden, die den Untergrund durch Vegetation vor Erosion schützen würden. Daher sind weite Gebiete zu sogenannten Badlands geworden, in denen jeder Gewitterregen erneut Sediment weg transportiert und die schweren Dinosaurierknochen dabei förmlich freispült (Abbildung 5). Es wundert deshalb kaum, dass man bei einem Spaziergang in Wyoming fast unweigerlich über Fossilien stolpert. Ständig werden neue Funde freigespült, die in der weitläufigen Farmlandchaft auf ihre Entdeckung warten.

Solche Funde wurden bereits von den amerikanischen Ureinwohnern entdeckt und spiegeln sich in Fabelwesen der Sioux-Mythologie. Systematisch wurden die Fossilien seit der zweiten Hälfte des 19. Jahrhunderts erforscht, insbesondere im Zuge des Ausbaus der Eisenbahnverbindungen. Die beiden Wirbeltierpaläontologen Othniel C. Marsh und Edward D. Cope lieferten sich z. B. einen erbitterten Wettstreit um immer mehr bis dato unbekannte Dinosaurier, was in den so genannten Bone-Wars mündete. In ihrer Folge machten sich viele Dinosaur Hunter auf die Suche nach Fossilien, die sie dann an Museen, Forschungs-



ABB. 5 Die Fundstelle des Senckenberg-Edmontosaurus-Bonebeds liegt fernab der Zivilisation. Die nächste Siedlung ist rund 50 Meilen entfernt.
Foto: Jonas Eiden.

einrichtungen oder an betuchte Privatsammler veräußerten. Einer der erfolgreichsten dieser Dinosaur Hunter war Charles H. Sternberg, der zusammen mit seinen drei Söhnen die Überreste von Edmond fand. Noch heute suchen viele Privatsammler auf Farmland im Niobrara County nach Fossilien, was in Wyoming – das Einverständnis der Landbesitzer vorausgesetzt – völlig legal ist. Auf diese Weise geraten zahlreiche neue Dinosaurierfunde in private und öffentliche Museen weltweit, darunter sowohl das Wyoming Dinosaur Center als auch das Senckenberg Natur-

DAS SENCKENBERG-EDMONTOSAURUS-BONEBED

Herkunft: Niobrara County, Wyoming, USA

Fläche & Gewicht: 20 m² mit einem Gewicht von rund 30 Tonnen.

Ausdehnung: Auf einer Fläche von rund zwei Quadratmeilen konnte der Fundhorizont prospektiert werden, dann verschwindet er in den Hügeln. Daher ist anzunehmen, dass die Ausdehnung des Bonebeds durchaus erheblich größer ist.

Alter: ca. 70 Millionen Jahre, am Ende der Kreidezeit, kurz vor dem Aussterben der meisten Dinosaurier.

Fundschicht: Flussablagerungen und Stillwasserablagerungen aus der Lance-Formation.

Klima: Paratropisch (tropische Klimabedingungen außerhalb der geographischen Tropen).

Inhalt: Dinosaurierknochen und -zähne, Schildkröten, Eidechsen, Säugetiere, Muscheln und Schnecken, Blätter, Samen, Abdrücke von Baumstämmen, Holzkohle, Bernstein, Pollen und Sporen.

Die Ausstellung „Edmonds Urzeitreich“ wurde verlängert: Sie ist vom 26. Mai bis zum 24. Oktober 2021 zu den Öffnungszeiten des Museum zu besichtigen. Bitte beachten Sie mögliche Museumsschließungen im Rahmen der Pandemie.



ABB. 6 Der Jochbogen eines *Edmontosaurus annectens* wird vor der Bergung sorgfältig gefestigt. Foto: Zsofia Hajdu (Senckenberg).

museum. Oft werden jedoch bei dieser Art der Grabung Befunde nur teilweise erfasst. Häufiger als vollständige Skelette sind sogenannte Bonebeds, in denen scheinbar wirt durcheinander Knochen verschiedener Individuen und Arten liegen. Diese bieten aber eine einzigartige Übersicht über die Biodiversität eines lange vergangenen Ökosystems.

Was sind Bonebeds?

Meist finden sich von urzeitlichen Wirbeltieren lediglich einzelne Knochen und Zähne, die dann in der Regel nicht am Ort ihres Todes konserviert wurden, sondern durch



ABB. 7 Highlight der Grabung sind Zähne von Raubdinosauriern, hier der eines *Tyrannosaurus rex* kurz nach der Bergung. Foto: Sven Tränkner (Senckenberg).

Umwelteinflüsse später aufkonzentriert wurden, sogenannte Konzentrat-Lagerstätten. Diese Anreicherungen von Knochen können, je nach Entstehungsgeschichte sehr kleinräumig (wie etwa in Karstspalten), aber auch sehr weiträumig sein. Man bezeichnet sie als Bonebeds (Knochenlager). Auch wenn solche Anreicherungen im Fossilbericht ausgesprochen häufig sind, ist ihre Entstehungsweise oft komplex und daher bisher weitgehend ungeklärt. Sicher ist, dass unterschiedliche Faktoren zur Konzentration der Fossilien führen: Oft wurden Knochen von Flüssen zusammenschwemmt, so dass in einigen Fällen in einem Bonebed von wenigen Zentimetern Mächtigkeit Fundstücke aus hunderten bis tausenden Jahren kondensiert vorliegen. Es gibt Möglichkeiten, die Entstehungsbedingungen von Bonebeds abzuschätzen, z. B. über die Häufigkeit von Langknochen im Verhältnis zu Wirbelknochen, die jeweils ein ganz anderes Erhaltungspotenzial haben, oder aber über den Grad der durch Transport verursachten Abrundung zerbrochener Knochenelemente.

Im Falle des Bonebeds aus Wyoming ist die Entstehung eine der zentralen Forschungsfragen, die geklärt werden sollen, und erste Puzzlesteine fügen sich zu folgendem Bild: Die Knochen können zum größten Teil einer Gattung der Entenschnabeldinosaurier, *Edmontosaurus*, zugeordnet werden (Abbildung 6). Untergeordnet kommen Reste von *Triceratops* und Zähne von *Tyrannosaurus rex* (Abbildung 7) vor, daneben sind Sumpfschildkröten und Krokodile sowie Knochenhechte häufig. Dies, zusammen mit entsprechenden Funden fossiler Pflanzen, deutet darauf hin, dass es offensichtlich stehende Süßgewässer gab, entlang denen große Pflanzenfresser auf Nahrungssuche waren, gefolgt von den riesigen Top-Prädatoren. Die Knochen sind überwiegend gut erhalten, was darauf hindeutet, dass sie nach dem Tod nicht weit transportiert wurden. Dennoch sind keine zusammenhängenden Skeletteile erhalten. Die Ausdehnung des Bonebeds ist enorm: Auf einer Fläche von 2 × 2 Meilen konnte es an allen natürlichen Aufschlüssen im Umfeld des Bergungsortes wiedergefunden werden, und es bleibt anzunehmen, dass die Ausdehnung noch deutlich größer ist. Somit müssen hier Überreste tausender Individuen vorliegen. Ob es sich dabei um Lebewesen handelt, die in etwa zeitgleich lebten, oder ob sie aus unterschiedlichen Schichten zusammenschwemmt wurden, ist ungewiss; sicher ist allerdings, dass die Flüsse, die für die Ablagerung der Sandsteine an der Fundstelle verantwortlich waren, ein riesiges Sedimentpaket innerhalb geologisch betrachtet sehr kurzer Zeit aufgehäuft haben. Daher ist es wahrscheinlich, dass die Überreste in dem Bonebed in etwa gleich alt sein dürften. Nähere Ergebnisse erhoffen wir durch geochemische Untersuchungen zu erhalten.

Die Umwelt vor 70 Millionen Jahren

Das Ende der Kreidezeit war die Blütezeit der großen Dinosaurier. Es herrschten weiträumig paratropische Bedin-



ABB. 8 Neben zahlreichen Wirbeltierfossilien verraten vor allem Pflanzenfossilien wie dieser Kurztrieb eines Nadelbaumes (*Metasequoia* sp.) viel über das Ökosystem vor fast 70 Millionen Jahren. Foto: Manuel Gerhart (Senckenberg).



ABB. 9 Oft sind die kleinsten Funde die wertvollsten: Nur dank der sehr genauen Grabungsmethode können Säugetierzähne, wie dieser 5 mm lange Prämolare, entdeckt werden. Foto: Manuel Gerhart (Senckenberg).

gungen, also tropenartige Bedingungen außerhalb der tropischen Klimazone. Dies liegt daran, dass die CO₂-Konzentration in der Atmosphäre deutlich höher war als dies heute der Fall ist und somit wechselwarme Tiere wie etwa Krokodile selbst in der Antarktis überleben konnten. Beide Polkappen waren eisfrei und in den Gemäßigten Breiten breiteten sich üppige Wälder aus (Abbildung 8). Blütenpflanzen, die evolutiv deutlich jünger sind als Nadelbäume und Farnpflanzen, waren bereits weit verbreitet. Neben den riesigen Dinosauriern – die teilweise in Herden durch die Flusslandschaften zogen – lebten auch zahlreiche Säugetierarten in Wyoming; einige davon werden in die Verwandtschaft der urtümlichen Beuteltiere gestellt (Abbildung 9). Der Westen und der Osten der USA waren getrennt von einer Meeresverbindung, die über Alaska, Montana, Wyoming und Colorado bis hinunter an den Golf von Mexiko reichte. Vor rund 70 Millionen Jahren schloss sich diese sukzessive von Süden nach Norden. Die Mitte der USA sah vermutlich geomorphologisch sehr ähnlich aus wie heute: breite Flusstäler mit großen Ebenen, unterteilt von Rumpfgebirgen, die rasch erodierten.

Doch wie können diese Interpretationen belegt werden? Nur durch einen Multiproxi-Ansatz, d. h. die Zusammenarbeit verschiedener geopaläontologischer Fachgebiete, können hier einzelne Mosaiksteinchen zum Gesamtbild gefügt werden [5]. Im tonigen Sediment, das sich aus Vulkanaschen gebildet hat, sind zwar nur relativ wenige, und meist schlecht erhaltene Blattfossilien vorhanden, allerdings finden sich darin zahlreiche Pollen und Sporen verschiedener Pflanzen. Die unterschiedliche Konzentration dieser mikroskopischen Reste in unterschiedlichen Lagen verrät uns, wie sich die Pflanzenwelt regional verändert hat. Darüber hinaus finden sich in verschiedenen Schichten massenweise kleine Splitter und Fragmente von

Holzkohle, also deutliche Hinweise auf fossile Waldbrände. Bernsteine belegen Baumgruppen, die im Pollendiagramm schlechter dokumentiert sind. Aber auch an den Fossilien der Wirbeltiere lässt sich mit moderner Methodik und traditioneller Taxonomie vieles bis dato Unbekannte erforschen: Die Zuordnung einzelner Funde zu bestimmten Tierarten ist eine große Herausforderung, insbesondere in einem Bonebed. Dennoch lassen sich viele Tiere bereits über einzelne Zähne und typische Knochenelemente identifizieren. Aktuell haben wir im Bonebed die Pflanzenfresser *Edmontosaurus*, *Triceratops* und den Ankylosaurier *Denversaurus* identifiziert. Darüber hinaus kommen auch der Großräuber *Tyrannosaurus rex*, der zahnlose *Struthiomimus* sowie der katzen große *Pectinodon*, der bislang einzig über Zahnfunde bekannt ist, vor. Weiterhin gibt es Fossilien von mindestens drei unterschiedlichen Sumpfschildkrötenarten, zwei Krokodilarten, mehreren Eidechsen, drei Säugetierarten und Knochenfischen. Besonders exotisch wirken Funde von Haifischzähnen und Rochenkauplatten, die nahelegen, dass die Küstenlinie nicht allzu weit entfernt war – ein Befund, der auch durch das Vorkommen mariner Algen, sogenannter Dinoflagellaten, in manchen Schichten unterstützt wird. Zahlreiche Funde kleiner Samen, aber auch teilweise von Pilzen zersetzter Baumstämme, liefern uns darüber hinaus neue, bislang unbekannt Informationen zur Vegetation, in der die Tiere gelebt haben.

Aber auch die Lebensweise der Dinosaurier lässt sich untersuchen: Geochemische Signale im Zahnschmelz der Dinosaurier und in den Panzerfragmenten von Schildkröten verraten uns einerseits deren Körpertemperatur, andererseits liefern sie uns Daten zum Klima [5] (Abbildung 10). Kohlenstoff- und Sauerstoffisotopen-Untersuchungen belegen, genau wie die Vegetation, ein feucht-



ABB. 10 Im Isotopenlabor FIERCE an der Goethe Universität Frankfurt werden Zähne von *Edmontosaurus* mit modernster Technologie untersucht. Foto: Sven Tränkner (Senckenberg).

warmes Klima. Die Analyse von stabilen Strontium-Isotopen am Zahnschmelz von *Edmontosaurus* legt nahe, dass diese Tiere durch die Weiten der Landschaft gewandert sind und ähnlich heutigen Megaherbivoren dabei große Distanzen in riesigen Herden zurücklegten [6]. Ausgang für all diese Untersuchungen sind die Funde aus dem Bonebed, und da die Grabung erst seit wenigen Monaten läuft, sind hier bei der Fortsetzung der Grabung seit April 2021 weitere spannende Neuigkeiten zu erwarten.

Einzigartiges Zusammenspiel von Forschung und Vermittlung

Das Einzigartige an dem Projekt „Edmonds Urzeitreich“ liegt darin, dass Forschung und museale Vermittlung fließend ineinander übergehen. Durch die Bergung eines Ausschnittes des Bonebeds „am Block“ ist es möglich, unter optimalen Bedingungen Objekte freizulegen und auch zu dokumentieren. Kleine Knochensplitter, die üblicherweise bei der Geländearbeit kaum Beachtung finden, werden fachmännisch freigelegt und dokumentiert. Dies erlaubt sehr weitreichende Aussagen zur Taphonomie, also zu allen Prozessen, die zu der Anreicherung der Knochen geführt haben. Und da die Ausgräber/-innen gleichzeitig als Kommunikator/-innen an Museumsbesucher/-innen fungieren, lassen sie Interessierte an dem Prozess des Entdeckens und der fachlichen Dokumentation teilhaben und stehen für Rückfragen zur Verfügung.

Durch die physische Nähe zwischen Grabung und Forschungseinrichtungen, wie beispielsweise der Goethe-Universität Frankfurt, ist ein ständiger Austausch zwischen dem Grabungsteam und den beteiligten Wissenschaftler/-innen möglich. So können beispielsweise Fragen zur möglichen Kontamination geochemischer Proben direkt zwischen allen Beteiligten geklärt werden, und das Grabungsteam kann bewusst auf bestimmte chemische Härter bei der Freilegung verzichten, um weitere Untersuchun-

gen an einzelnen Objekten nicht zu verfälschen. Auch bei diesem Prozess können die Museumsbesucher/-innen teilhaben: Diskussionen zum weiteren Vorgehen finden direkt in der Ausstellung statt und erläutern live den Prozess des naturwissenschaftlichen Forschungsprozesses. Die Senckenberg Gesellschaft verfügt über die größten naturwissenschaftlichen Sammlungen Deutschlands und unterhält dafür an elf Standorten in Deutschland Sammlungen. Auch die Funde von Edmonds Urzeitreich werden in die Bestände Senckenbergs überführt. Dies kann nur erfolgen, wenn die Dokumentation der Funde optimal erfolgt; die Menge an Informationen zu einem Objekt bestimmt oftmals dessen wissenschaftlichen Wert. Wie dieser Prozess erfolgt und wozu naturwissenschaftliche Sammlungen notwendig sind, können Besucher/-innen ebenso in der Ausstellung erfahren und beobachten. Hierbei steht im Vordergrund, ein breiteres Verständnis für naturwissenschaftliche Arbeitsmethoden (im Sinne eines Public Understanding of Research) und vor allem für deren Akzeptanz zu schaffen, insbesondere in Zeiten ausgeprägter Wissenschaftsskepsis.

Diese Beispiele sollen aufzeigen, wie in dem Projekt „Edmonds Urzeitreich“ die unterschiedlichen Zielsetzungen miteinander verwoben sind und ineinander greifen. Insbesondere die Vermittlung an die Öffentlichkeit folgt hier keinem klaren, vorab festgelegten Plan, sondern ergibt sich aus den Notwendigkeiten der Grabungsarbeit sowie aus den Anregungen der Besucher/-innen. Dass diese neue Art der Vermittlung von den Besucher/-innen positiv aufgefasst wird, zeigt die Auswertung einer Umfrage bei über 250 Personen. Dabei wurde insbesondere hervorgehoben, dass der direkte Kontakt zu den Wissenschaftler/-innen und Präparator/-innen sehr wichtig sei, und immerhin über 80 Prozent der Befragten haben angegeben, dass sie nach dem Besuch der Ausstellung ein besseres Verständnis für naturwissenschaftliche Arbeitsweisen hätten – bei fast 100.000 Besucher/-innen während der ersten Grabungskampagne sicherlich ein schöner Erfolg.

Ausblick

Viele an dem Projekt beteiligte Forschungsbereiche befinden sich mitten im Forschungsprozess. Insbesondere geochemische Untersuchungen sind sehr zeitaufwendig, wirbeltierpaläontologische Schritte können erst erfolgen, wenn die Funde auch vorliegen (ausgegraben sind), andere Forschungsbereiche können nur mit zusätzlichen Wissenschaftler/-innen realisiert werden, die teilweise erst jetzt mit ihren Arbeiten beginnen. Die Grabungsarbeiten werden von April bis Oktober 2021 fortgesetzt, während in den Wintermonaten in den Präparationswerkstätten weitergearbeitet wird. In vielen Bereichen bieten neue Funde neue Fragestellungen. So hat ein Stück Treibholz mit merkwürdigen, durch Pilzbefall entstandenen Löchern (genannt *Asthenopodichnum*) dazu geführt, dass neue Details zur Ablagerungsgeschichte angesprochen werden



können. Die unerwartet zahlreichen Fragmente von Raubdinosaurierzähnen bieten nun auch Geochemikern die Möglichkeit, diese mittels invasiver (also destruktiver) Verfahren zu untersuchen, woraus sich das Forscherteam Informationen zur Nahrungsweise und Körpertemperatur der Tiere verspricht. Und schließlich weiß das Grabungsteam nicht, welche neuen und überraschenden Funde in den noch verbleibenden ca. 80 Prozent der Grabungsfläche auf sie warten. Somit ist von dem Projekt „Edmonds Urzeitreich“ noch einiges Unerwartetes zu erhoffen.

Zusammenfassung

Das Projekt „Edmonds Urzeitreich“ ist eine bisher einzigartige Verbindung aus Museumsarbeit, Grabung und Forschung. Ein Dinosaurier-Bonebed wurde in Zusammenarbeit mit Bürgerwissenschaftler/-innen aus den USA nach Frankfurt verschifft und wird nun im Senckenberg Naturmuseum Frankfurt vor den Augen der Besucher/-innen ausgegraben. Parallel dazu erforscht ein Team aus Geowissenschaftler/-innen das ganze Ökosystem rund um den Fund, von den Pollen bis hin zur Nahrungsweise von *Tyrannosaurus rex*. Hierbei entsteht ein lebendiges und detailliertes Bild eines Ökosystems vor 70 Millionen Jahren – einer Zeit, in der die CO₂-Konzentration in der Erdatmosphäre deutlich höher war als heutzutage.

Summary

A dino-excavation in Frankfurt – “Edmonds prehistoric realm”

The project “Edmonds prehistoric realm” is a so far unique combination of exhibition, excavation and research. A dinosaur bonebed was shipped from the USA to Frankfurt in collaboration with citizen scientists and is now being excavated in front of the visitors in the Senckenberg Natural History Museum Frankfurt. At the same time, a team of geoscientists is analysing the entire ecosystem surrounding the findings, from pollen to the diet of *Tyrannosaurus rex*. This offers the chance to create a vivid and detailed reconstruction of an ecosystem 70 million years ago – a time when the CO₂ concentration in the Earth’s atmosphere was significantly higher than today.

Schlagworte

Kreidezeit, Dinosaurier, *Edmontosaurus*, Wirbeltierpaläontologie, Ausgrabung.

Danksagung

Besonderer Dank gilt der Lipoid-Stiftung, die das gesamte Projekt durch die großzügige Förderung erst möglich gemacht hat. Unsere Partner, das Wyoming Dinosaur Center Thermopolis, National Geographic, der Frankfurter Kunstverein und die Künstler YRD. Works haben das Projekt erst zu einem einzigartigen Experiment werden lassen und sowohl logistisch als auch inhaltlich wesentliche Beiträge geleistet. Insgesamt waren an Edmonds Urzeitreich über 120 Personen beteiligt, von Handwerker/-innen bis zu Universitätsprofessor/-innen, die alle ihren Anteil dazu beigetragen haben. Ihnen allen gebührt unser Dank.

ZUM WEITERLESEN:

<https://www.nationalgeographic.de/edmonds-urzeitreich>

<https://museumfrankfurt.senckenberg.de/de/ausstellung/sonderausstellungen/edmonds-urzeitreich/>

Literatur

- [1] P. Havlik (2020). Das *Edmontosaurus*-Projekt. Eine Dinograbung in Frankfurt (Naturmuseum Spezial: Das *Edmontosaurus*-Projekt). SENCKENBERG – natur · forschung · museum 150 (4–6), 50–53.
- [2] D. Uhl (2020). Die *Edmontosaurus*-Mumie (Naturmuseum Spezial: Das *Edmontosaurus*-Projekt). SENCKENBERG – natur · forschung · museum 150 (4–6), 84–88.
- [3] R. Kräusel (1922). Die Nahrung von *Trachodon*. Paläontologische Zeitschrift 4: 80.
- [4] D. Uhl (2020). A reappraisal of the ‘stomach’ contents of the *Edmontosaurus annectens* mummy at the Senckenberg Naturmuseum in Frankfurt (Germany). Zeitschrift der Deutschen Gesellschaft für Geowissenschaften 171(1), 71–85.
- [5] D. Uhl et al. (2020). Die Umwelt zu Edmonds Lebzeiten (Naturmuseum Spezial: Das *Edmontosaurus*-Projekt). SENCKENBERG – natur · forschung · museum 150 (4–6), 56–65.
- [6] A. Helbling et al. (2020). Was uns Edmonds Zähne über sein Leben erzählen (Naturmuseum Spezial: Das *Edmontosaurus*-Projekt). SENCKENBERG – natur · forschung · museum 150 (4–6), 66–73.

Verfasst von:



(Foto: Janosch Boerckel)

Dieter Uhl studierte Biologie an der Universität Kaiserslautern, bevor er 1999 an der Universität Tübingen mit einem paläobotanischem Thema promovierte. Nach verschiedenen Stationen an Universitäten im In- und Ausland kam er 2007 zu Senckenberg in Frankfurt, wo er seit 2016 die Abt. Paläontologie und Historische Geologie leitet. Bereits seit 2010 ist er außerplanmäßiger Professor an der Universität Tübingen. Seine wissenschaftlichen Schwerpunkte umfassen unter anderem die Floren des Jungpaläozoikums und Mesozoikums, sowie die Paläoumweltrekonstruktion mit Hilfe fossiler Pflanzen.



(Foto: Anna Uhl)

Philippe Havlik studierte Paläontologie und Geologie an den Universitäten Tübingen und München (LMU). Nach Tätigkeiten an den Universitäten München (TU) und als Kurator der Paläontologischen Sammlung der Universität Tübingens kam er 2015 an das Frankfurter Senckenberg Institut und leitet dort verschiedene Ausstellungsprojekte zu Themen aus dem Bereich der Geobiodiversitätsforschung. Sein Schwerpunkt liegt auf paläontologischen Themen, sowie auf dem Einsatz digitaler Medien im Ausstellungswesen. Wissenschaftlich befasst er sich mit mesozoischen Reptilien, insbesondere deren Taphonomie mit Fokus auf der Bildungsgeschichte von Bonebeds.

Korrespondenz:

Philippe Havlik
Senckenberg Forschungsinstitut und
Naturmuseum Frankfurt
Senckenberganlage 25
60325 Frankfurt am Main
E-Mail: philippe.havlik@senckenberg.de



Der Weg des Biotechnologieunternehmens CureVac Das Potenzial der mRNA-Technologie

SIMONE GIESLER

Angelo Esslinger auf
www.pixabay.com

Das Botenmolekül mRNA gezielt in RNA-Impfstoffen für medizinische Zwecke einzusetzen, ist zurzeit zentrales Forschungsbereich vieler Firmen. CureVac hat als weltweit erstes Unternehmen eine neue Technologieplattform auf mRNA-Basis entwickelt, die in der Corona-Pandemie die Welt verändert. Dabei ist die Bekämpfung von Infektionskrankheiten aber nur eines von vielen Zielen, die mittlerweile eine ganze Reihe von Biotech-Firmen verfolgen. Doch was steckt hinter der mRNA-Technologie?

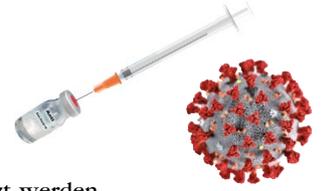
Ein Labor der Tübinger Universität im Jahr 1999: Ein Doktorand vermutet eine Verwechslung in seinem Experiment und wiederholt es. Er injiziert Mäusen ein Stück DNA, um herauszufinden, ob die Mäuse das kodierte Protein herstellen würden. Als Antigen könnte es, so sein Gedankenspiel, das Immunsystem aktivieren, um etwa Krebs zu bekämpfen. Dann der Moment: Ingmar Hoerr entdeckt beim erneuten Versuch, dass auch die Negativkontrolle, nackte und unverpackte RNA, eine Immunreaktion auslöst – noch dazu stärker als die DNA. Obwohl RNA schnell abgebaut wird, war sie offensichtlich stabil genug,

um in Zellen einzudringen und eine Reaktion hervorzurufen.

Das war ein Paradigmenwechsel, denn bis dato galt RNA als instabil und somit therapeutisch wertlos. Während DNA in Eukaryoten weitgehend geschützt im Zellkern liegt, befindet sich das Botenmolekül messenger RNA (mRNA) im Cytosol – und ist den dort anwesenden Enzymen ausgesetzt. Zudem wird mRNA von Natur aus relativ schnell abgebaut. Das ist wichtig, denn so lässt sich die Menge an Protein, die daraus gebildet wird, nach Bedarf posttranskriptionell steuern – ein natürlicher Regulationsmechanismus der Zelle. Die Entdeckung ließ Hoerr und seine CureVac-Mitgründer fortan an der Vision festhalten, dass modifizierte mRNA das Therapiemolekül der Zukunft sei. Im Jahr 2000 wurde der Grundstein für CureVac gelegt. Im gleichen Jahr wiesen die Gründer nach, dass Mäuse, denen man RNA als Bauplan für ein Modellantigen spritzte, sowohl Antikörper bildeten als auch T-Zellen anreicherten, die sich gegen dieses Protein richteten [1].

Starkes Fundament

Die Idee, RNA therapeutisch zu nutzen, hatte bereits die ungarische Biochemikerin Katalin Karikó in den 1990er Jahren. Heute gilt ihre Forschungsarbeit an der University of Pennsylvania als erster Wegbereiter für die neue Technologie. Damals jedoch musste sie bei ihrer Entwicklung eines Medikaments viele Rückschläge hinnehmen, wie zunächst auch Hoerr in Tübingen. Innovative Befunde mit dem Wissen um Zellen und Pathogene zu verknüpfen, ex-



perimentelle Strategien zu entwickeln und zu optimieren, die Überlegenheit gegenüber anderen Methoden nachzuweisen und Studien zu designen – all das gelingt nur mit einer gewissen Portion Unterstützung und Risikobereitschaft. Außerdem ist es eine große Hürde für die Entwicklung neuer Technologien, sich gegen etablierte Verfahren durchsetzen zu müssen. Erst durch die Investmentgesellschaft von Dietmar Hopp im Jahr 2006 konnte sich CureVac professionell aufstellen. Im weiteren Verlauf erfuhr das Unternehmen dann weitere Unterstützung [2].

Auch andere Unternehmen wie BioNTech und Moderna begannen, die mRNA-Technologie zu erforschen und zu entwickeln. Die Ziele aller Unternehmen sind dabei vielseitig: Entwicklung von prophylaktischen und therapeutischen Medikamenten gegen Krebs, Stoffwechselerkrankungen, seltene Krankheiten und Infektionen. Warum aber war vor der Corona-Pandemie noch kein mRNA-Medikament auf dem Markt? Die Gründe dafür liegen nicht nur in der langwierigen Grundlagenforschung und dem zögerlichen Interesse von Kapitalgebern. Vielmehr legten die Forschungsunternehmen, wie auch CureVac, zunächst großen Fokus auf Therapieoptionen gegen Krebs, einer bekanntlich komplexen Erkrankung, bei der viele Faktoren einfließen – schließlich sind jeder Krebs und jeder Patient anders. Verglichen damit ist die Entwicklung eines Impfstoffkonstrukts relativ einfach, vor allem mit dem mittlerweile riesigen Erfahrungsschatz über die mRNA-Technologie. So hat CureVac einen Impfstoffkandidaten gegen das Tollwutvirus entwickelt, mit bahnbrechenden Erkenntnissen: In den 2017 veröffentlichten Daten zur Phase-I-Studie konnte erstmals ein Anstieg funktioneller Antikörper gegen virale Antigene, in diesem Fall Glykoprotein RABV-G des Tollwutvirus, gezeigt werden [3]. Das dadurch erworbene Know-how zu Design und Formulierung durch Nanopartikel konnte in weitere Wirkstoffentwicklungen einfließen [4] – so auch für den Corona-Impfstoff (Abbildung 1).

CureVac ist etwas später in die klinische Studie und damit auch in die entscheidende Phase 3 eingestiegen: Im Gegensatz zu den Studien von Moderna und BioNTech, die auf Daten mit dem Wildtyp-Virus beruhen, fand sich bei den CureVac-Studien bereits eine Vielfalt mit über 15 Virusvarianten des Coronavirus vor. In einer finalen Analyse der Phase 2b/3-Studie [5] wurde nur eine reduzierte Wirksamkeit des Impfstoffs CVnCoV nachgewiesen, was die Wichtigkeit der Anpassung des Impfstoffs an Varianten unterstreicht. So könnte ein an aktuelle Varianten angepasstes CureVac-Vakzin auch interessant für Booster-Impfungen werden. Die Entwicklung der mRNA-Impfstoffe, die auf einer mittlerweile über 20-jährigen Expertise gründet, ist in Rekordzeit verlaufen und wird fortlaufend optimiert. Doch was macht die mRNA-Technologie so besonders?

Die Wirkweise von mRNA-Therapeutika

Applizierte mRNA soll menschliche Körperzellen anleiten, die darauf kodierten Proteine herzustellen. Wichtig dabei

ist, für welchen Zweck der Wirkstoff eingesetzt werden soll. Anders als bei Impfstoffen soll die Therapie seltener Erbkrankheiten keine Immunzellarmada und Antikörperproduktion auslösen. So unterscheiden sich die Transportsysteme und Applikationsarten für Impfstoffanwendungen von solchen, die für molekulare Therapien eingesetzt werden. Viele seltene genetische Erkrankungen beruhen auf defekten oder fehlenden intrazellulären oder membranständigen Proteinen und lassen sich bisher nicht mit rekombinant hergestellten Proteinen behandeln. CureVac arbeitet an Strategien, physiologische Mengen an Protein wiederherzustellen, um so beispielsweise hepatische genetische Erkrankungen heilen zu können.

Anders sieht es bei der Krebsimmuntherapie aus, die einige mRNA-Hersteller verfolgen: Hier wird eine Art „Fahndungsfoto“ über die Krebszelle eingeschleust, um den Immunzellen klarzumachen: „Das ist der Feind und dieser muss bekämpft werden“, obwohl es sich dabei um körpereigene Zellen handelt. Dazu muss zunächst das Erbgut der Krebszellen vollständig sequenziert werden, um bestimmte Strukturen auf der Oberfläche der Tumorzelle zu identifizieren und optimierte mRNA gegen diese Merkmale für die Impfung herzustellen. Zusätzlich zur



ABB. 1 GMP-konforme Impfstoffproduktion bei CureVac, Tübingen.

Foto: CureVac AG.

IN KÜRZE

- Mit der mRNA-Technologie lassen sich **prophylaktische und therapeutische Therapien** gegen Krebs, Stoffwechselerkrankungen, seltene Krankheiten und Infektionskrankheiten entwickeln.
- mRNA-basierte Wirkstoffe lassen sich vergleichsweise **einfach herstellen** und effizient anpassen.
- Impfstoffe auf mRNA-Basis benötigen keine Adjuvantien und werden **schnell und rückstandslos im Körper abgebaut**. Sie gelangen nicht in den Zellkern und können nicht ins Genom integriert werden.

Tumorvakzinierung gibt es ein weiteres Therapieprinzip, die Immunmodulation. Hierbei greifen spezifische RNA-Konstrukte die Krebszellen direkt an und verändern gezielt die Umgebung des Tumorgewebes, um das Immunsystem auf den Tumor auszurichten. CureVac testet hier beispielsweise einen Wirkstoff bei progressivem Melanom in einer fortgeschrittenen Phase-1-Studie [6]. Mit dem Wissen über typische Merkmale, die sich von Tumor zu Tumor und Patient zu Patient unterscheiden, könnte die mRNA-Plattform zukünftig maßgeschneiderte Therapien bieten, um zielgenauer als Strahlen- oder Chemotherapie und aufgrund der kurzen Halbwertszeit der RNA mit geringeren Nebenwirkungen diverse Tumore zu bekämpfen.

Bei der Entwicklung von Impfstoffen gegen Infektionskrankheiten werden Informationen über den Erreger genutzt. Um Immunzellen eine echte Infektion vorzugaukeln, reicht es aus, ihnen die Struktur von Erregerbestandteilen zu präsentieren. Gewünscht ist eine möglichst komplette und gleichzeitig ausgewogene Immunantwort. Das angeborene Immunsystem nutzt zum Kampf gegen die Erreger sowohl die schnellen, jedoch unspezifischen Abwehrmechanismen von Monozyten, Makrophagen („Fresszellen“) und dendritischen Zellen als auch das verzögert, aber sehr spezifisch reagierende adaptive Immunsystem. Bei der Impfung sollen idealerweise beide Sys-

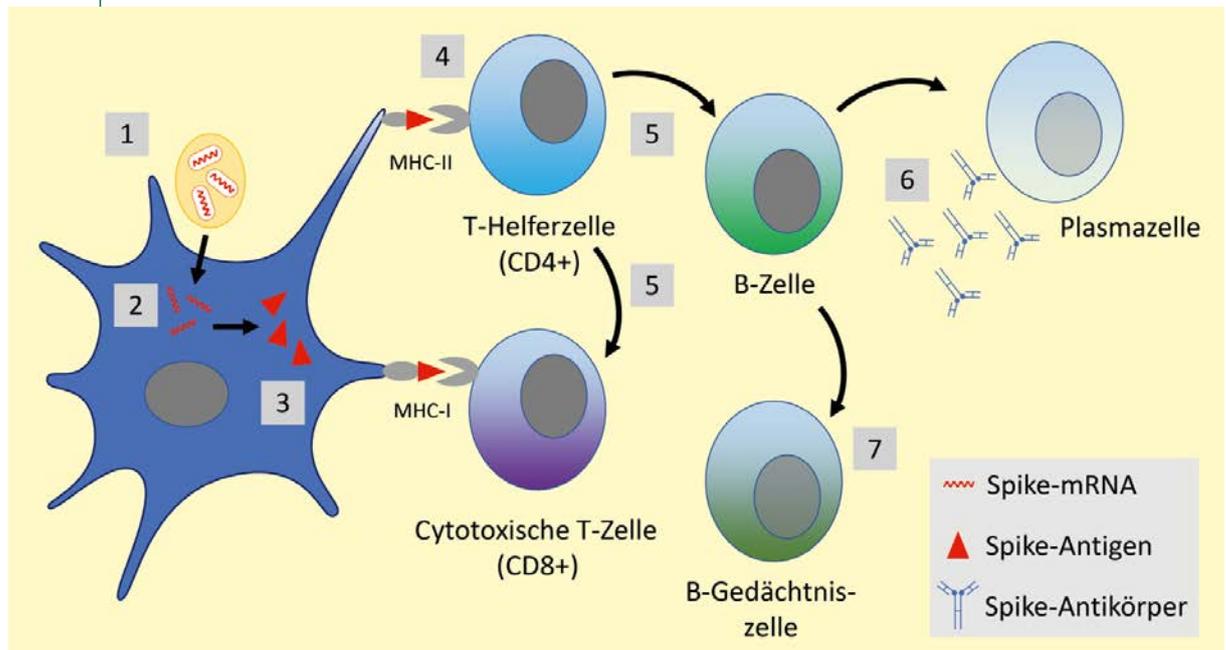
teme angeregt und sowohl Antikörper als auch T-Zellen gebildet werden.

Ausbalanciert und umfassend – das Wunschpaket am Beispiel COVID-19

Bei Infektionskrankheiten wie COVID-19 wünscht man sich, das Immunsystem im Rahmen einer aktiven Immunisierung in Stellung zu bringen, um das Virus unschädlich zu machen. Im Fokus steht dabei die Bildung neutralisierender Antikörper, die an die Viruspartikel binden und sie daran hindern, eine Zelle effektiv zu infizieren. Vor allem bindende Antikörper, die sich gegen die Rezeptorbindungsdomäne (RBD) des Spike-Proteins richten, sollen dabei auf den Plan rücken.

Eine gute Immunantwort verknüpft Mechanismen sowohl auf humoraler Ebene, also basierend auf freien Antikörpern, als auch auf zellulärer Ebene. So aktivieren bestimmte T-Helfer-Zellen ($CD4^+$ -Lymphozyten) B-Zellen, damit diese spezifische Antikörper produzieren. Außerdem helfen sie Makrophagen, aufgenommene Virus- oder Zellfragmente unschädlich zu machen. Cytotoxische T-Zellen ($CD8^+$ -Lymphozyten) töten infizierte Zellen, während regulatorische T-Zellen harmonisch ins Geschehen einwirken und entzündliche Immunantworten unterdrücken. Um keinen Cytokinsturm und somit übermäßige Entzündungen hervorzurufen und gleichzeitig eine effek-

ABB. 2 | WIRKUNGSWEISE VON mRNA-IMPSTOFFEN.



Nach der Aufnahme des Wirkstoffs (1) in die Antigen-präsentierende Zelle (APC) wird die mRNA freigesetzt (2) und an den Ribosomen das kodierte Antigen in seiner nativen Form exprimiert und zu antigenen Peptiden prozessiert (3). Die APCs präsentieren die Antigene im Lymphknoten über MHC-I-Oberflächenmoleküle an $CD8^+$ -T-Zellen bzw. nach Aufnahme und Prozessierung von bereits exprimierten, extrazellulären Antigenen über MHC-II-Oberflächenmoleküle an $CD4^+$ -T-Zellen (4). Dies führt zur Aktivierung von cytotoxischen T-Zellen und unterstützt die Differenzierung von B-Zellen (5) zu Antikörper-sezernierenden Plasmazellen (6) sowie B-Gedächtniszellen (7). Grafik: P. Eitner, adaptiert von S. Giesler.



tive Immunität zu fördern, ist eine Ausgewogenheit der Immunantwort wichtig. Ein entscheidender Aspekt in der Impfstoffentwicklung ist, dass jedes verwendete Antigen die Bildung einer ausgewogenen Menge an Helferzellen TH1 und TH2 sowie regulatorischen T-Zellen auslöst.

Im Falle von CVnCoV, dem COVID-19-Impfstoff von CureVac, sieht das so aus (Abbildung 2): Der Impfstoff enthält den Bauplan für das Spike-Protein, einem Oberflächenprotein von SARS-CoV-2. Nach Injektion in den menschlichen Muskel gelangt der Wirkstoff in Körperzellen, vor allem Muskel- und Immunzellen. Immunzellen sind hier die Antigen-präsentierenden Zellen, die nach der Impfung aus anderen Orten in die Injektionsumgebung wandern. In den Muskel- und Immunzellen werden die Untereinheiten des Spike-Proteins an den Proteinfabriken, den Ribosomen, gebildet und zusammengesetzt. Sowohl komplette Spike-Proteine als auch Fragmente davon werden dann an der Oberfläche von Immunzellen in der Injektionsumgebung präsentiert oder als freies Protein abgegeben. Die Präsentation der Proteinfofragmente erfolgt über die Bindung an den Haupthistokompatibilitätskomplex der MHC-Klasse-I, die jede Körperzelle auf der Oberfläche trägt. Wie Detektive scannen $CD8^+$ -T-Zellen die Zelloberflächen. Treffen sie auf eine Körperzelle, die ein fremdes Fragment auf dem MHC-I-Komplex präsentiert, zerstören sie die Zelle.

Dendritische Zellen, eine bestimmte Immunzellklasse, können extrazelluläre, frei zirkulierende Antigene aufnehmen, die beispielsweise beim Zerfall von Spike-Proteinbildenden Zellen freigesetzt werden, und über Proteine der MHC-Klasse-II den $CD4^+$ -T-Zellen präsentieren. Werden B-Zellen von diesen T-Helferzellen aktiviert, beginnen sie sich zu teilen – mit großem Effekt: Ein Teil wandelt sich zu Antikörper-produzierenden Plasmazellen um, die restlichen B-Zellen werden zu Gedächtniszellen. Bei einer erneuten Infektion des Körpers mit SARS-CoV-2 können sich die B-Gedächtniszellen viel schneller zu Plasmazellen umwandeln und so Antikörper ausschütten, die gegen das Spike-Protein gerichtet sind. Die freigesetzten Antikörper heften sich an die Coronavirus-Spikes, markieren das Virus sozusagen als „freigegeben zur Zerstörung“ und hindern es daran, mit seinen Spikes an andere Zellen zu binden. Die enge Verzahnung der Immunabwehr auf Antikörper- und T-Zell-Basis wird hier deutlich. Beide Faktoren – Bildung der B-Gedächtniszellen sowie der $CD8^+$ -T-Zellen – stellen einen wichtigen Langzeitschutzfaktor vor einer Infektion dar.

CureVac zeigte in präklinischen Studien, dass CVnCoV eine umfassende Immunantwort auslöst und konnte dieses Ergebnis nachfolgend in den ersten klinischen Phasen bestätigen [7, 8]: Demnach ließen sich hohe Titer an Antikörpern nachweisen, die das Spike-Protein und insbesondere die spezifische Rezeptorbindungsdomäne (RBD) des Spike-Proteins erkannten, ebenso wie hohe Titer an virusneutralisierenden Antikörpern sowie an T-Zellen, da-

runter sowohl $CD4^+$ - als auch $CD8^+$ -T-Lymphozyten. $CD8^+$ -T-Zellen werden zwar erst aktiv, nachdem ein Virus in den Körper eingedrungen ist, aber sie sind wichtig, um eine laufende Infektion zu bekämpfen und schwere Verläufe zu vermeiden [9]. Wenn T-Zellen in der Lage sind, die infizierten Zellen abzutöten, bevor sie sich in den oberen Atemwegen ausbreiten, könnte dies die Übertragung des Virus einschränken, indem es die Viruslast in einer infizierten Person reduziert. Die Bedeutung der T-Zell-Immunität beim Auftreten von Mutationen im viralen Erbgut haben weitere Forschergruppen in Blutanalysen untersucht [10]. Sie konnten zeigen, dass die $CD4^+$ - und $CD8^+$ -T-Zell-Antworten bei COVID-19-Genesenen und Probanden, die mit mRNA-Impfstoffen von Moderna oder BioNTech/Pfizer geimpft waren, durch die in den SARS-CoV-2-Varianten gefundenen Mutationen nicht wesentlich beeinflusst werden.

In präklinischen Studien zeigte sich, dass die geimpften Tiere nach einer Belastungsinfektion eine verringerte virale Belastung in den oberen Atemwegen, also dem Nasen- und Rachenraum, aufwiesen. In den unteren Atemwegen, der Lunge, war das Virus überhaupt nicht nachweisbar [7]. Auch das angeborene Immunsystem wurde aktiviert, was anhand der Toll-ähnlichen-Rezeptoren (Toll-like Receptor, TLR) nachgewiesen wurde. Die TLRs auf Monozyten, natürlichen Killerzellen und dendritischen Zellen erkennen und binden virale Bestandteile, aktivieren die Abwehrzellen und führen u. a. zur Ausschüttung von Interferon. TLRs stimulieren aber nicht nur unspezifische Abwehrmechanismen, sondern stellen auch die Weichen für spezifische Immunreaktionen und des immunologischen Gedächtnisses. So können dendritische Zellen, die TLRs synthetisieren, auch B- und T-Lymphozyten aktivieren.

Eine vollständige und ausgewogene Immunreaktion mit der Ausbildung eines Immungedächtnisses ist der Traum jeder Impfstoffentwicklung. Doch wie schafft man es, dass die fragile RNA überhaupt lange genug für die Produktion des Antigens im Organismus zur Verfügung steht, bevor sie restlos abgebaut wird?

Der Code als Schlüssel

Die Reise reiner RNA im Blut der Geimpften wäre durch Enzyme und Makrophagen, die freie RNA aufnehmen können, schnell beendet. Selbst durch Trägerviren eingeschleuste RNA kann nach dem Verschmelzen mit der Zellmembran als Eindringling erkannt und entsorgt werden. Die Entwickler von mRNA-basierten Therapeutika haben deshalb verschiedene Methoden zur Stabilisierung ihrer RNA-Konstrukte entwickelt. Grundlage für den COVID-19-Wirkstoff ist das Spike-Protein, das mit dem humanen Angiotensin-konvertierenden Enzym 2 (ACE2) interagiert und sich so Zutritt in die menschliche Zelle verschafft. Dabei passt das Spike-Protein wie ein Schlüssel zum Schlüssellock an seinen Rezeptor, das ACE2-Protein, bindet darüber an die Oberfläche von ACE2-tragenden

Zellen und kann anschließend von diesen aufgenommen werden. Diesen Eintrittsmechanismus konnte man bereits durch die verwandten Coronaviren SARS-CoV und MERS-CoV [11–13]. Außerdem konnte durch den Abgleich mit den Genomsequenzen bekannter Coronaviren bereits im Januar 2020 die komplette DNA-Sequenz des neuen Coronavirus entschlüsselt werden. Auf Genomebene unterscheidet es sich nur in wenigen Bereichen von seinen Verwandten. Ohne dieses Vorwissen hätte es möglicherweise Jahre gedauert, das angreifbare Target für SARS-CoV-2 zu finden.

Das Spike-Protein ist ein Komplex aus drei Monomeren. Jedes Monomer besteht aus zwei Domänen, S1 und S2, die getrennt voneinander wirken, um die virale Bindung bzw. Fusion an die Wirtszellmembran zu vermitteln. Im natürlichen Infektionsverlauf bringt sich das Spike-Protein in eine für den ACE-Zellrezeptor passende Form: Die Fusion mit der Membran durch S1 führt zu einer Konformationsänderung, zur Spaltung der S1- und S2-Domänen und schließlich zur Aufnahme des Virus in die Zelle und zu seiner Vermehrung [14–16]. Die 3D-Struktur des Spike-Proteins vor der Fusion und damit vor dem Eintritt in die Zelle wurde als Target ins Visier genommen. So sollten Angriffsziele für neutralisierende und Domänen-bindende Antikörper gefunden werden. CureVac wählte für seinen mRNA-Impfstoff die gesamte Länge des präfusionsstabilisierten Spike-Proteins mit intakter S1/S2-Spaltstelle und Transmembrandomäne aus. Zwei eingeführte Mutationen stabilisieren diese Proteinkonformation rein sterisch; auch hier nutzte man Vorwissen über MERS-CoV und SARS-CoV [17, 18]. Es wurden die Codons zweier Aminosäuren ausgetauscht, um an diesen Stellen jeweils die Aminosäure Prolin statt Lysin bzw. Valin einzubauen.

Der künstlich hergestellte DNA-Strang dient als Schablone, von der ausgehend die mRNA erstellt wird. Im Unterschied zu DNA ist RNA von Natur aus instabil: So fehlt dem Nukleotid Uracil, das in RNA anstelle von Thymin vorkommt, die schützende Methylgruppe, und der Zuckerbestandteil Ribose besitzt eine reaktivere freie Gruppe und ist somit schneller abbaubar als die Desoxyribose der DNA. Zur Stabilisierung der künstlichen mRNA kommen herstellereigene Feinheiten der Rezeptur ins Spiel, bei der jeder auf Erfahrungen aufbaut. BioNTech und Moderna setzen bei ihrer COVID-19-Plattform-Technologie auf chemisch modifizierte Nukleotide, die vor frühzeitiger Erkennung und Inaktivierung der fremden RNA durch Immunzellen schützen sollen, CureVac hingegen verwendet natürliche mRNA.

Eine wichtige Rolle spielt die Wahl des Codons für die Kodierung einer bestimmten Aminosäure. So macht man sich für das Design des Impfstoffs zunutze, dass viele Aminosäuren von mehr als einem Codon kodiert werden, wobei vor allem die dritte Base des Triplets oft variabel ist. Man kann deshalb bei der Konstruktion der mRNA das dritte Nukleotid im Codon an einigen Stellen austauschen,

ohne dass sich dadurch die kodierte Aminosäure verändert – eine Vorgehensweise, die als Codon-Optimierung bezeichnet wird. Dadurch lässt sich z. B. der Anteil an Guanin und Cytosin steigern, wodurch die Stabilität der mRNA und somit auch die Syntheserate des Proteins erhöht werden. Weiterhin gibt es Sequenzabschnitte in der mRNA, die nicht in Protein übersetzt werden, sondern regulatorische oder immunogene Funktionen ausüben [19]. Hieraus ergibt sich ein riesiger Baukasten zur Optimierung des Designs der mRNA.

Geschützt unterstützt: Das RNA-Konstrukt am Beispiel des COVID-19-Impfstoffs

An beiden Enden erhält die Impfstoff-mRNA für das Spike-Protein (Abbildung 3) zusätzliche Nukleotide, die u. a. vor Enzymen und Angriffen des Immunsystems schützen. Die CAP-Struktur am 5'-Ende jeder natürlichen mRNA markiert die RNA als „aus dem Zellkern stammend“ und verhindert dadurch Abwehrreaktionen der Körperzellen. Am anderen Ende der RNA befindet sich ein sogenannter 3'-Poly-A-Schwanz, der vor frühzeitigem Abbau schützt und ebenfalls in fast jeder zellulären mRNA vorhanden ist. Wie diese beiden Enden wird auch die sogenannte 5'-untranslatierte Region nicht in Protein übersetzt. Sie ist die Bindestelle für Proteine, welche die Stabilität der mRNA oder deren Translation beeinflussen, und reguliert den Start der Übersetzung in Protein. Dieser regulatorische Abschnitt wurde anhand von bereits gewonnenen Erfahrungswerten weiter optimiert, um nicht als fremd erkannt zu werden und um die Expression positiv zu beeinflussen. Am anderen Ende bestimmt die 3'-untranslatierte Region die Stabilität und die Translationseffizienz einer mRNA.

In der Mitte der mRNA befindet sich das Herzstück, der offene Leserahmen (*Open-Reading-Frame*), der das gewünschte Protein kodiert, und wie oben beschrieben, durch Codon-Optimierung verändert werden kann. Die beiden gezielten Aminosäureaustausche, bei denen ein Lysin und ein Valin jeweils gegen Prolin ersetzt wurden, verbessern die Impfwirkung erheblich. Denn durch sie wird die Struktur des Spike-Proteins nachgebildet, wie sie im natürlichen anfänglichen Infektionsverlauf vor Bindung an ACE2 vorliegt. Die RNA erhält außerdem eine stärkende Startsequenz (Kozak-Sequenz), damit sie in der Zelle bevorzugt abgelesen wird. Andere Impfstoffdesigns enthalten im *Open-Reading-Frame* einen Bereich, der für einen Replikase-Enzymkomplex kodiert. Die sogenannten selbst-amplifizierenden mRNAs bringen damit ein eigenes Enzym mit, das die Menge an produziertem Antigen erhöhen kann. Allerdings wird so die RNA insgesamt sehr groß. Für die COVID-Impfstoff-Formulierung hat sich derzeit das Konzept der nicht selbst-amplifizierenden mRNA bewährt. Um die Stabilität, Translationseffizienz und somit die Immunstimulation zu erhöhen, kann die mRNA modifiziert werden. Dabei werden die Uridinreste durch N1-Methylpseudouridin ersetzt. Während dieses Konzept BioNTech und Moderna für ihre COVID-Impfstoffe verfolgen, hat



CureVac beim Wirkstoff CVnCoV aufgrund vorangegangener Erkenntnisse bisher auf unmodifizierte mRNA gesetzt.

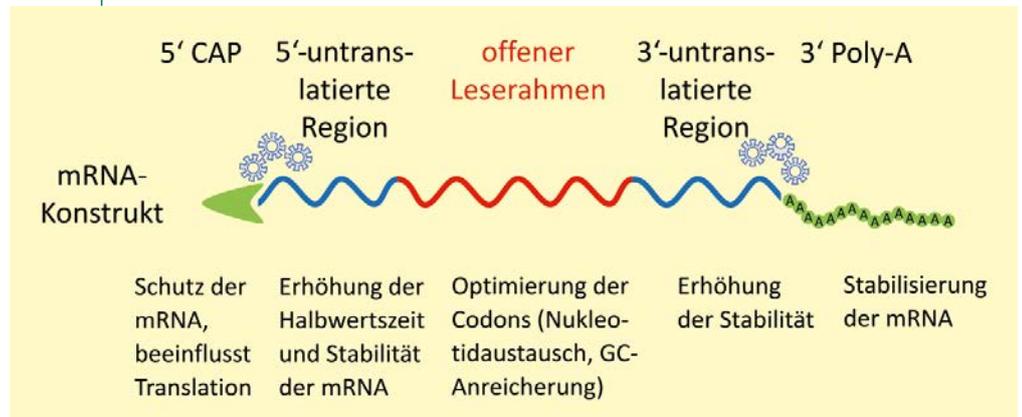
CureVac konnte in den Studien [7] zeigen, dass die CVnCoV-mRNA-Moleküle, so wie die zahllosen, natürlich vorkommenden RNA-Moleküle in unseren Zellen, in Protein übersetzt werden, das wiederum nachträglich gespalten und modifiziert wird. Die anschließende Präsentation des viralen Proteins auf der Oberfläche von Körperzellen ahmte eine Infektion nach. Die Feinheiten im Aufbau der mRNA und in ihrer Aufbereitung haben einen entscheidenden Einfluss darauf, wie gut die Übersetzung in Proteine funktioniert. Hier baut jeder Hersteller auf eigene Erfahrungen auf. Für CVnCoV hat CureVac anhand vielversprechender Ergebnisse aus den präklinischen sowie Phase 1/2-Studien eine Wirkstoffmenge von nur 12 µg pro Dosis eingesetzt, mit der eine optimal ausbalancierte Immunantwort erreicht werden sollte. Der Wirkstoff von BioNTech enthält pro Dosis 30 µg mRNA, der von Moderna 100 µg. Die Aufbereitung der RNA hat möglicherweise auch Einfluss auf die Lagerfähigkeit. Wie schon für ihren Tollwut-Impfstoffkandidaten CV7202 konnte CureVac auch für CVnCoV eine Stabilität über mehrere Monate bei +5 Grad Celsius zeigen. Die Lagerfähigkeit kann aber auch durch einen weiteren Parameter beeinflusst werden: die Verpackung.

Verpackung mit Wirkung

Es gibt verschiedene Methoden, mRNA in die Zellen zu bringen. Als am vielversprechendsten für die Formulierung von mRNA-basierten Impfstoffen haben sich derzeit Lipid-Nanopartikel (LNP) erwiesen. Einkapselt in derartige Vesikel gelangt die mRNA vor Enzymen oder pH-Wert-Änderungen geschützt durch die Zellmembran in die Zelle. Die verpackten RNA-Moleküle dürfen jedoch keinen Abwehrsturm des Immunsystems hervorrufen. Deshalb sind die Partikel auf einer Lipidbasis aufgebaut, die der Zellmembran ähnlich ist [20].

Nach der Impfung binden die positiv geladenen Nanopartikel an die negativ geladenen Zellmembranen, die sich daraufhin einstülpen und das Nanopartikel in die Zelle aufnehmen. Einerseits muss die RNA zu ihrem Schutz zunächst gut an den Nanopartikel binden, andererseits muss sie sich in der Zelle auch wieder gut vom Partikel lösen, um dort translatiert werden zu können. Dies ist eine Gratwanderung, bei der eine optimale Zusammensetzung der Nanopartikel gefunden werden muss. Auch diese Formu-

ABB. 3 | OPTIMIERUNG VON mRNA-IMPFSTOFFEN



Die mRNA wird durch In-vitro-Transkription erhalten; als Matrize dient einzelsträngige DNA des gewünschten Genabschnitts. Für den COVID-19-Wirkstoff (CVnCoV) verwendet CureVac natürliche, nicht chemisch modifizierte Nukleotide. Der offene Leserahmen (ORF) kodiert für das gewünschte Protein, im Fall von CVnCoV für das Spike-Glykoprotein von SARS-CoV-2. Die Sequenz des ORF wird durch GC-Anreicherung optimiert und durch Nukleotidaustausche stabilisiert. Flankierende Elemente sind für die Funktion reifer mRNA wesentlich: Die 5'-Kappenstruktur mit einer modifizierten Form des Guanosins (7-Methylguanodin) schützt die RNA vor dem Abbau durch Nukleasen sowie vor Abwehrreaktionen der Zelle und ist für den Translationsstart wichtig. Die 5'- und 3'-untranslatierten Regionen (UTRs) erhöhen die Halbwertszeit und Stabilität der mRNA und somit die Proteinexpression. Der Poly-A-Schwanz schützt die eukaryotische mRNA vor enzymatischem Abbau. Grafik: P. Eitner, adaptiert von S. Giesler.

lierung ist eine Kernkompetenz der mRNA-Hersteller. LNPs enthalten in der Regel vier Komponenten: ein ionisierbares oder Aminolipid, Cholesterin, ein Phospholipid und ein lipidverankertes Polyethylenglykol.

Die Formulierung von CureVac, die von einem langjährigen Partner lizenziert wurde, hat sich bereits bei ihrem Tollwut-Vakzin bewährt: In ersten Phase-1-Studien konnte die Verträglichkeit nachgewiesen werden. Gleichzeitig wurde im Vergleich zur Injektion nackter RNA durch die schützende LNP-Formulierung mehr mRNA in die Zelle aufgenommen und dadurch die Immunreaktion durch Bildung von Antikörpern verbessert. Auf bereits optimierte Parameter wie Partikelgröße, Lipidkonzentration, mRNA-Gehalt und Verkapselung konnte für das Design des COVID-19-Impfstoffs bereits zurückgegriffen werden. Diese Kenntnisse waren sehr wichtig und beschleunigten die Entwicklung des Impfstoffs. Die Hersteller verwenden geringfügig unterschiedliche Formulierungen der LNP, was einen Einfluss auf Wirksamkeit und Stabilität des Impfstoffs haben kann. So kann die LNP-Formulierung zur guten Temperaturstabilität von CureVacs Impfstoff beitragen [20].

Chancen der mRNA-Technologie

Therapien auf mRNA-Basis haben viele Vorteile. So hinterlassen sie in der Zelle keine Rückstände, da RNA vollständig abgebaut wird. Auf verstärkende Zusätze, die Adjuvantien, kann bei mRNA-Impfstoffen gegen Infektionen verzichtet werden, da mRNAs eine gewisse „angeborene“ Stimulationsfunktion haben und bereits in niedrigen Do-



ABB. 4 RNA Printer® von CureVac. Foto: CureVac AG.

sen wirken. Auch lässt sich eine hohe Sicherheit erwarten, da Fremdanteile fehlen, wie sie bei abgetöteten oder lebend-attenuierten (abgeschwächten) Impfstoffen vorkommen. Totimpfstoffe aus abgetöteten Erregern lassen sich zwar einfach herstellen, doch kann hier das Immunsystem nicht immer ausreichend aktiviert werden – in einigen Fällen wird sogar der Viruseintritt in die Zelle unterstützt. Dieses Phänomen, *Antibody-dependent enhancement* (ADE), konnte in den Studien der mRNA-Wirkstoffe bisher nicht beobachtet werden.

Lebendimpfstoffe zeigen meist eine gute Wirksamkeit, erfordern aber aufwendige Kultivierungs- und Herstellungsverfahren. Im Vergleich dazu lassen sich genetische Impfstoffe einfach, schnell und kostengünstig herstellen. Gegenüber DNA-Impfstoffen haben Konstrukte auf RNA-Basis den Vorteil, dass RNA-Moleküle im Zellplasma verbleiben und nicht das – wenn auch geringe – Risiko bergen, ins Wirtsgenom eingebaut zu werden. Auch können Zellen RNA nicht in DNA umwandeln, da der menschliche Körper in der Regel keine Enzyme dafür besitzt. Retroviren wie HIV besitzen zwar solche Reversen Transkriptasen, doch können diese spezifisch nur die eigene Virus-RNA ablesen. Die mRNA wird im Cytosol in Spike-Proteine übersetzt, die dann posttranslational modifiziert werden. Im Cytosol kommt es nicht zum Spleißen – dieses Herausschneiden von nicht-kodierenden Abschnitten geschieht nur im Zellkern. Somit existiert bei mRNA-Wirkstoffen keine Gefahr unerwünschter Spleißvorgänge, die kürzere lösliche Proteinvarianten hervorbringen und möglicherweise Nebenwirkungen verursachen könnten.

Die lange Erfahrung mit der mRNA-Plattform bietet eine stabile Basis für weitere Ansätze zur Entwicklung von Therapeutika. Da die Eigenschaften des Impfstoffs unab-

hängig von den kodierten Proteinen sind, kann die Entwicklung verschiedener Wirkstoffe erfolgen, ohne dass neue Produktions-, Reinigungs- und Validierungsmethoden sowie Produktionsanlagen eingerichtet werden müssen. Wie die jüngsten Ausbrüche von schweren Infektionen wie Ebola, Zika, SARS, MERS und nun auch SARS-CoV-2 zeigen, sind schnell entwickelbare, effektive und sichere Impfstoffe notwendig. Impfstoffe auf mRNA-Basis könnten sich deshalb unter Pandemiebedingungen als Mittel der Wahl herausstellen. Zudem lassen sich die Konstrukte schnell anpassen – ein wichtiger Aspekt, gerade im Hinblick auf Virusvarianten. So lassen sich Impfstoffe der nächsten Generation [21] produzieren und skalieren, beispielsweise um T-Zellen effektiv zu stimulieren. Aber auch die Krebs-

therapie wird von der Flexibilität profitieren, da die Sequenzen der mRNA-Impfstoffe schnell verändert und angepasst werden können, wenn sich ein Tumor verändert. Diese maßgeschneiderte und personalisierte Therapie ist eine Schlüsseldisziplin der Medizin.

Als eine weitere Innovation baut CureVac gemeinsam mit Tesla Automation sogenannte mRNA-Printer. Dabei handelt es sich um vollautomatisierte und mobile Produktionseinheiten, die weltweit aufgestellt werden und ein mRNA-Konstrukt innerhalb weniger Tage produzieren können (Abbildung 4). Die Ausgangsmaterialien sind hauptsächlich Enzyme, Nukleotide und Pufferkomponenten. Die künstlich synthetisierte DNA wird amplifiziert und dient als Matrize für die RNA-Produktion. Es folgen Reinigungs- und Filtrationsschritte, bevor die Produkte in Einwegbeutel abgefüllt und zu Anwendungseinheiten aliquotiert werden. Unterstützt wird CureVac dafür bereits seit Anfang 2019 durch die Koalition für Innovationen zur Vorsorge vor Epidemien (CEPI). Ursprünglich war geplant, den RNA-Drucker zur Produktion von Impfstoffen gegen Tollwut, Lassa-Fieber und Gelbfieber zu entwickeln [22]. Das Potenzial ist klar: Hier entstehen flexible Plattformen zur Herstellung personalisierter Medizin im Krankenhausumfeld bis hin zur schnellen Versorgung mit Impfstoffen vor Ort in Epidemie-Ausbruchsregionen.

Zusammenfassung

Die mRNA-Technologie lässt eine neue Produktklasse in der Medizin entstehen, mit der gegen Infektionserkrankungen prophylaktisch und gegen viele Krebsarten therapeutisch geimpft werden kann sowie seltene Krankheiten bekämpft werden können.



Summary

The potential of mRNA technology

mRNA technology is giving rise to a novel class of medical products that can be used to prophylactically vaccinate against infectious diseases and therapeutically vaccinate against many types of cancer, as well as to combat rare diseases.

Schlagworte:

mRNA, COVID, SARS, Immunonkologie, Impfstoffe, Infektionskrankheiten

Angaben zu Interessenskonflikten:

Die Autorin bestätigt hiermit, dass keinerlei Interessenskonflikte bestehen sowie dass CureVac weder aktiv an der Entstehung des vorliegenden Artikels beteiligt war, noch diesen finanziert hat.

Literatur

[1] I. Hoerr et al. (2000). In vivo application of RNA leads to induction of specific cytotoxic T lymphocytes and antibodies. *European Journal of Immunology* 30, 1–7.

[2] I. Hoerr (2017). A successful founder off the beaten path. *Nature Biotechnology* 35, 900–903.

[3] M. Alberer et al. (2017). Safety and immunogenicity of a mRNA rabies vaccine in healthy adults: an open-label, non-randomised, prospective, first-in-human phase 1 clinical trial. *The Lancet* 390, 1511–1520.

[4] A Study to Assess the Safety, Reactogenicity and Immune Response of CureVac’s Candidate Rabies mRNA Vaccine in Healthy Adults. *Clinical Trials.gov*: <https://clinicaltrials.gov/ct2/show/NCT03713086>

[5] Pressemitteilung CureVac, 30. Juni 2021. <https://www.curevac.com/2021/06/30/curevac-daten-der-finalen-analyse-der-phase-2b-3-studie-fuer-cvncov-den-impfstoffkandidaten-der-ersten-generation-zeigen-schutzwirkung-in-altersgruppe-von-18-bis-60-jahren/>

[6] CureVac erweitert Phase 1-Studie seines RNA-Kandidaten CV8102 beim fortgeschrittenen Melanom. Pressemitteilung CureVac, Feb. 2021. <https://www.curevac.com/2021/02/04/curevac-erweitert-phase-1-studie-seines-rna-kandidaten-cv8102-beim-fortgeschrittenen-melanom/>

[7] mRNA based SARS-CoV-2 vaccine candidate CVnCoV induces high levels of virus neutralizing antibodies and mediates protection in rodents. Feb 2021. <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.0.10.23.351775v2>

[8] Phase 1 Assessment of the Safety and Immunogenicity of an mRNA- Lipid Nanoparticle Vaccine Candidate Against SARS-CoV-2 in Human Volunteers. *medRxiv* Nov 2020. <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.11.09.20228551v1>

[9] M. E. Schmidt, S. M. Varga (2018). The CD8 T Cell Response to Respiratory Virus Infections. *Front Immunol* 9, 678.

[10] A. Tarke et al. (2021). Negligible impact of SARS-CoV-2 variants on CD4+ and CD8+ T cell reactivity in COVID-19 exposed donors and vaccinees, <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.02.27.433180v1.full.pdf>

[11] W. Li et al. (2003). Angiotensin-converting enzyme 2 is a functional receptor for the SARS coronavirus. *Nature* 426, 450–454.

[12] M. Hoffmann et al. (2020). Pohlmann. A Multibasic Cleavage Site in the Spike Protein of SARS-CoV-2 Is Essential for Infection of Human Lung Cells. *Mol Cell* 78, 779–784 e775.

[13] M. Letko et al. (2020). Functional assessment of cell entry and receptor usage for SARS-CoV-2 and other lineage B betacoronaviruses. *Nat Microbiol* 5, 562–569.

[14] D. Wrapp et al. (2020). Cryo-EM structure of the 2019-nCoV spike in the prefusion conformation. *Science* 367, 1260–1263.

[15] Y. Huang et al. (2020). Structural and functional properties of SARS-CoV-2 spike protein: potential antiviral drug development for COVID-19. *Acta Pharmacol Sin* 41, 1141–1149.

[16] J. Shang et al. (2020). Cell entry mechanisms of SARS-CoV-2. *Proc Natl Acad Sci USA* 117, 11727–11734.

[17] J. Pallesen et al. (2017). Immunogenicity and structures of a rationally designed prefusion MERS-CoV spike antigen. *Proc Natl Acad Sci USA* 114, E7348–E7357.

[18] R. N. Kirchdoerfer et al. (2018). Stabilized coronavirus spikes are resistant to conformational changes induced by receptor recognition or proteolysis. *Sci Rep* 8, 15701.

[19] G. Maruggi et al. (2019). mRNA as a transformative technology for vaccine development to control infectious diseases. *Mol Ther* 27, P757–772.

[20] S. Rauch et al. (2018). Vaccine Technologies to Combat Outbreak Situations. *Front Immunol* 9, 1963. *Clinical-Trial-Protocol-of-Phase-2b_3_CVnCoV.pdf*

[21] CV2CoV, an enhanced mRNA-based SARS-CoV-2 vaccine candidate, supports higher protein expression and improved immunogenicity in rats. https://www.curevac.com/wp-content/uploads/2021/05/20210513_PR_CV2CoV_Rat_Data_DE_Final.pdf

[22] Impfstoffe aus dem Drucker. Bundesministerium für Bildung und Forschung, <https://www.bmbf.de/de/impfstoffe-aus-dem-drucker-8003.html>

Verfasst von:



Simone Giesler ist Diplom-Biologin und hat sich nach ihrer Forschungsarbeit in einem Biotechnologieunternehmen und Presse- und Öffentlichkeitsarbeit am Universitätsklinikum Heidelberg selbstständig gemacht. Sie arbeitet als Redakteurin und Autorin für Bildungsmedien und Fachpublikationen.

Korrespondenz:

Simone Giesler
Eichenweg 7
69207 Sandhausen
Email: info@redaktion-text-idee.de

Mechanismen zur Bestimmung der Richtung zum Ziel

Das Navigationssystem der Vögel – Teil 2

ROSWITHA UND WOLFGANG WILTSCHKO



Brieftauben sind ein beliebtes Untersuchungsobjekt für die Navigationsleistungen der Vögel. Foto: Mabel Amber auf www.pixabay.com.

Vögel sind aufgrund ihrer Flugfähigkeit sehr mobil, und daher ist ihr Aktionsraum in der Regel viel ausgedehnter als der von gleichgroßen Tiere, die sich laufend oder kriechend fortbewegen. Um sich in diesem großen Gebiet möglichst kraftsparend und effizient zu bewegen – etwa um eine bestimmte Futterquelle, eine Wasserstelle, einen Ruheplatz usw. aufzusuchen – haben Vögel ein komplexes Navigationssystem entwickelt, das sich aus angeborenen und erlernten Komponenten zusammensetzt. Es ist dadurch jeweils ideal an die Umgebung angepasst, in der sie sich orientieren müssen, und erlaubt ihnen flexible Orientierung in einem großen Bereich. Auch ermöglicht es vielen von ihnen, Gebiete zu nutzen, die nur zeitweilig gute Lebensbedingungen bieten, und anschließend wieder andere Regionen aufzusuchen – das Leben der Zugvögel mit sich jahreszeitlich ändernden Heimatgebieten.

Im ersten Teil dieser Arbeit wurde das „Karte-Kompass-Modell“ vorgestellt, das Navigation bei Vögeln als ein Zwei-Schritt-Verfahren beschreibt: Zunächst wird die einzuschlagende Richtung als Kompassrichtung festgelegt, dann wird diese mit einem Kompass aufgesucht [1]. Im Folgenden wurden die bei Vögeln bekannten Kompassmechanismen beschrieben: der Magnetkompass [2], der auf direkter Wahrnehmung beruht, sowie die erlernten astronomischen Mechanismen, der Sonnenkompass [3] und, bei nächtlich ziehenden Zugvögeln, der Sternkompass [4].

Dieser zweite Teil der Arbeit ist der Frage gewidmet, wie die Richtung zum Ziel festgelegt wird. Auch für diesen ersten Schritt im Navigationsvorgang, die Bestimmung des Kompasskurses zum Ziel, gibt es mehrere Verfahren, die die Vögel je nach Situation anwenden, nämlich im Heimbereich Navigation aufgrund von Weginformation, beim Vogelzug angeborene Zugrichtungen und sowohl im Heimbereich als auch auf dem Zug das Benutzen von Ortsinformation – ein Mechanismus, der auf Erfahrung beruht und echte Navigation erlaubt. Diese Mechanismen sind wesentlich weniger gut bekannt als die Kompassmechanismen, aber auch hier ist unsere Kenntnis in den letzten Jahrzehnten gewachsen.

Navigation anhand von Weginformation

Die häufigste Navigationsaufgabe ist die Rückkehr zum Ausgangspunkt, z. B. zum Nest, einem Ruheplatz usw. Dabei kann man Information benutzen, die man auf dem Hinweg gesammelt hat. Theoretisch ergeben sich hier verschiedene Möglichkeiten der Information. Zum einen könnten sich die Vögel, wie wir es tun würden, prominente visuelle Landmarken entlang des Weges merken und sie auf dem Rückweg in umgekehrter Reihenfolge abfliegen. Das würde jedoch bedeuten, dass sie auf dem gleichen Weg zurückkehren müssten, was zu Umwegen führt, wenn der Hinweg nicht gradlinig war. Zudem ergibt sich bei längeren Wegen eine gewisse Belastung des Gedächtnisses. Eine andere Möglichkeit wäre, dass Vögel den Kompasskurs des Hinflugs registrieren und diesen umkehren, um heim zu fliegen. Wenn der Hinweg allerdings nicht gradlinig verläuft, müssen sie die jeweiligen Strecken, die sie in den verschiedenen Richtungen geflogen sind, entsprechend berücksichtigen und zu einer Gesamt-

richtung integrieren – die Gegenrichtung dieser Gesamtrichtung ergibt dann die Heimrichtung. Dies würde eine Rückkehr auf direktem Weg erlauben. Ein solches Verfahren – Registrierung der Richtungen des Hinwegs und deren Integration – ist z. B. für Wüstenameisen sehr gut untersucht [5]. Wir vermuten, dass junge Vögel auf ähnliche Weise vorgehen, solange sie noch unerfahren sind und die erfahrungsabhängigen Mechanismen noch nicht entwickelt haben.

Die ersten spontanen Flüge junger Vögel entziehen sich leider der experimentellen Untersuchung. Bei jungen Brieftauben hat sich jedoch gezeigt, dass sie Weginformation nicht nur beim aktiven Flug, sondern auch während eines passiven Transports aufnehmen können [6]: Solange ihnen das Magnetfeld zugänglich ist, registrieren sie offensichtlich mit ihrem Magnetkompass die Richtungen, in denen sie transportiert werden, und aus dieser Information leiten sie die Richtung ab, die sie nach dem Auflassen einschlagen (Abbildung 1).

Wegumkehr ist ein einfaches Verfahren, auf das sich Jungtauben bei ihren ersten Flügen verlassen können, wenn sie die Umgebung ihres Schlags erkunden und dabei die Informationen sammeln, die sie zur Erstellung ihrer Navigationskarte (siehe unten) brauchen. Später, bei erfahrenen Tauben, scheint Weginformation an Bedeutung zu verlieren, denn die Störung des Magnetfelds während der Verfrachtung, die bei jungen unerfahrenen Tauben Desorientierung hervorrief (Abbildung 1b), zeigte bei älteren

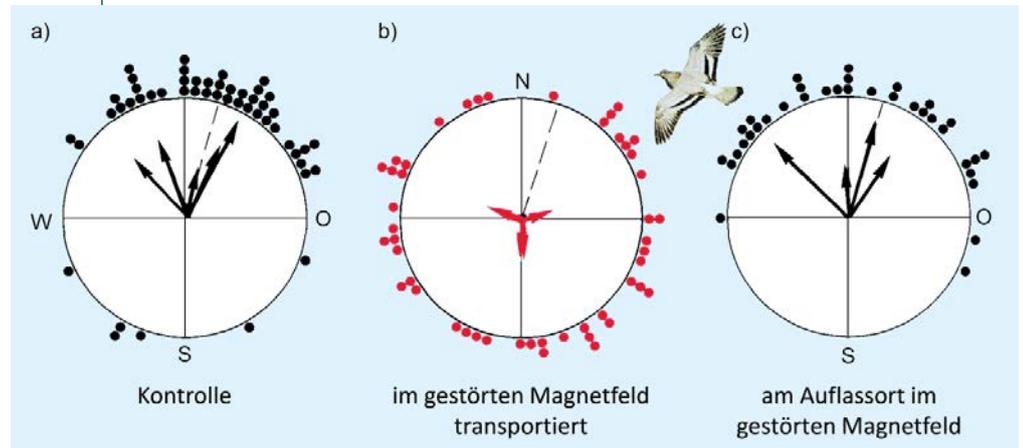
Tauben keine Wirkung mehr – sie konnten die Richtung heim zum Schlag auch ohne Weginformation bestimmen [6]. Es ist allerdings offen, ob Weginformation, wenn vorhanden, auch bei ihnen weiterhin im Navigationsprozess verrechnet wird.

Angeborene Information über Zugrichtung und Zugstrecke

Eine ganz andere Navigationsaufgabe stellt sich jungen Zugvögeln bei ihrem ersten Zug: Sie müssen das noch unbekannte Überwinterungsgebiet ihrer Population erreichen. Dabei verlassen sie sich auf ein angeborenes *Zugprogramm*, das ihnen die Richtung und – über die Dauer der Zugaktivität – die Länge der Zugroute vorgibt [7]. Bei Arten, die im Familienverband ziehen, wie z. B. Gänse, Schwäne und Kraniche, könnten die Jungen die Zugrichtung von den Altvögeln lernen. Aber bei vielen Arten ziehen die Vögel allein, und die Jungvögel beginnen ihren ersten Zug vielfach vor den älteren Vögeln, müssen also von sich aus Information über den Zugweg besitzen.

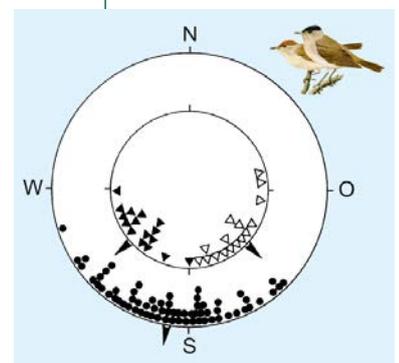
Handaufgezogene Zugvögel verschiedener Arten zeigten zur Herbstzugzeit in Käfigen eine spontane Bevorzugung ihrer Zugrichtung, und zwar für die Dauer der Zugzeit, wobei die Zugaktivität bei Arten,

ABB. 1 | VERWENDUNG VON MAGNETISCHER WEGINFORMATION



Die Abflugrichtungen junger, unerfahrener Brieftauben sind (a) bei normalem Transport heimwärts gerichtet; b) nach Transport in einem gestörten Magnetfeld desorientiert. c) Die gleiche magnetische Behandlung nach Ankunft am Auflassort hat keinen Effekt. Es wurden fünf bzw. vier Versuche zusammengefasst. Die Heimrichtung 16° ist durch einen gestrichelten Radius markiert; die Punkte an der Peripherie der Kreise stellen die Abflüge einzelner Tauben dar, die Pfeile im Kreis die mittleren Vektoren der einzelnen Auflassungen (nach [6]).

ABB. 2 | KREUZUNGSVERSUCHE ZUR VERERBUNG DER ZUGRICHTUNG



Mönchsgrasmücken verschiedener Populationen wurden gekreuzt; das Diagramm zeigt das Orientierungsverhalten zu Beginn der Herbstzugzeit. Symbole am inneren Kreis geben die Richtungen der 16 Elternpaare an. Ausgefüllte Dreiecke: südwestziehender Elternteil aus dem Rhein-Main-Gebiet, offene Dreiecke: südostziehender Elternteil vom Neusiedler See im Osten Österreichs; die Punkte am äußeren Kreis zeigen die Richtungen der Nachkommen. Die jeweiligen Mittelrichtungen sind mit einer Pfeilspitze markiert; die der Nachkommen liegt zwischen denen der Elternpopulationen (aus [8]).

IN KÜRZE

- Navigation bei Vögeln ist ein **Zwei-Schritt-Prozess**: Zunächst wird der Kurs zum Ziel als Kompassrichtung bestimmt, dann wird diese mit Hilfe eines Kompassmechanismus aufgesucht und in eine Flugrichtung umgewandelt.
- Junge, unerfahrene Vögel legen die Heimrichtung fest, indem sie spontan die verschiedenen Abschnitte des Hinwegs integrieren und diese **Gesamtrichtung des Hinwegs** umkehren.
- Junge Zugvögel erreichen ihr noch unbekanntes Winterquartier über ein **angeborenes Zugprogramm**, das ihnen Richtung und Dauer des Zugs vorgibt.
- Durch Lernprozesse **erstellen die Vögel eine Navigationskarte** – ein mentales Bild von der Verteilung der Navigationsfaktoren in ihrer Heimatregion und auf ihrer Zugstrecke. Die benutzten Faktoren sind Umweltgradienten, die sich extrapolieren lassen und so auch an unbekanntem Orten benutzt werden können.

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 258 erklärt.

die über die Sahara ziehen, entsprechend stärker war als bei solchen, die im Mittelmeerraum überwintern [7].

Bei Mönchsgrasmücken (*Sylvia atricapilla*) gibt es in Mitteleuropa Populationen mit unterschiedlichen Zugrichtungen: Die westlichen Populationen ziehen zunächst nach Südwest über die Iberische Halbinsel, die östlichen Populationen nach Südost über die Balkanhalbinsel. Kreuzungsversuche mit je einem Elternteil aus beiden Populationen machten deutlich, dass die Richtungsinformation vererbt wird, und zwar intermediär [8]: Die Nachkommen strebten in Richtungen, die in der Mitte zwischen den Zugrichtungen der Eltern lagen (Abbildung 2). Eine neuere Arbeit [9] untersucht das Zugverhalten verschiedener Populationen von Mönchsgrasmücken auch aus den Überschneidungsgebieten ausführlicher – ihre Zugrouten und ihre Genetik. Ob Arten, die im Familienverband ziehen, auch über angeborene Richtungsinformation verfügen, ist unklar.

Die angeborene Richtungsinformation kann auch so gestaltet sein, dass sich nicht-geradlinige Zugrouten ergeben, wenn diese ökologisch günstiger sind. So fliegen mitteleuropäische Gartengrasmücken (*Sylvia borin*) zunächst auf südwestlichem Kurs zur iberischen Halbinsel, ändern dort ihre Zugrichtung nach Süd bis Südost, um ihre afrikanischen Winterquartiere südlich der Sahara zu erreichen (Abbildung 3a). Auf diese Weise vermeiden die Vögel die Überquerung der Alpen und des Mittelmeers an der Stelle, wo es am breitesten ist. Handaufgezogene Gartengrasmücken bevorzugten anfangs südwestliche Richtungen (Abbildung 3b); Anfang Oktober, wenn sie normalerweise die spanische Südküste erreichen würden, änderten sie ihre Zugrichtung und strebten dann nach Süd (Abbildung 3c) [10]. Ihr angeborenes Zugprogramm sagt ihnen also, in unsere Sprache übertragen, so etwas wie „flieg 6 Wochen nach Südwest, dann 6 Wochen nach Süd“.

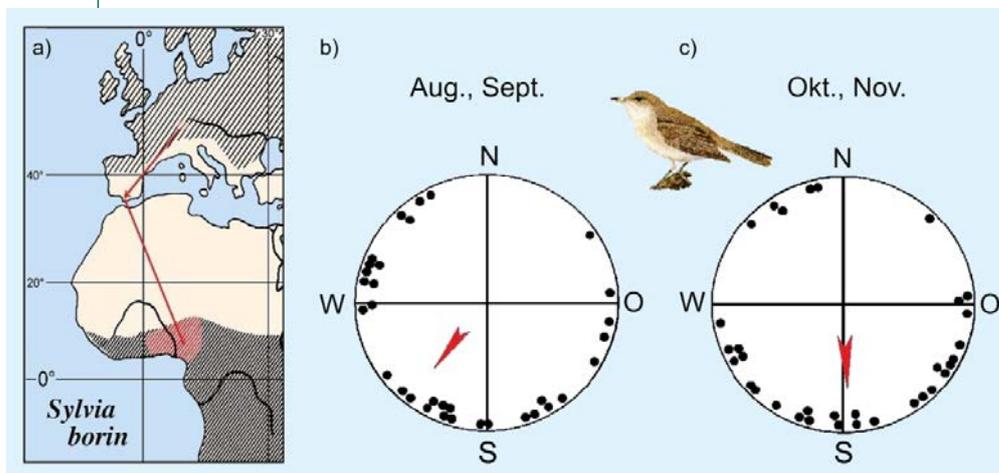
Wie solche Richtungsänderungen gesteuert werden, ist bisher nur für sehr wenige Arten untersucht worden, und es scheint Unterschiede zwischen Arten und wohl auch Populationen zu geben. Die oben beschriebenen Gartengrasmücken führten die Änderung der Zugrichtung allein nach dem Zeitprogramm durch; bei mitteleuropäischen Trauerschnäppern (*Ficedula hypoleuca*), die eine ähnliche Zugroute haben, war allerdings ein weiterer Faktor notwendig. Im Magnetfeld von Frankfurt gehalten, wurden sie Anfang Oktober, wenn sie beim natürlichen Zug die iberische Mittelmeerküste erreichen würden, zunehmend desorientiert und stellten dann ihre Zugaktivität ein. Wurden dagegen die Änderungen des Magnetfelds simuliert, die sie auf ihrem Zug erleben würden, blieben sie aktiv und änderten Anfang Oktober ihre Zugrichtung nach Südsüdost – hier bedurfte es offensichtlich der magnetischen Bedingungen von Südspanien, um den zweiten Teil des Zugs auszulösen [11]. Ob in der Natur dabei noch weitere Faktoren eine Rolle spielen, etwa Fliegen über dem Meer, ist unklar. Nicht-lineare Zugrouten sind von vielen anderen Vogelarten bekannt. Wie diese Richtungsänderungen gesteuert werden, bedarf weiterer Untersuchungen.

Es ergibt sich die Frage, wie die angeborene Richtungsinformation in eine aktuelle Zugrichtung umgesetzt wird. Die meisten handaufgezogenen Vögel hatten im ersten Sommer keinen Kontakt zu den astronomischen Faktoren; ihnen stand das Magnetfeld als einziger Faktor zur Verfügung. Ihr orientiertes Verhalten zeigt, dass das Magnetfeld als Referenzrichtung für die angeborene Zugrichtung dienen kann. Allerdings sind erst wenige Arten im Detail untersucht. Bei Indigofinken (*Passerina cyanea*) [4] und Trauerschnäppern [12] zeigte sich, dass die Himmelsrotation – die Wanderung der Sterne um den Himmelspol – bei der Ausprägung der Zugrichtung die entscheidende Rolle spielt: Aufgrund der Beobachtung der

Himmelsrotation in der Zeit vor dem ersten Herbstzug etablierten die Vögel einen Sternkompass, mit dem sie ihre Zugrichtung einhalten konnten. Konfliktversuche, bei denen handaufgezogene Trauerschnäpper den natürlichen Himmel in einem gedrehten Magnetfeld beobachteten, ergaben, dass die Zugrichtung bezogen auf den Magnetkompass durch die Himmelsrotation umgekehrt worden war [12].

Bei mitteleuropäischen Gartengrasmücken zeigte sich ein weiteres Zusammenwirken von Himmelsrotation und Magnetfeld [12]: Junge Vögel, die rotierende Sterne nur in einem teilkompensierten Magnetfeld ohne magnetische Richtungsinformation beobachtet hatten, zogen später unter stehenden Sternen ohne mag-

ABB. 3 | DER ZUG MITTELEUROPÄISCHER GARTENGRASMÜCKEN



a) Der Zug der Gartengrasmücken in ihr afrikanisches Winterquartier. b, c) Richtungen handaufgezogener Grasmücken zu Beginn der Zugzeit (b) und in der zweiten Hälfte der Zugzeit (c); die roten Pfeile markieren die jeweilige Mittelrichtung (nach [10]).

netische Richtungsinformation vom ehemaligen Zentrum der Rotation weg, was einer südlichen Richtung entsprach. Vögel, die die rotierenden Sterne im natürlichen Magnetfeld erlebt hatten, schlugen dagegen ihre populationspezifische südwestliche Zugrichtung zu den Sternen auch ohne magnetische Richtungsinformation ein. Es schien so, als sei bei ihnen die Abweichung von der Südrichtung nur in Bezug auf das Magnetfeld angeboren. Weitere Untersuchungen müssen klären, wie sich dies bei den verschiedenen Vogelarten und -populationen verhält.

Ortsinformation – die Navigationskarte und die Mosaikkarte

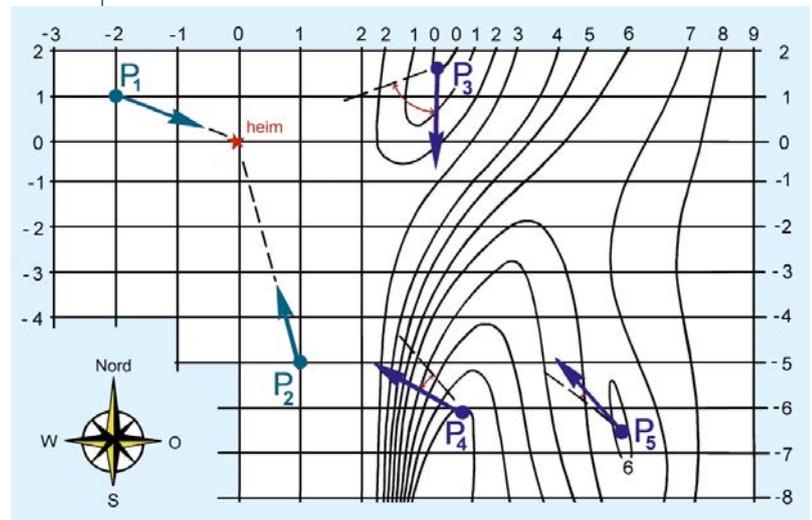
Neben den beiden oben beschriebenen Möglichkeiten, die keine Vorkenntnis erfordern, können erfahrene Vögel andere Mechanismen benutzen, nämlich solche, die auf Erfahrung beruhen – sie benutzen dann zur Navigation Informationen, die sie an dem Ort aufnehmen, an dem sie ihren Flug zum Ziel beginnen, und vergleichen diese mit der entsprechenden Information vom Zielort.

Wenn Vögel verfrachtet werden, geht man davon aus, dass ihre Abflugrichtungen nach dem Freilassen die Richtung repräsentieren, die sie am Ort ihrer Freilassung für ihre Heimrichtung halten. Die Abflüge sind meist mehr oder weniger heimgerecht [13], weichen aber oft in charakteristischer Weise von der Heimrichtung ab. Diese Abweichungen treten an den betreffenden Orten regelmäßig auf; sie sind für den jeweiligen Ort charakteristisch und werden deshalb als ► *Ortsmissweisung* bezeichnet [14]. Die Vögel ändern ihre Flugrichtungen jedoch später, denn sie kommen in der Regel ohne größere Verzögerung heim.

Das Konzept

Um in der Lage zu sein, an entfernten, unbekanntenen Orten Ortsfaktoren zu benutzen, müssen Vögel die lokalen Navigationsfaktoren interpretieren können. Zur Erklärung dieser Leistungen wurde die Vorstellung entwickelt, dass Vögel ihre Heimrichtung mit Hilfe von ► Umweltgradienten und einer „Navigationskarte“ bestimmen [15]. Diese wird als richtungsmäßig ausgerichtete Vorstellung von der räumlichen Verteilung der Navigationsfaktoren (siehe unten) in der Heimregion gesehen und ist in Abbildung 4 veranschaulicht. Wenn die Vögel den Verlauf der Gradienten in ihrem Heimbereich kennen, können sie diese über den Bereich direkter Erfahrung hinaus extrapolieren. Sie leiten ihre Heimrichtung ab, indem sie am Ort, an dem sie sich befinden, die lokalen Werte der Navigationsfaktoren mit den erinnerten Werten vom Zielort vergleichen. Im Beispiel von Abbildung 4: Wenn sie aus Erfahrung wissen, dass z. B. Faktor A nach Osten hin ansteigt, und sie kommen an einen Ort, an dem die lokalen Werte von A wesentlich höher sind als daheim, schließen sie daraus, dass sie weit im Osten ihres Heimatorts sind und dass sie also, um diesen zu erreichen, nach Westen fliegen müssen. Bei regelmäßigem Verlauf der Gradienten stimmt die Abflugrichtung mit der Heimrichtung mehr oder weniger

ABB. 4 | DIE NAVIGATIONSKARTE

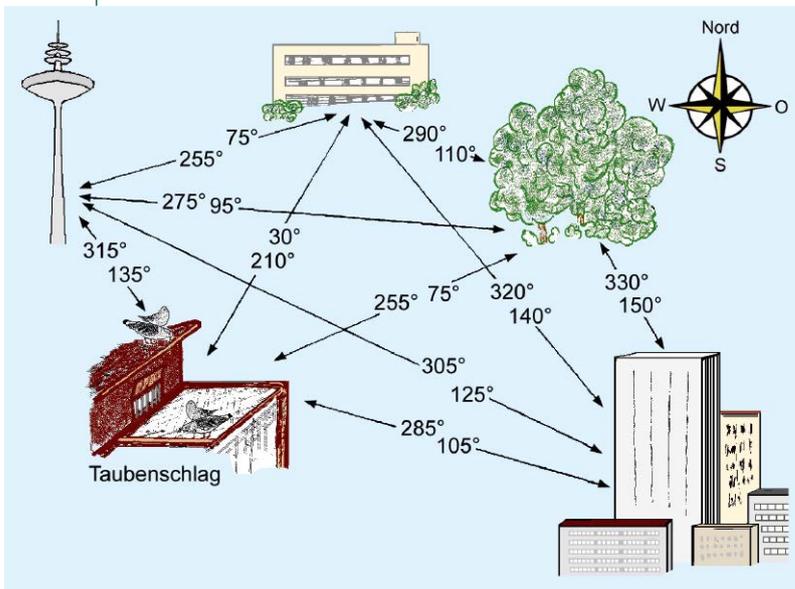


Die Navigationskarte ist ein richtungsmäßig ausgerichtetes Bild der Verteilung von Umweltgradienten, die als Navigationsfaktoren benutzt werden. Eingezeichnet sind die Isolinien gleicher Intensität der Werte zweier Faktoren in Bezug zu den Werten am Heimatort. Unregelmäßigkeiten in der Verteilung (wie an P3, P4 und P5) führen zu Fehleinschätzungen des Standorts und damit zu Abflugrichtungen, die von der Heimrichtung abweichen, den sogenannten ‚Ortsmissweisungen‘.

überein (P1, P2 in Abbildung 4). Wenn die Gradienten dagegen Unregelmäßigkeiten aufweisen, bedingt dies Abweichungen von der Heimrichtung (P3, P4, P5 in Abbildung 4). Die häufig beobachteten Abweichungen der Abflugrichtungen von der Heimrichtung – die Ortsmissweisungen – lassen sich also auf lokale Anomalien in der Verteilung der Navigationsfaktoren zurückführen.

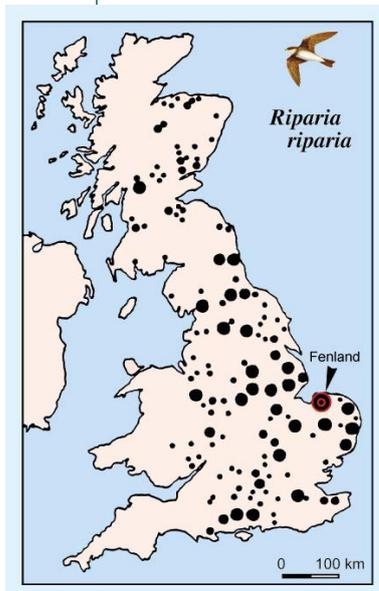
In der Nähe des Heimorts wird der Unterschied der lokalen Werte zu den Heimwerten der Gradienten so klein, dass Unterschiede nicht mehr zuverlässig wahrgenommen werden können. Zeitumstellungsversuche im Umkreis weniger Kilometer vom Schlag, also in einem Bereich, in dem man den Tauben intensive Ortskenntnis und Kenntnis der Landmarken unterstellen muss, zeigen, dass auch hier die Heimrichtung als Kompassrichtung bestimmt wird. Für den Bereich um den Heimatort nimmt man deshalb die „Mosaikkarte“ an, eine richtungsmäßig orientierte Vorstellung der Verteilung prominenter Landmarken im Heimbereich (Abbildung 5). Sie entspricht der Navigationskarte, nur dass anstelle von sich kontinuierlich ändernden Gradienten lokale Marken abgespeichert sind, deren Richtungsbeziehung zum Ziel die Vögel kennen. Im unmittelbaren Heimbereich geben diese Landmarken ihnen den Kompasskurs nach Hause an: Vögel wissen zum Beispiel, dass eine bestimmte Landmarke westlich von daheim liegt und sie also nach Osten fliegen müssen, um heim zu kommen (siehe auch [15]). Wie groß das Gebiet der Mosaikkarte ist, ist nicht bekannt, aber es ist damit zu rechnen, dass es unterschiedlich ist, je nachdem, wie die Bedingungen vor Ort im Hinblick auf die Navigationsfaktoren und Landmarken sind.

ABB. 5 | DIE MOSAIKKARTE



Die Mosaikkarte ist ein richtungsmäßig ausgerichtetes Bild der Verteilung prominenter Landmarken im Heimbereich und deren Richtungsbeziehung zum Heim und untereinander, die die Navigation im Heimbereich ermöglicht: Die Tauben wissen z. B. aus Erfahrung, dass der Fernsehturm im Nordwesten vom Schlag liegt und dass sie von dort nach Südosten fliegen müssen, um heimzukehren.

ABB. 6 | UMHHERSTREIFEN JUNGER VÖGEL NACH DEM AUSFLIEGEN



Junge Uferschwalben aus der Kolonie in Fenland (Südostengland) wurden markiert, und die Beobachtungen dieser Vögel im ersten Sommer und Herbst vor dem ersten Wegzug aufgezeichnet. Kleine Punkte: einzelne Individuen, mittlere Punkte: zwei Individuen, große Punkte: drei und mehr Individuen (nach [17]).

Diese Vorstellungen wurden zunächst aufgrund von entsprechenden Beobachtungen für die Navigation von Brieftauben entwickelt, aber sie lassen sich auf wildlebende Vögel übertragen, selbst auf Zugvögel, die nach dem ersten Aufenthalt im Zielgebiet nicht mehr durch völlig unbekannte Gebiete ziehen und auf dem ersten Zug Gelegenheit hatten, die dortige Verteilung der Navigationsfaktoren zu erfahren.

Das Erstellen und die Größe der Karten

Die räumliche Verteilung der Navigationsfaktoren in ihrer Heimregion müssen die Vögel jeweils individuell lernen. Dies geschieht auf spontanen Erkundungsflügen. Nach dem Ausfliegen fliegen junge Brieftauben zunächst um ihren Schlag, aber bald streifen sie weiter umher und bleiben oft längere Zeit, gelegentlich über eine Stunde, außer Sichtweite. Dabei machen sie sich wohl mit der räumlichen Verteilung der Navigationsfaktoren in der näheren und weiteren Umgebung ihres Schlags vertraut. Bei jungen Tauben, die über kurze Stre-

cken verfrachtet wurden, zeigte sich, dass diese zunächst die Umgebung des Auflassorts abfliegen, bevor sie sich auf den Heimweg machen. Doch auch später im Leben können Tauben noch dazulernen und ihre Navigationskarte verbessern und ergänzen [16]. Auch junge wildlebende Vögel fliegen nach dem Selbstständigwerden oft weit umher und durchstreifen großräumige Gebiete. Gut dokumentiert sind die Beobachtungen an Uferschwalben (*Riparia riparia*) aus einer Kolonie im Südosten von England [17]: Die markierten Jungvögel wurden in einem großen Gebiet nachgewiesen, bevor sie zum Herbstzug gen Süden aufbrachen (Abbildung 6). Dieses Umherfliegen ist auch geeignet, ihnen die Information über die räumliche Verteilung regionaler Gradienten für den Aufbau einer effizienten Navigationskarte zu vermitteln, die ihnen die Navigation in ihrem Heimatgebiet ermöglicht.

Wir nehmen an, dass diese Vorstellungen über die Navigationskarte und ihre Entstehung für alle Vögel in ähnlicher Weise gelten, und zwar nicht nur in der Heimatregion, sondern bei Zugvögeln auch auf dem Zug. Der erste Zug ins Winterquartier wird über das angeborene Zugprogramm gesteuert [7]; dabei haben die jungen Zugvögel Gelegenheit, sich mit der großräumigen Verteilung potenzieller Navigationsfaktoren entlang ihres Zugwegs vertraut zu machen, so dass sie später in der Lage sind, zu navigieren und ihre Zielgebiete gezielt anzufliegen. Den Unterschied zwischen dem ersten Zug ins noch unbekannte Winterquartier und späteren Zugbewegungen dokumentieren unter anderem die klassischen Verfrach-

GLOSSAR

Himmelspol: Ort am Himmel in Verlängerung der Erdachse, um den sich die Sterne drehen.

Infraschall: Schall in Wellenlänge, die unter unserem Hörbereich liegen. Er entsteht durch Brandung an der Küste, Wind über Gebirgskämmen und bestimmten Wetterereignissen und breitet sich über weite Strecken bei geringer Abnahme aus.

Magnetische Anomalie: Gebiet, in dem die Feldstärke des Erdmagnetfelds von den regelmäßigen Werten abweicht; oft starke Schwankungen auf kleinstem Raum. Magnetische Anomalien entstehen in Verbindung mit Erzen im Boden, Vulkanismus usw.

Ortsmissweisung (engl. release site bias): Abflugrichtungen verfrachteter Vögel, die eine für den jeweiligen Ort typische Abweichung von der Heimrichtung zeigen.

Umweltgradienten: Umweltfaktoren, die einen Gradienten aufweisen, z. B. die Intensität des Erdmagnetfelds, die von den Polen zum magnetischen Äquator abnimmt.

Zugaktivität: Aktivität eines Zugvogels, in der sich die Bereitschaft zu ziehen ausdrückt. Bei nachtziehenden Vögeln ist es die Aktivität während der Dunkelheit, die nur während der Zugsaison auftritt und der Länge des Zugwegs entspricht.

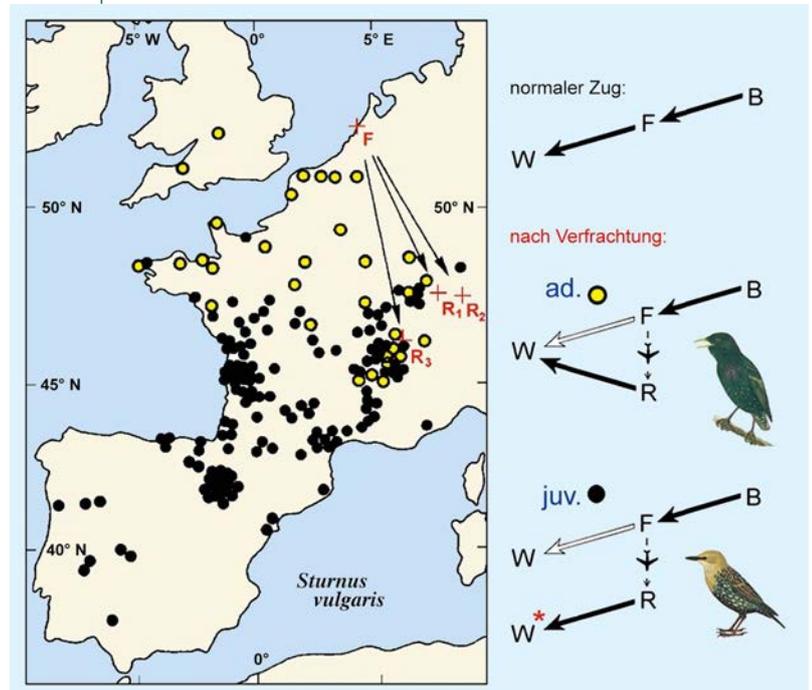
tungsversuche, die in den 1950er Jahren in den Niederlanden mit Staren (*Sturnus vulgaris*) baltischer Herkunft durchgeführt wurden [18]: Tausende Vögel wurden beringt, mit dem Flugzeug in die Schweiz verfrachtet und dort freigelassen. Die Verteilung der Wiederfunde (Abbildung 7) macht einen gravierenden Unterschied zwischen jungen und älteren Vögeln deutlich: Die Jungen, die das erste Mal zogen, folgten weiter ihrer angeborenen Zugrichtung, während die erfahrenen Vögel, die schon mindestens einmal im Zielgebiet überwintert hatten, ihren Kurs änderten und das Überwinterungsgebiet in Nordfrankreich und Südengland ansteuerten. Das heißt, bei späteren Zugbewegungen dominiert Navigation auf das Ziel hin – in diesem Fall das Überwinterungsgebiet – über die angeborene Zugrichtung.

Zur Navigation ist es notwendig, dass die Vögel das Ziel kennen – sie können grundsätzlich keinen ihnen unbekanntem Ort direkt annavigieren. Die jungen Stare waren nicht etwa grundsätzlich unfähig zu navigieren, sondern ihnen fehlte einfach das Wissen über die regionalen Verhältnisse im Zielgebiet. Die wenigen Wiederfunde von Verfrachtung auf dem Frühjahrszug dokumentieren, dass auch verfrachtete junge Stare wieder ihr angestammtes Brutgebiet ansteuerten [19] – dort waren sie vor dem Zug umher geflogen und kannten die dortigen Verhältnisse. Auch die jungen Uferschwalben (Abbildung 6) kehrten im nächsten Frühjahr an ihren Heimatort zurück: Von den später wieder nachgewiesenen Individuen brüteten mehr als 90 Prozent im Umkreis von weniger als 10 km von der Ursprungskolonie [17].

Lokale Faktoren geben den Vögeln also mit Hilfe der Navigationskarte die Richtung zum Ziel an. Inwieweit auch auf die Entfernung geschlossen werden kann, ist nicht ganz klar. Man muss annehmen, dass sie zumindest eine ungefähre Vorstellung von der Entfernung haben. Dafür spricht ein Versuch mit Tauben, die umgesiedelt worden waren: Nachdem sie sich am neuen Ort gut eingewöhnt hatten, ließ man sie zwischen ihrem alten und neuen Heim auf, und sie flogen jeweils auf den Schlag zu, der näher lag [20]. Dies lässt vermuten, dass sie Entfernungen abschätzen und sogar vergleichen können.

Es stellt sich die Frage, über welche Strecken Navigation möglich ist. Bei Standvögeln würde – je nach Größe des Heimbereichs – ein Areal nötig sein, das diesen Bereich um ein Mehrfaches übersteigt. Bei Zugvögeln muss der Bereich entsprechend größer sein und Brutgebiet sowie Winterquartier einschließen. Bei den Verfrachtungen der baltischen Stare in die Schweiz (Abbildung 7) konnten die erfahrenen älteren Vögel ihr Winterquartier in Nordfrankreich und Südengland ansteuern [18]; bei einer späteren Verfrachtung nach Barcelona war das vielen offenbar nicht mehr möglich, und von den jungen verfrachteten Individuen kehrte keiner mehr ins Brutgebiet zurück [21]. Diese Verfrachtung schien also über den Navigationsbereich der meisten Stare hinauszugehen. Andererseits zeigt die Reaktion von erfahrenen Dachsammern (*Zonotrichia leuco-*

ABB. 7 | VERFRACHTUNGSVERSUCH MIT ZIEHENDEN STAREN



Stare aus dem Baltikum wurden auf dem Durchzug an der niederländischen Küste am Ort F bei Den Haag gefangen, per Flugzeug in die Schweiz verfrachtet und dort an den Orten R1, R2 und R3 freigelassen. Die Ringfunde zeigten einen Unterschied im Verhalten zwischen jungen Staren auf dem 1. Zug und älteren Vögeln: Während letztere ihren Kurs änderten und auf ihr angestammtes Überwinterungsgebiet in Nordfrankreich und Südengland zufliegen, reagierten die jungen Stare nicht auf die Verfrachtung, flogen weiterhin in Zugrichtung und wurden in Südfrankreich und Spanien wiedergefunden. a) Verteilung der Wiederfunde (aus [18]). b) Schematische Darstellung des normalen Zugs, des Verhaltens der älteren Stare (ad.) und dem der Jungvögel (juv.). B: Brutgebiet, W: Überwinterungsgebiet; W*: neues Überwinterungsgebiet der verfrachteten Jungstare.

phrys gambelii), die während des Herbstzugs entlang der amerikanischen Westküste im Staat Washington gefangen und an die Ostküste nach New Jersey verfrachtet worden waren, dass sie diese Verfrachtung kompensieren konnten [22]. Dies spricht für eine Navigationskarte, die sich über die ganze Breite des nordamerikanischen Kontinents erstreckt. Es gibt also offensichtlich Unterschiede in der Ausdehnung der Karten, wobei noch unbekannt ist, ob dies an den jeweiligen Arten, den verschiedenen Regionen oder an den in die Karte integrierten Navigationsfaktoren liegt. Neuere Verfrachtungsversuche mit dänischen Kuckucken (*Cuculus canorus*), die zu Beginn des Zugs nach Südspanien, weit westlich ihrer normalen Zugroute, verfrachtet worden waren, und deren Flugrouten aufgezeichnet wurden [23], zeigten, dass auch sie ihre Zugrichtung änderten und ihr angestammtes Winterquartier anfliegen (Abbildung 8) – ihre Navigationskarte erlaubte ihnen also, von Spanien aus ihre zentralafrikanischen Winterquartiere anzusteuern. Allerdings traten hier interessante Unterschiede in der Reaktion individueller Vögel auf: Einige schienen direkt auf ihr Überwinterungsgebiet zuzusteuern,

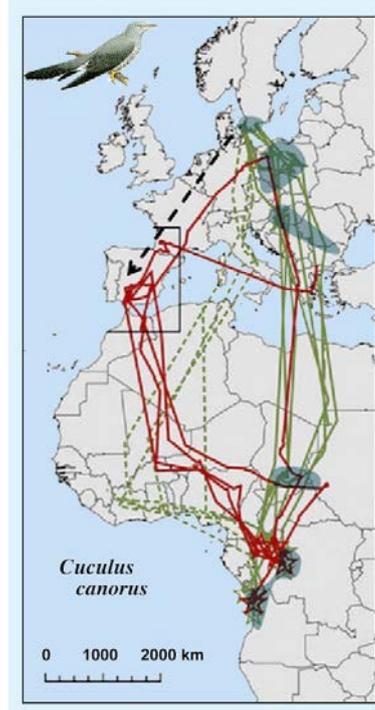
aber andere flogen zunächst verschiedene Rastgebiete unterwegs an und bogen dann Richtung Überwinterungsgebiet ab.

Die Navigationsfaktoren

Die Navigationskarte muss mindestens zwei Gradienten enthalten (siehe Abbildung 4); es könnten aber auch wesentlich mehr sein. Die Identität dieser Faktoren ist eine der großen offenen Frage; es sind aber auf jeden Fall mehrere Faktoren verschiedener Natur. Am besten belegt sind magnetische Faktoren, wahrscheinlich die lokale magnetische Feldstärke, die einen deutlichen Gradienten aufweist und vom magnetischen Äquator zu den magnetischen Polen ansteigt. Sie wird aber in der Regel erst in größeren Entfernungen benutzt. Für magnetische Navigationsfaktoren spricht zum einen das Verhalten von Brieftauben in ► magnetischen Anomalien (Abbildung 9), wo die rasche Änderung der Feldstärke zu Desorientierung führt [24]. Zum anderen belegt aber auch die magnetische Simulation einer Verfrachtung bei Zugvögeln die wichtige Rolle magnetischer Navigationsfaktoren [25]: Teichrohrsänger (*Acrocephalus scirpaceus*), die am Fangort im Magnetfeld eines entfernten Ortes getestet wurden, reagierten genauso wie die Vögel, die tatsächlich an diesen Ort verfrachtet worden waren, und änderten ihre Frühjahrszugrichtung entsprechend (Abbildung 10).

Als weitere Faktoren wurden Schwerkraft, ► Infraschall und auch der Anblick von fernen Landschaftsmerkmalen, der sich mit der Entfernung ändert, in Erwägung gezogen, doch keiner dieser Faktoren ist bisher sicher nachgewiesen (für eine Übersicht siehe [26]). Auch Geruchsstoffe wurden als Navigationsfaktoren vorgeschlagen [27], aber deren Rolle wird sehr kontrovers diskutiert. In manchen Gebieten, z. B. Italien, hat Geruchsentzug eine desorientierende Wirkung, während das in anderen Regionen nicht der Fall war. Zudem trat die desorientierende Wirkung generell nur an Orten auf, die den Tauben unbekannt waren. Es gibt eine Vielzahl von Befunden, die von den Protagonisten im Sinne von Geruchsorientierung interpretiert werden, doch die Gesamtheit der Befunde lässt sich eher durch die Annahme erklären, dass Geruchsstoffe eine aktivierende Wirkung haben, und zwar bei der Integration neuer lokaler Werte in die Navigationskarte (für eine Dis-

ABB. 8 | VERFRACHTUNG ERWACHSENER KUCKUCKE AUF DEM HERBSTZUG



Gestrichelter schwarzer Pfeil: Verfrachtung von Dänemark nach Spanien. Rote Linien: Routen der verfrachteten Kuckucke; grüne Linien: Zugrouten von nicht verfrachteten Kontrollvögeln (durchgezogen: Herbstzug; gestrichelt: Frühjahrszug). Die offenen Sterne markieren die Überwinterungsgebiete einzelner Vögel; die schattierten Flächen Rast- und Futtergebiete während des normalen Zugs (nach [23]).

kussion der Kontroverse, siehe [28]). Die Rolle von Geruchsfaktoren ist letztlich noch nicht endgültig geklärt.

Inwieweit Landmarken an fernen bekannten Orten eine Rolle spielen, ist ebenfalls unklar. Es ist nicht anzunehmen, dass Vögel von bekannter Landmarke zu bekannter Landmarke fliegen, denn Zeitumstellung ruft auch an sehr gut bekannten Orten die charakteristischen Abweichungen von der Richtung der Kontrollen hervor, die das Benutzen des Sonnenkompass anzeigt und die Vögel dabei in eine völlig andere Beziehung zu den Landmarken bringt [29]. Im Nahbereich werden Landmarken dagegen, wie oben beschrieben, wahrscheinlich als Elemente der Mosaikkarte benutzt, assoziiert mit der Kompassrichtung nach Hause.

Wir können davon ausgehen, dass die Vögel, wenn sie ihre Navigationskarte aufbauen, opportunistisch vorgehen in dem Sinne, dass sie alle Faktoren in ihre Karte integrieren, die sich in ihrer Heimatregion als nützlich erweisen. Das bedeutet allerdings auch, dass die Navigationskarte in verschiedenen Regionen unterschiedliche Faktoren enthalten kann, was die Erforschung dieser Faktoren nicht leichter macht. Andererseits gibt es aber Hinweise, dass verschiedene Vogelarten aus der gleichen Region die gleichen Navigationsfaktoren benutzen [14]: Brieftauben und Uferschwalben aus einer Kolonie in

der Nähe des Schlags zeigten an einem über 100 km entfernten Ort die gleiche starke Abweichung von der Heimrichtung (Abbildung 11). Dies lässt darauf schließen, dass sie die lokalen Faktoren in gleicher Weise interpretierten.

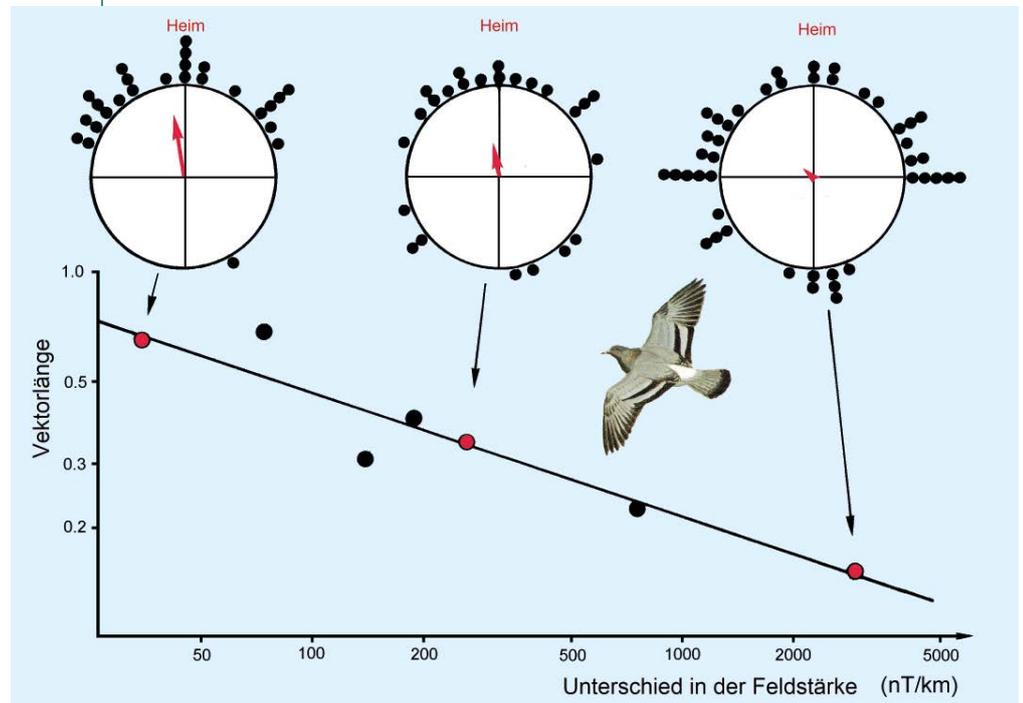
Ein effizientes System

Das Navigationssystem der Vögel setzt sich also aus spontanen und erlernten Komponenten zusammen, wobei die angeborenen Mechanismen es den Vögeln ermöglichen, die Lage und Verteilung möglicher Navigationsfaktoren zu erkunden und aufgrund dieser Erfahrung die komplexeren erlernten Mechanismen aufzubauen. Dies gilt für die Kompassmechanismen, vor allem aber auch für die Art und Weise, wie die Vögel die Richtung zum Ziel bestimmen. Der Magnetkompass, der auf der direkten Wahrnehmung der Richtung des Magnetfelds beruht, bildet die Referenzrichtung für das Erlernen des Sonnenkompass und wahrscheinlich auch für das Anpassen des Sonnenkompass an

die jahreszeitlichen Änderungen der Sonnenbahn. Bei nachziehenden Vögeln gibt er auf dem Zug neu erscheinenden Sternbildern Richtungsbedeutung. Damit ist zum einen sichergestellt, dass die astronomischen Systeme immer an die jeweilige Situation angepasst sind; zum anderen können die Vögel Richtungen aus ihrem magnetischen wie visuellen Umfeld gemeinsam ableiten. Im Heimbereich ist der Sonnenkompass zunächst der dominierende Mechanismus und wird, wie die im ersten Teil dieses Beitrags beschriebenen Zeitumstellungsversuche zeigen (siehe dort Abbildung 9), bevorzugt benutzt. Aber die meisten der so in die Irre geleiteten Vögel bemerken die anfängliche Fehlinformation, korrigieren ihren Kurs entsprechend und kehren heim, wenn auch mit Verspätung.

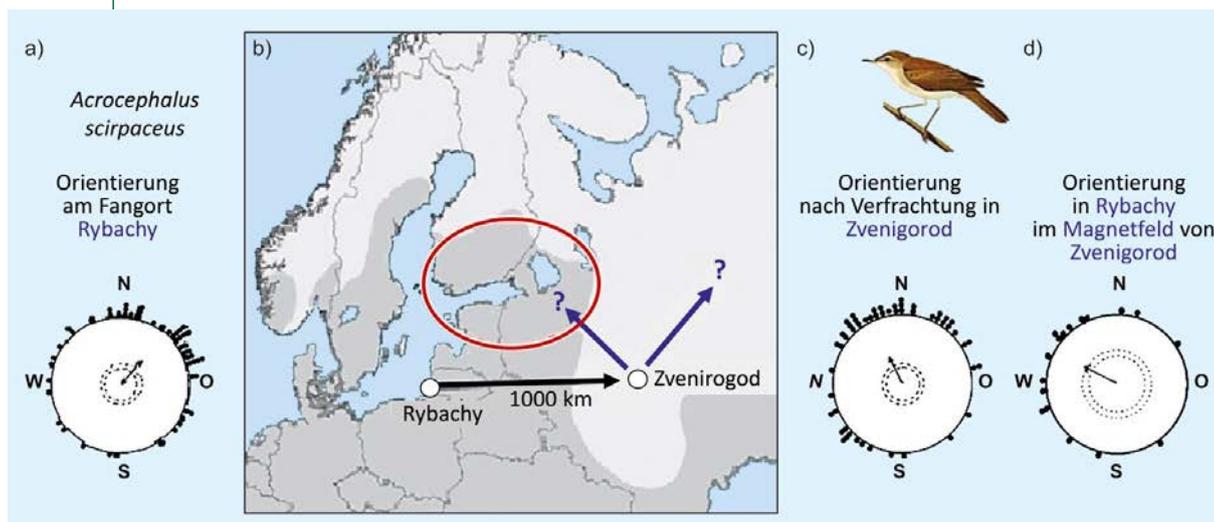
Bei den Mechanismen zur Bestimmung des Kurses zum Ziel können sich die jungen Vögel zunächst auf eine spontane Reaktion verlassen, indem sie die Richtung des Hinwegs registrieren – sie benutzen Weginformation, und diese setzt keinerlei Vor-

ABB. 9 ANFANGSORIENTIERUNG VON BRIEFSTAUBEN AUSSER- UND INNERHALB EINER MAGNETISCHEN ANOMALIE



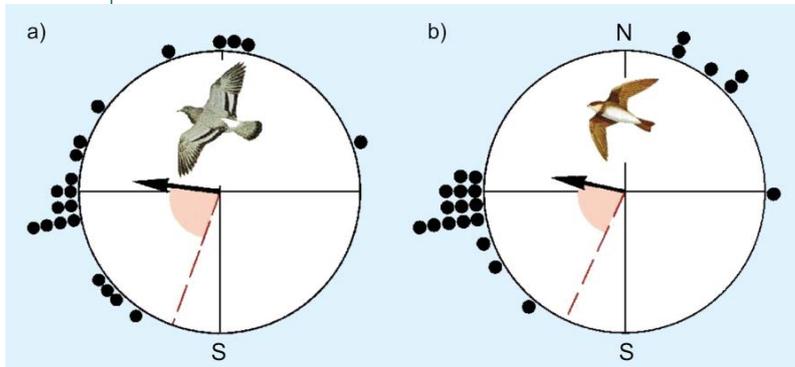
Aufgetragen ist die Vektorlänge der Verschwinderichtungen an sieben Orten außerhalb und innerhalb der Anomalie Iron Mine (Massachusetts, USA) in Bezug zu der jeweiligen Änderung in der Feldstärke innerhalb von 1 km in nT (Skalen logarithmisch): Schnelle Änderungen bedingen größere Streuung bis hin zur Desorientierung. Für drei Auffassungen (rot markiert) sind die jeweilige Verteilung der Verschwinderichtungen und der mittlere Vektor als Beispiel angegeben (nach [24]).

ABB. 10 | MAGNETISCH SIMULIERTE VERFRACHTUNG



Teichrohrsänger wurden während des Frühjahrszugs in Rybachy auf der Kurischen Nehrung gefangen und getestet (a). Nach Zvenigorod verfrachtet (b) und dort getestet (c), änderten sie ihre Richtung auf das Brutgebiet zu. Vögel, die in Rybachy blieben, dort aber im Magnetfeld von Zvenigorod getestet wurden (d), änderten ihre Richtung in gleicher Weise – sie kompensierten die magnetisch simulierte Verfrachtung (nach [25]). b) Dunkel: Verbreitungsgebiet der Teichrohrsänger; rot umrandet: vermutetes Brutgebiet der durch Rybachy ziehenden Vögel. Schwarzer Pfeil: Verfrachtung von Rybachy nach Zvenigorod. Blaue Pfeile: mögliches Orientierungsverhalten dort. Bei den Kreisdiagrammen stellen die Punkte am Rande die Richtungstendenz einzelner Vögel dar, der innere Pfeil gibt jeweils die mittleren Vektoren an.

ABB. 11 | ORIENTIERUNGSVERHALTEN ZWEIER ARTEN AM GLEICHEN ORT



Brieftauben (a) und Uferschwalben gleicher Herkunft (b) wurden an einem Ort 143 km nördlich des Herkunftsorts aufgelassen; die Heimrichtung (200°) ist durch einen roten Radius markiert. Die Punkte am Rand des Kreises geben Verschwinderichtungen der einzelnen Vögel an, die Pfeile die mittleren Vektoren. Die Abweichung der Mittelrichtung von der Heimrichtung ist rötlich markiert (nach [14]).

kenntnisse voraus. Weginformation hat aber einen gravierenden Nachteil, wenn sich die Vögel weiter von einem Ort entfernen, an den sie später zurückkehren wollen: Bei einer allein auf Weginformation beruhenden Orientierung ist nämlich keine Kurskorrektur möglich. Geringe Fehler bei der Erfassung des Kurses und der Integration verschiedener Flugrichtungen addieren sich und könnten so bei der Umkehr zu einem leicht fehlerhaften Kurs führen. Das ist nicht weiter schlimm, solange die Vögel in der Nähe vom Zielort bleiben; in einer Entfernung von 1 km macht z. B. ein Fehler von 5° weniger als 100 m aus. Wenn sie sich aber weiter vom Zielort entfernt haben, kann der gleiche Fehler dazu führen, dass der Zielort verfehlt wird. Das Benutzen von Ortsinformation mit der Hilfe der Navigationskarte erlaubt dagegen, die Richtung zum Ziel bei Bedarf jederzeit neu zu bestimmen. Anfängliche Fehler wie die Ortsmissweisung, hervorgerufen durch Unregelmäßigkeiten in der Verbreitung der Navigationsfaktoren, können leicht korrigiert werden. Navigation mit Hilfe der Karte ist flexibel, erlaubt Umwege, etwa um bestimmte Gebiete aufzusuchen oder zu meiden, ohne dass komplexe Wege integriert werden müssten. Auch können nicht nur ein Zielort, sondern beliebige Ziele angefliegen werden. Das Benutzen von Ortsinformation ist der rein auf Weginformation beruhenden Navigation überlegen und gibt mehr Sicherheit; deshalb wird sie wohl von erfahrenen Vögeln bevorzugt benutzt.

Entsprechendes gilt auch für den Vogelzug. Die Verfrachtungsversuche (Abbildungen 7 und 8) machen deutlich, dass Navigationsvorgänge nach dem ersten Zug über die angeborene Richtungsinformation dominieren. Versuche mit handaufgezogenen Zugvögeln zeigen zwar, dass die angeborene Zugrichtung auch später noch zur Verfügung steht [30], aber die Vögel ändern ihren Kurs bei Bedarf, um ihr Ziel – das Brutgebiet, das angestammte

Winterquartier, aber auch günstige Rastgebiete (Abbildung 8) – zu erreichen oder weniger günstige Gebiete zu meiden. Bei späteren Zugbewegungen ist die Navigation mit Hilfe der auf Erfahrung beruhenden Karte dem starren angeborenen Zugprogramm überlegen. Insgesamt werden die durch Erfahrung erworbenen Mechanismen später von älteren Vögeln bevorzugt benutzt, denn eine ausgedehnte Karte erlaubt eine effiziente Orientierung sowohl im Heimbereich als auch auf dem Vogelzug, ermöglicht größere Flexibilität und gibt vor allem mehr Sicherheit beim Erreichen des jeweiligen Ziels.

Zusammenfassung

Im ersten Teil dieses Beitrags haben wir aufgezeigt, welche Kompassmechanismen Vögel für die Navigation nutzen. Für die Bestimmung der Richtung zum Ziel im Heimbereich können sich junge Vögel zunächst spontan auf Weginformation verlassen, indem sie die Richtung des Hinwegs registrieren und Richtungsänderungen integrieren; die Umkehr dieser Richtung ergibt die Heimrichtung. Der erste Zug junger Zugvögel ins noch unbekannte Winterquartier wird durch ein angeborenes Zugprogramm gesteuert, das die Richtung und – über die Dauer des Zuges – die Entfernung vorgibt. Diese Mechanismen erlauben es den Vögeln, eine Navigationskarte aufzubauen, indem sie die räumliche Verteilung von Umweltgradienten erlernen. Durch Vergleich der lokalen Werte dieser Faktoren mit den Werten des Zielorts können sie den Kurs zum Ziel bestimmen. Die Navigationskarte wird von erfahrenen Vögeln bevorzugt benutzt, denn sie erlaubt mehr Flexibilität und bietet mehr Sicherheit als die angeborenen Mechanismen.

Summary

The navigation system of birds – part 2

In the first part of this article we have shown which types of compass systems birds use for navigation. For determining the course to the goal, young birds can rely on information gathered en route during the outward journey by recording the direction, integrating twists and turns and reversing this direction to obtain the course towards home. The first migration of young migrants is controlled by an innate migratory program that indicates the direction and – by the duration of migration – also the distance. These spontaneous mechanisms allow birds to establish a ‘navigational map’ by familiarizing themselves with the spatial distribution of environmental gradients. By comparing the local values of these factors with the remembered ones of the goal they can determine the course to the goal. Experienced birds preferably use the navigational map because it allows more flexibility and provides more security than the innate mechanisms.

Schlagworte:

Weginformation, Zugorientierung, angeborenes Zugprogramm, Ortsinformation, Navigationskarte, Mosaikkarte, Kompensation von Verfrachtung.

Literatur

- [1] G. Kramer (1953). Wird die Sonnenhöhe bei der Heimfindeorientierung verwendet? *J. Ornithol.* 94, 201–219.
- [2] W. Wiltschko, W. R. Wiltschko (2017). Die Magnetorientierung der Vögel. *Ökol. Vögel* 34, 557–570.
- [3] K. Schmidt-Koenig (1958). Experimentelle Einflussnahme auf die 24-Stunden-Periodik bei Brieftauben und deren Auswirkungen unter besonderer Berücksichtigung des Heimfindevermögens. *Z. Tierpsychol.* 15, 301–331.
- [4] S.T. Emlen (1975). The stellar orientation system of a migratory birds. *Scient. American* 233, 102–111.
- [5] R. Wehner, S. Wehner (1990). Insect navigation: use of maps or Ariadne's thread? *Ethol., Ecol., Evol.* 2, 27–48.
- [6] R. Wiltschko, W. Wiltschko (1985). Pigeon homing: change in navigational strategy during ontogeny. *Anim. Behav.* 33, 583–590.
- [7] P. Berthold (1988). The control of migration in European warblers, in H. Ouellet (Hrsg.) *Acta XIX Congr. Intern. Ornithol.*, Ottawa 1986, Univ. of Ottawa Press, Ottawa, 215–249.
- [8] A. J. Helbig (1991). Inheritance of migratory direction in a bird species: a cross-breeding experiment with SE- and SW-migrating blackcaps (*Sylvia atricapilla*). *Behav. Ecol. Sociobiol.* 28, 9–12.
- [9] K. E. Delmore et al. (2020). Individual variability and versatility in an eco-evolutionary model of avian migration. *Proc. R. Soc. B* 287, 20201339.
- [10] E. Gwinner, W. Wiltschko (1978). Endogenously controlled changes in the migratory direction of the Garden Warbler, *Sylvia borin*. *J. Comp. Physiol.* 125, 267–273.
- [11] W. Beck, W. Wiltschko (1988). Magnetic factors control the migratory direction of Pied Flycatchers (*Ficedula hypoleuca* PALLAS), in H. Ouellet (Hrsg.), *Acta XIX Congr. Intern. Ornithol.*, Ottawa 1986, Univ. of Ottawa Press, Ottawa, 1955–1962.
- [12] W. Wiltschko et al. (1998). Interaction of magnetic and celestial cues in the migratory orientation of passerines. *J. Avian Biol.* 29, 606–617.
- [13] G. V. T. Matthews (1951). The experimental investigation of navigation in homing pigeons. *J. Exp. Biol.* 28, 508–636.
- [14] W. T. Keeton (1973). Release-site bias as a possible guide to the "map" component in pigeon homing. *J. Comp. Physiol.* 86, 1–16.
- [15] H. G. Wallraff (1974). Das Navigationssystem der Vögel. Schriftenreihe „Kybernetik“, R. Oldenbourg Verlag, München, Wien.
- [16] M. Grüter, R. Wiltschko (1990). Pigeon homing: the effect of local experience on initial orientation and homing success. *Ethology* 84, 239–255.
- [17] C. J. Mead, J. D. Harrison (1979). Sand martin movements within Britain and Ireland. *Bird Study* 26, 73–86.
- [18] A. C. Perdeck (1958). Two types of orientation in migrating starlings, *Sturnus vulgaris* L., and chaffinches, *Fringilla coelebs* L., as revealed by displacement experiments. *Ardea* 46, 1–37.
- [19] A. C. Perdeck (1983). An experiment of the orientation of juvenile Starlings during spring migration: an addendum. *Ardiea* 71, 255.
- [20] N. E. Baldaccini et al. (1976). Homing behaviour of pigeons confined to a new loft distant from their home. *Monit. Zool. Ital. (N.S.)* 10, 461–467.
- [21] A. C. Perdeck (1967). Orientation of starlings after displacement to Spain. *Ardea* 55, 194–202.
- [22] K. Thorup et al. (2007). Evidence for a navigational map stretching across the continental U.S in a migratory songbird. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 104, 18115–18118.
- [23] M. Willemoes et al. (2015). Flexible navigation response in common cuckoos *Cuculus canorus* displaced experimentally during migration. *Scient. Reports* 5, 16402.
- [24] C. Walcott (1978). Anomalies in the earth's magnetic field increase the scatter in pigeons' vanishing bearings. In K. Schmidt-Koenig & W.T. Keeton (Hrsg.), *Animal Migration, Navigation and Homing*. Berlin, Heidelberg: Springer, 143–151.
- [25] D. Kishkinev et al. (2015). Eurasian reed warblers compensate for virtual magnetic displacement. *Curr. Biol.* 25, R822–R824.
- [26] R. C. Beason, W. Wiltschko (2015). Cues indicating location in pigeon navigation. *J. Comp. Physiol. A* 201, 961–967.
- [27] F. Papi (1990). Olfactory navigation in bird. *Experientia* 46, 352–363.
- [28] R. Wiltschko, W. Wiltschko (2017). Considerations on the role of olfactory input in avian navigation. *J. Exp. Biol.* 220, 4347–4350.
- [29] E. Füller et al. (1983). Orientation of homing pigeons: compass orientation vs piloting by familiar landmarks. *J. Comp. Physiol.* 153, 55–58.
- [30] A. Helbig (1992). Ontogenetic stability of inherited migratory directions in a nocturnal bird migrant: comparison between the first and second year of life. *Ethol. Ecol. Evol.* 4, 375–388.

Verfasst von:



Roswitha Wiltschko studierte Biologie in Frankfurt. Promotion 1979 mit einer Arbeit über „Die Sonnenorientierung der Vögel“. 1979–1984 wissenschaftliche Angestellte an der Universität Frankfurt, 1984–1987 Hochschulassistentin, 1990 Habilitation mit einer Arbeit „Das Orientierungssystem der Vögel: die Bestimmung der Sollrichtung beim Heimfinden“. 1991–1992 Vertretung einer Professur. Ab 1995 wissenschaftliche Angestellte, 2006 Ernennung zur außerplanmäßigen Professorin an der Universität Frankfurt. Seit der Promotion Zusammenarbeit mit Wolfgang Wiltschko bei zahlreichen Projekten zur Orientierung und Navigation bei Vögeln in Frankfurt und in Spanien, Italien, den USA, Australien und Neuseeland. Sie ist Ehrenmitglied des Royal Institut of Navigation, London.



Wolfgang Wiltschko studierte Biologie in Frankfurt. Im Rahmen seiner Dissertation 1967 konnte er als erster experimentell nachweisen, dass Vögel das Erdmagnetfeld als Kompass benutzen können. Von 1967 an Wissenschaftlicher Angestellter an der Universität Frankfurt. 1972 Habilitation mit einer Schrift über „Kompaßsystem bei der Orientierung von Zugvögeln“. 1974 als Postdoc an der Cornell University, N. Y., USA. Von 1975 bis zur Pensionierung Professor der Zoologie an der Universität Frankfurt. Zahlreiche Forschungsaufenthalte im Ausland, in Spanien, Italien, Arizona, USA, Australien und Neuseeland. 1977 erhielt er den Erwin-Stresemann-Preis der Deutschen Ornithologen-Gesellschaft und 1994 die Elliot-Coues-Award der American Ornithologists' Union. Von 1985–1991 Vizepräsident, 1992–1997 Präsident der Deutschen Ornithologen-Gesellschaft. Er ist Ehrenmitglied der American Ornithologists' Union und des Royal Institute of Navigation, London; seit 2011 Ehrendoktor der Fakultät für Biologie der Universität Bielefeld.

Korrespondenz:

Roswitha und Wolfgang Wiltschko
Goethe-Universität Frankfurt
Fachbereich Biowissenschaften
Max-von-Laue-Str. 13
60438 Frankfurt am Main.
E-Mail: wiltschko@bio.uni-frankfurt.de

Das System „Schimmel“ in Gebäuden

Ökosystem Haus

GERHARD FÜHRER | SONJA STAHL

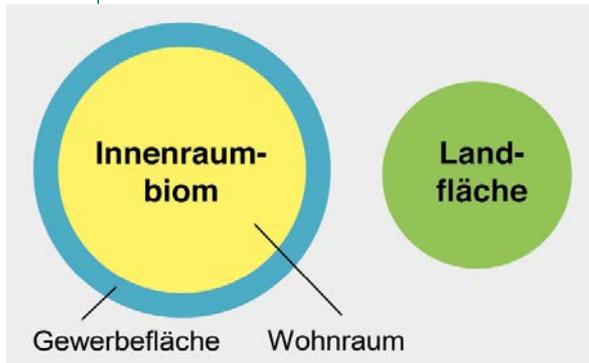


In verschiedenen Klimaten an unterschiedlichsten Orten von der Antarktis bis in die Tropen werden weltweit Mikroorganismen untersucht, Arten beschrieben und gezählt, ihre Lebensgrundlagen erkundet und die Ökologie in ihren jeweiligen Habitaten dargestellt. Im Gegensatz dazu sind Mikroorganismen in Gebäuden und die daraus entstehenden gebäudeinternen Ökosysteme bis heute weitgehend unbekannt. Das „geheime“ Leben im Haus existiert aber wirklich, auch wenn es sich mehrheitlich im Verborgenen abspielt – und es der Wohnungseigentümer aus nachvollziehbaren Gründen oftmals gar nicht so genau wissen will. Die vielfältigen Schimmelpilz- und Bakterienarten sind ebenso wie Arthropoden (Gliederfüßer) bezüglich ihrer Vielfalt und den damit verbundenen Anpassungsstrategien nahezu überall auf der Welt nachweisbar. Warum also sollten die von uns errichteten künstlichen Umwelten namens Gebäude frei von Lebewesen sein? Nachfolgend werden die Relevanz des Ökosystems Haus aufgezeigt, seine Bedeutung für die Gesundheit erläutert und erste Einblicke in bautechnische und versicherungsrechtliche Grundlagen gegeben. Zusammenfassend betrifft das System „Schimmel“ jeden von uns in verschiedensten Lebenslagen ganz persönlich.

Von Höhlen, Zelten und Hütten aus pflanzlichem Material über die ersten Steingebäude im fruchtbaren Halbmond des Nahen Ostens vor ca. 12.000 Jahren bis hin zu den Megastädten und Hochhausgiganten der aktuellen Zeit leben Menschen in abgegrenzten Räumen. Dementsprechend haben sich „Mitbewohner“ des Menschen eingestellt und mehr oder weniger gut an dessen Gebäude und dem darin stattfindenden „Leben“ angepasst. Gegen die ehemaligen Plagegeister wie Bettwanzen und Flöhe wurden mittlerweile Strategien entwickelt, um diese „außen vor zu lassen“. Unabhängig davon beginnt die (universitäre) Forschung erst allmählich, sich für die von Menschen gebauten Innenraumwelten von heute zu interessieren.

Bereits während der Bauphase gelangen Organismen aus dem Freiland ins Innere von Gebäuden. In der Nutzungsphase können sie durch Öffnungen in der Gebäudehülle eindringen. Im Hinblick auf die üblicherweise vorliegenden Umgebungsbedingungen (trocken, warm) der in den letzten Jahrzehnten errichteten Gebäude können sich in diesen (im Vergleich zum Freiland) aber nur wenige Arten etablieren. Winkelspinnen, Stuben- und Fruchtfliegen sind bekannte Beispiele für die intramurale Arthropodengemeinschaft. Werden Schimmelpilz- und Bakteriensporen in Innenräume eingetragen, fehlen meist feuchte Lebensgrundlagen, damit diese auswachsen und ihre Entwicklungszyklen durchlaufen können. Ändern sich aber die klimatischen Innenraumbedingungen z. B. im Rahmen eines Wasserschadens, dann kommt es zu einem bisher weitgehend unbekanntem und bis jetzt unbeachteten Artenzuwachs im Gebäude. Eine Besiedelung findet statt.

Durch Gebäude wurde weltweit mittlerweile eine beachtliche Menge an neuem Lebensraum geschaffen. Vergleicht man die Fläche der Wohnungen in einer Stadt mit der Fläche des Stadtgebietes, bietet sich in Wohnungen im Vergleich zur freien Natur ein Riesenareal für alle Lebewesen (Abbildung 1). So beträgt beispielsweise die unverbaute Landfläche von dem New Yorker Stadtteil Manhattan mit 59 km² nur noch etwa 1/3 der Fläche der geschätzten Wohn- und Geschäftsräume (172 km²). Bemerkenswert ist, dass diese „Überbauung“ innerhalb von ca. 300 Jahren stattgefunden hat und damit in einer für evolutionäre Verhältnisse extrem kurzen Zeitspanne. Zudem ist bis heute unklar, ob die Regeln für natürliche Ökosysteme auch für die gebauten „Kunstwelten“ gelten, in denen wir uns die meiste Zeit unseres Lebens aufhalten (mittlerweile ca. 90%).

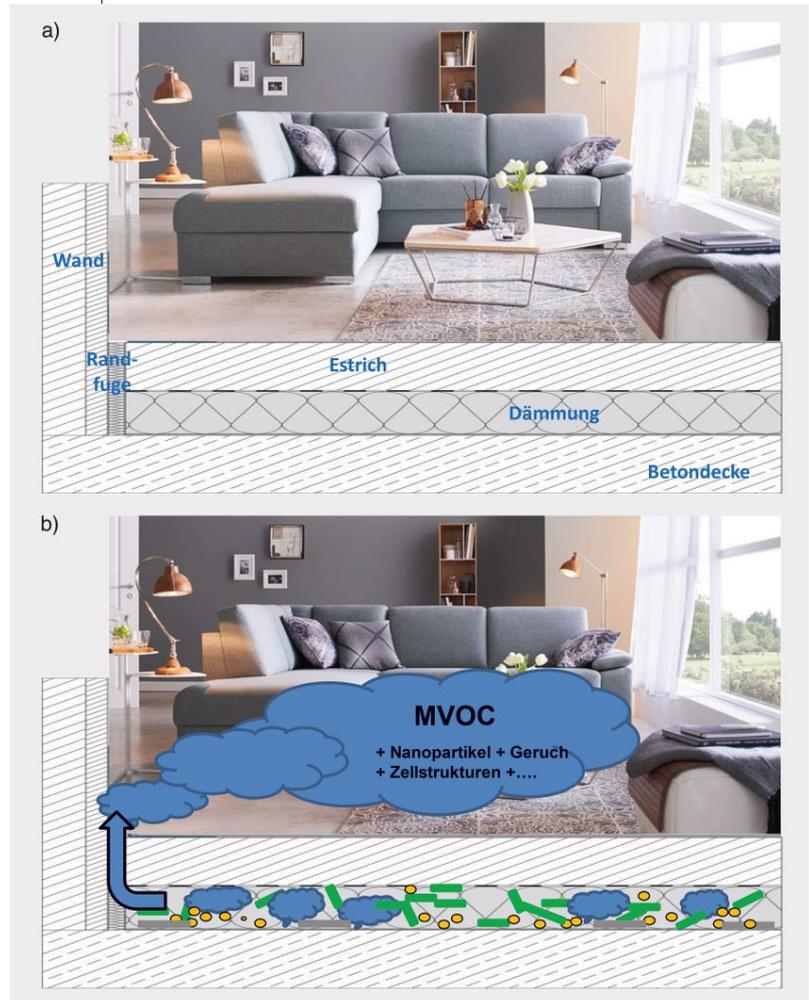
ABB. 1 | LEBENSRAUM WOHNGEBÄUDE


Gezeigt ist das Verhältnis von unbebauter Landfläche zu überbauter Innenraumfläche am Beispiel von Manhattan. Der Anteil, der dabei auf Gewerbeflächen und Wohnraum entfällt, wurde geschätzt (nach [13]).

Innenräume bieten inzwischen Lebensgrundlagen für eine große Vielfalt an Organismen jenseits menschlicher Bewohner, bekannter Zimmerpflanzen und Haustiere. So wurden bisher Tausende Arten von Mikroorganismen (Bakterien, Archaeen und Pilze) und Hunderte von Arthropodenarten in Häusern nachgewiesen. Trotz der Allgegenwart des Innenraumbioms beginnen wir gerade erst zu verstehen, welche Arten in Häusern wo leben und warum einige Räume in Häusern biologisch vielfältig sind und andere weniger. Bevorzugte Aufenthalts- und Lebensräume sind nicht einsehbare Hohlräume und Dämmebenen von Fußboden- und Dachaufbauten, wie dies beispielhaft in Abbildung 2 dargestellt ist. Im Gegensatz zu den in Massivbauweise errichteten Gebäuden sind in Fertighäusern und Ständerwänden (z.B. aus Gipskarton) auch die Hohlräume in Wand- und Deckenkonstruktionen besiedelbar.

Feuchtigkeit als wesentliche Grundlage der Artenvielfalt in Gebäuden

Die kürzeste Definition von Bauen heißt „Wasser abhalten“. Oder anders ausgedrückt: Der größte Feind des Hauses ist weder Feuer noch Architekt, Handwerker oder Bewohner, sondern Wasser in flüssiger oder gasförmiger Form. Das Vorliegen von Feuchtigkeit ist der wesentliche Faktor für mikrobielle Aktivität mit Schimmelpilz- und Bakterienwachstum. Die sich dadurch aufbauende Biomasse ist wiederum die Nahrungsgrundlage für höhere Lebewesen. Der Wachstumsinitiator „Feuchtigkeit“ kann aktuell vorliegen, phasenweise auftreten (beispielsweise als Kondensationsfeuchtigkeit in der kalten Jahreszeit) oder bereits wieder abgetrocknet sein (z. B. als Neubaufeuchte oder nach einem Wasserschaden). Und weil Wasser entsprechend physikalischer Gesetzmäßigkeiten nach unten läuft, sind primär die Fußbodenaufbauten betroffen. Vor diesem Hintergrund gilt es, die wesentlichen Feuchteursachen in Gebäuden näher zu beleuchten. Damit werden die Ursachen und Lebensgrundlagen des biologischen

ABB. 2 | VERDECKTE WOHNWELTEN


a) In einsehbaren Raumbereichen werden „Mitbewohner“ leicht erkannt und spätestens bei Reinigungsarbeiten aus den Räumen entfernt. Anders verhält es sich bei nicht einsehbaren Hohlräumen wie Fußbodenaufbauten: Gelangt bestimmungswidrig Feuchtigkeit in das Bauteil, sind die Voraussetzungen für verstärkte biologische Aktivität gegeben. b) Im Verborgenen stellen sich primär in der Dämmebene verdeckte, nicht sichtbare „Ökosysteme“ ein, die Biokontaminanten emittieren. MVOC = Mikrobielle flüchtige organische Verbindungen.

IN KÜRZE

- Schimmel und mikrobielle Aktivität entsteht durch das Wachsen, Regulieren und Verstoffwechseln von **Schimmelpilzen, Hefen, Bakterien, Protozoen** und anderen Mikroorganismen.
- **Feuchtigkeit ist die wesentliche Triebfeder** für die Etablierung von gebäudeinternen „Ökosystemen“ mit mehreren Trophieebenen.
- Verdecktes, nicht sichtbares Schimmelwachstum z. B. in Fußboden- und Dachaufbauten ist sehr häufig. Wenn offensichtliche Schimmelbesiedelungen in Gebäuden vorhanden sind, dann sind diese in der Regel nur die „Spitze des Eisbergs“.
- Schimmelrasen in Bauteilen werden u. a. von Milben, Staubläusen und Silberfischchen beweidet, weshalb diese **Bioindikatoren für verdeckte, nicht sichtbare Schimmelschäden** sind.
- Mit dem „Messinstrument Schimmelpürhund“ können verdeckte, nicht sichtbare Schimmelschäden in Gebäuden wie mit einem Röntgenblick **zerstörungsfrei, direktanzeigend und kostengünstig** erkannt, räumlich eingegrenzt oder ausgeschlossen werden.

Systems „Schimmel“ benannt. Weitere Faktoren wie Temperatur, pH-Wert oder verfügbares organisches Material sind in jeder Räumlichkeit in ausreichendem Maße vorhanden (oder tolerierbar) und demgemäß nicht bzw. wenig beeinflussbar für ein sich etablierendes gebäudeinterne Ökosystem.

Bereits bei einem Einfamilienhaus werden ca. 10 m³ Wasser (= 10.000 l) durch Beton, Mörtel, Putze und Estriche in das Gebäude eingebracht. Während ein Bauwerk früher über den Winter austrocknen durfte, werden heute bei zunehmend kurzen Bauzeiten regelmäßig die notwendigen Trocknungszeiten nicht eingehalten. Die Folge ist eine Schimmelbesiedelung im Neubau. Rückmeldungen aus der Praxis und erste Studien scheinen eine (starke) Zunahme von Schimmelschäden im Neubau zu bestätigen (z. B. [1]). Der bestimmungswidrige Eintrag von Wasser in Hohlräume wie Fußbodenkonstruktionen durch Hochwasser, Leitungswasser (Warm-, Kalt-, Heiz-, Abwasser) oder Schlagregenereignisse lässt sich auch durch bestmögliches Nutzerverhalten nicht mehr reparieren. Durch Änderungen des Klimas werden Hochwasserereignisse mit überschwemmten Gebäuden zunehmen, und jedes Jahr werden etwa 1.100.000 Leitungswasserschäden in Deutschland von der Versicherungswirtschaft bearbeitet [2]. Dass die Sanierung oftmals nicht fachkompetent oder häufig dem Umfang nach nicht vollständig erfolgt, ist in Fachkreisen ein offenes Geheimnis. Unter biologischen Gesichtspunkten bedeutet dies, dass Teile des gebildeten Ökosystems im Gebäude verbleiben.

Zusammenfassend ist davon auszugehen, dass umfangreiche feuchtebasierte Ökosysteme in Wohnhäusern,

Bürogebäuden und öffentlichen Bauten vorhanden sind. Dabei ist Folgendes zu beachten: Wasser trocknet zeitabhängig durch den Übergang von der wässrigen Phase in die Gasphase ab. Im Gegensatz dazu sind Schimmelpilze und Bakterien gebildete Biomasse, die als „Schimmelweiden“ die Grundlage für höhere Lebewesen schaffen. Dabei stellt sich eine feuchtegetriebene mikrobielle Dynamik ein, die mit zeitlich und räumlich unterschiedlichen Wassermengen und Materialfeuchten zurecht kommen muss.

Biomasse in Fußbodenaufbauten: Produzenten, Destruenten und Konsumenten

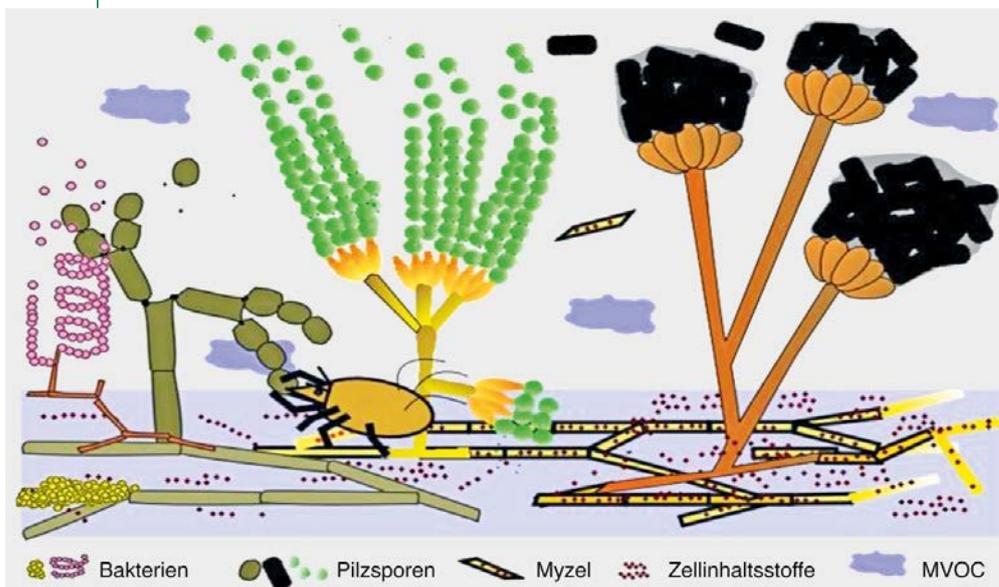
Vor innenraumhygienischem Hintergrund werden bis heute ca. 100 Schimmelpilzarten und einige Bakteriengruppen als relevant eingestuft. Für das Verständnis von versicherungsrechtlichen Schadensfällen, werkvertraglich geregelten Sanierungsmöglichkeiten, gesundheitlicher Relevanz und Vermeidungsstrategien sind deren biochemische und zelluläre Strukturen von Interesse. Einblicke in die Mikroökologie sind auch Grundlage für das weitere Verständnis der von Mikroorganismen abhängigen höheren Lebewesen.

Das System „Schimmel“ weist in Innenräumen und Gebäuden eine trophische Struktur auf: Nach der Erstbesiedelung mit unterschiedlichsten Bakterien- und Schimmelpilzarten stellen sich in der Folge „Schimmelfresser“ und Konsumenten der 1. und 2. Ordnung ein. Die Triebkraft ist Feuchtigkeit oder kurz gesagt „Ohne Feuchtigkeit kein Schimmel“. Als „Schimmel“ wird mittlerweile ein ganzes „Ökosystem“ an einer Wand oder in einer Fußbodenkonstruktion bezeichnet (Abbildung 3).

In der nachfolgenden Aufstellung sind für das gebäudeassoziierte „Ökosystem Schimmel“ die Biokontaminanten, Strukturen und (Mikro-)Organismen dargestellt, die sich bei einem Feuchte-/Schimmelschaden einstellen:

- Molekulare Bestandteile: gasförmige Verbindungen (MVOC = Microbial Volatile Organic Compounds), Geruchsstoffe, Zellwandbestandteile (β-Glucane), Isomannane, vielfältige Toxine
- Zelluläre Bestandteile: Myzel, Sporenträger, Sporen, Zellwandbruchstücke
- Mikroorganismen: Schimmelpilze, Bakterien, Amöben, Biofilme, Protozoen
- Pflanzen-/Schimmelpilzfresser: Milben, Staubläuse, Silberfischchen, Kellerasseln
- Räuber: Hundertfüßer, Raubmilben, Silberfischchen

ABB. 3 | ÖKOSYSTEM SCHIMMEL



Neben verschiedenen Mikroorganismen wie Schimmelpilze, Hefen, (Aktino-)Bakterien und Milben finden sich unterschiedliche gasförmige Emissionen wie MVOC und partikelartige Strukturen wie Sporen und Hyphenbruchstücke in dem gebäudeassoziierten „Ökosystem Schimmel“. Die Abbildung wurde dankenswerterweise von Herrn Christoph Trautmann zur Verfügung gestellt.

Offensichtliche „Wandschimmelbiotope“ gehen regelmäßig mit verdeckten und zunächst nicht sichtbaren „Fußbodenschimmelbiotopen“ einher (Abbildung 4). Weil Mikroorganismen häufig nicht mit dem bloßen Auge sichtbar sind, treten auch „unsichtbare“ Schimmelschäden auf. Diese sind nur mit einer angepassten Untersuchungsmethodik erkennbar. Der Lebensraum Haus zeichnet sich in verschiedenen Studien nicht nur als ein Ort mit hoher mikrobieller Vielfalt aus, sondern es findet sich auch eine hohe Biodiversität an Arthropoden [3]. Zum Teil ist das Biom von Häusern vor allem an leicht zugänglichen Stellen charakterisiert, z. B. unter Einrichtungsgegenständen oder in Geräten (wie Spülmaschinen und Trocknern). Die „natürliche“ Zusammensetzung dieser Hausgemeinschaft ist abhängig von der Ausstattung der Gebäude und der Nutzung durch die Bewohner. Wer einen Hund besitzt, wird in seinem Haus ein anderes Artenspektrum beherbergen, als es beispielsweise in einer Arztpraxis zu finden ist. In einem feuchten Gewölbekeller finden sich andere Lebewesen als im Dachboden oder im tropisch eingerichteten Wintergarten.

In den bisherigen Studien blieben schwer zugängliche Bauteile wie Dämmebenen von Fußbodenaufbauten oder Dachkonstruktionen unberücksichtigt, da hierfür Bauteilöffnungen und damit zerstörende Eingriffe in die Baustoffsubstanz verbunden sind. Für Gutachter und Sachverständige für Schadstoffe in Innenräumen mit Schwerpunkt Feuchte-/Schimmelschäden sind aber viele Fragestellungen nur mit Bauteilöffnungen zu bearbeiten. Im Rahmen von Auftragsarbeiten ist beinahe nebenher das „Ökosystem Haus“ in seinen verborgensten und üblicherweise nicht zugänglichen Winkeln zu erforschen. Das (ursprüngliche) Ökosystem Haus verändert sich nach Feuchteeinwirkung. Entstandene „Schimmelrasen“ ziehen höhere Lebewesen an [4]. Allgemein gilt, dass nach Feuchteeintrag die Artenvielfalt, die Individuenzahl der einzelnen Arten, die Individuengrößen und daraus resultierend die Biomasse jeweils zunehmen (Abbildung 5).

Raumluftuntersuchungen und die Funktion von MVOC

Zum Erkennen eines verdeckten und unter Umständen bezüglich Sporen „nicht-sichtbaren“ mikrobiellen Schadens kann die Raumluft auf gasförmige Stoffwechselprodukte von Schimmelpilzen und Bakterien getestet werden (MVOC). Unter dem Begriff MVOC werden unterschied-



ABB. 4 Sichtbarer Schimmel (a) ist regelmäßig mit verdeckten, nicht sichtbaren Schimmelbiotopen (b) vergesellschaftet. Vor allem in der Dämmebene von Fußbodenkonstruktionen finden sich verdeckte und zunächst nicht sichtbare Schimmelsysteme. Sie werden speziell bei versicherungsrelevanten Schimmelschäden gerne „übersehen“.

lichste flüchtige Einzelverbindungen aus vielfältigen chemischen Verbindungsklassen zusammengefasst wie Aldehyde, Alkohole, Ketone, Ether, Ester, Terpene und Furane. Erhöhte bis hohe MVOC-Konzentrationen in der Raumluft werden als Indikator für einen verdeckten, nicht sichtbaren mikrobiellen Befall gewertet. Von dem (vergleichsweise) unempfindlichen menschlichen Geruchssinn können nur (sehr) hohe Konzentrationen der geruchsaktiven Verbindungen wahrgenommen werden. Die typische Geruchsqualität lässt sich als dumpf-muffig bis moderig-abgestanden, kellergeruchartig beschreiben.

Milben und Staubläuse werden durch „Schimmel“ mittels spezieller flüchtiger MVOC chemotaktisch angelockt. Diese MVOC-Lockstoffe sollten von Art zu Art unterschiedlich sein, wobei hierzu in der zur Verfügung stehenden Literatur keine Details zu finden sind. Nach Auffinden der Schimmelquelle „bedienen“ sich die Arthropoden an der Biomasse

und „bedanken“ sich durch die Weiterverbreitung der fortpflanzungsfähigen Einheiten, die in der Regel als Sporen vorkommen. Diese Symbiose unter Einbezug gesundheitlicher Belange für den Menschen ist in Abbildung 6 näher dargestellt.

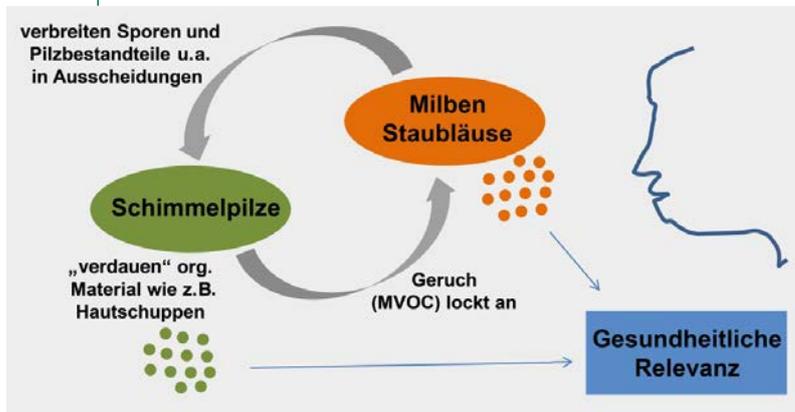
Gebäudeassoziierte Ökosysteme sind auch unter gesundheitlichen Gesichtspunkten interessant. Durch die Hurrikans Katrina und Sandy in den Jahren 2005 und 2012 kam es zu großflächigen Überschwemmungen und nachfolgend zur Schimmelbildung in vielzähligen US-amerika-

ABB. 5 | TROPHIEEBENEN IM ÖKOsystem „SCHIMMEL“



Das Ökosystem „Schimmel“ im Haus zeichnet sich dadurch aus, dass innerhalb der verschiedenen Trophieebenen die Produzentenebene weitgehend fehlt. Der Grund hierfür sind die in den Häusern vorhandenen energiereichen (Bau-) Materialien und bauübliche organische Verunreinigungen in nicht einsehbaren Fußboden-, Wand- und/oder Decken- bzw. Dachkonstruktionen.

ABB. 6 | FEUCHTEINDUZIERTER SYMBIOSE



Zusammenhang zwischen gebildeten MVOC's durch Schimmelpilze und deren Anlockung von bzw. Weiterverbreitung durch Milben und Staubläuse. Alle beteiligten Organismen dieser Symbiose sind für die menschliche Gesundheit relevant. Auslöser ist bestimmungswidrig in Gebäuden freigesetzte(s) oder eingetragene(s) Wasser bzw. Feuchtigkeit.

nischen Gebäuden. Deshalb beschäftigten sich wissenschaftliche Arbeiten u. a. mit der Toxizität von MVOC. Unabhängig davon hat die Weltgesundheitsorganisation WHO im Jahr 2009 auf den Zusammenhang zwischen Feuchtigkeit, Schimmel und Gesundheit hingewiesen [5]. Für Deutschland wurde von verschiedenen medizinischen Fachgesellschaften das aktuelle diesbezügliche Wissen zusammengetragen [6]. Dieses ist in weiten Teilen weder der Ärzteschaft noch der breiten Öffentlichkeit bekannt. Tatsächlich kann Schimmel in Innenräumen die Gesundheit auf unterschiedlichste Weise massiv beeinträchtigen. Mittlerweile liegen auch erste Schätzungen zur Häufigkeit von Atemwegserkrankungen vor, die von Mikroorganismen in Innenräumen verursacht werden. In Europa haben demnach rund 2,2 Millionen Menschen Asthma, weil sie in feuchten oder schimmeligem Wohnungen leben [7]. Die finanziell zu erbringenden Leistungen der Gesundheitssysteme für diese eine gebäudebedingte Erkrankung liegen laut dieser Studie im Milliardenbereich – und das pro Jahr.

Bioindikatoren für Schimmelschäden

Milben, Staubläuse und Silberfischchen mögen es warm und feucht, womit diese Arthropoden im selben „Ökosystem“ wie Schimmelpilze und Bakterien zuhause sind.

Milben (Acari) kommen in allen Lebensräumen der Welt vor. Sie sind

mit bloßem Auge nicht zu erkennen – ihre Bestandteile und Ausscheidungen werden bei systematischen mikroskopischen Untersuchungen an Materialproben aus feuchtebelasteten Innenräumen regelmäßig nachgewiesen. Hausstaubmilben ernähren sich nicht direkt von Hautschuppen der Raumnutzer und Haustiere, sondern leben in Symbiose mit bestimmten Schimmelpilzarten, die ihnen ihre Nahrung (speziell Hautschuppen) quasi vorverdauen. Dabei fressen die Milben auch Schimmelpilzbestandteile und damit Allergene, die als Kot wieder ausgeschieden werden. Diese und milbenspezifische Allergene bereiten den Raumnutzern mitunter große gesundheitliche Beschwerden. Bronchialasthma, Rhinitis und Hautirritationen werden dem Vorkommen von Milben zugeschrieben. Neben Hausstaubmilben können auch „Raubmilben“ der Gattung *Gamasina* im Mikrobiotop einer Wohnung vorkommen. Als Jäger und Schimmelfresser tritt häufiger *Lasioseius penicilliger* besonders an Holzleisten von Neubauten auf.

Staubläuse (Psocoptera, Copeognathen) sind Insekten, die häufig in Häusern oder Wohnungen mit Feuchtschaden vorkommen (Abbildung 7). Als primäre „Schimmelfresser“ sind Staubläuse (bezogen auf Innenraumuntersuchungen) damit als eindeutiger Anzeiger einer erhöhten Feuchte und von Schimmelpilzwachstum in Wohnräumen anzusehen. Sie weiden in Häusern Schimmelrasen an offenliegenden und verdeckten Oberflächen ab. (Massenhafte) Vorkommen von Staubläusen in Neubauten weisen auf ein (großes) Feuchteproblem hin. Typischerweise sind dann nicht einsehbar Dämmebenen von Fußbodenaufbauten bereits mit Schimmelpilzen besiedelt. Staubläuse riechen gasförmige Emissionen von Schimmelpilzen lange bevor diese für die menschliche Nase wahrnehmbar sind. Im Laufe eines Trocknungsvorgangs wird sich die „Staublauspopulation“ aufgrund schlechter werdender Lebensbedingungen (fehlende Feuchtigkeit) verringern und am Ende von selbst verschwinden (Insektizideinsätze sind daher nicht zweckmäßig). Im Gegensatz dazu verbleiben gesundheitsrelevante Schimmelpilzbestandteile aber weiterhin im Haus. Bereits im Jahr 1953 wurde in [8] auf die Indikatorfunktion von Staubläusen hingewiesen. In der Schrift von Stefan von Kéler (Abbildung 8) wird auf folgendes hingewiesen: „Wo sich in Wohn- und Speicherräumen Copeognathen massenhaft zeigen, sollen Maßnahmen zur Unterbindung der Schimmelbildung getroffen werden, ganz gleich ob Schimmelrasen

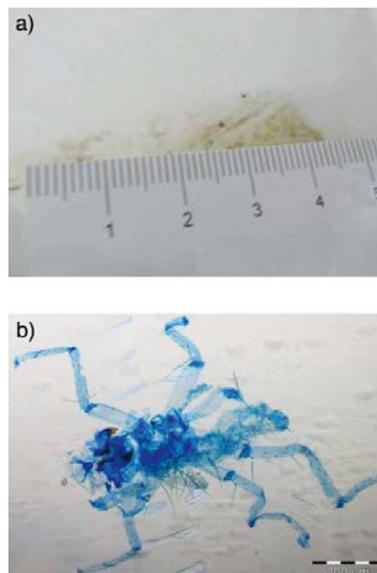


ABB. 7 Staubläuse in Gebäuden sind mit dem bloßen Auge schwer zu erkennen. a) Sich „bewegende“ schwarze Punkte an der Wand oder auf der Sockelleiste sind in der Regel auf Staubläuse zurückzuführen. b) Unter dem Mikroskop wird der typische Insektenbau u. a. mit drei Beinpaaren erkennbar.

sichtbar bzw. Modergeruch bemerkbar ist oder nicht.“

Das **Silberfischchen** (*Lepisma saccharina*, Abbildung 9) ist der bekannteste Vertreter der Wohnungsfischchen (Zygentoma): Das Silberfischchen und seine größeren Verwandten, die Ofen- und Papierfischchen, sind flügellose, aber dennoch flinke Urinsekten. Silberfischchen kommen oft in Häusern vor: Sie sind nachtaktiv, äußerst lichtscheu, leben im Verborgenen, bevorzugen Wärme und benötigen Feuchtigkeit. Sie ernähren sich u. a. von Haaren, Hautschuppen und Schimmelpilzen; Hausstaubmilben dienen ihnen als tierische Nahrung. Ein Auftreten deutet auf Feuchtigkeit in Wohnungen hin, womit auch Silberfischchen Bioindikatoren für verdeckte Schimmelschäden sind.

Durch einen verdeckten Schimmelschaden kann sich in kurzer Zeit unbemerkt eine Nahrungskette in Bauteilen und speziell in Fußbodenkonstruktionen aufbauen. Die sich wegen feucht-warmen Umgebungsbedingungen einstellenden „Schimmelfresser“ Staubläuse, Silberfischchen und Co. sind damit zuverlässige Helfer eines jeden Sachverständigen, sofern dieser über biologische Grundkenntnisse verfügt. Sie liefern erste Anhaltspunkte und werden häufig bezüglich ihrer Aussagekraft unterschätzt. Durch Entzug der Lebensgrundlage (hier in erster Linie: Entzug von Feuchtigkeit) lassen sich eine Vielzahl von „Mitbewohnern“ ohne Einsatz von Bioziden wieder vertreiben. Der entstandene und hoffentlich entdeckte Schimmelschaden muss trotzdem fachgerecht saniert werden, da entsprechend der allgemeingültigen Einschätzung (Vorsorgeprinzip) möglichst alle Bestandteile des „Ökosystems Schimmel“ wie Pilzstrukturen, Toxine und Milbenkot (allergenes Potenzial) aus Wohnräumen entfernt werden sollten.

„Messinstrument Schimmelspürhund“

Zum Nachweis oder zum Ausschluss von Schimmelvorkommen in umbauten Räumen und den daraus resultierenden Innenraumbiotopen gibt es bis heute kein direktanzeigendes technisches Gerät. Sozusagen als Nutzbarmachung von MVOC-Emissionen des Systems „Schimmel“



ABB. 8 Titelbild der Schrift zu Staubläusen [8] aus dem Jahr 1953: Bereits damals wurde auf die Indikatorfunktion von Staubläusen für Schimmelschäden hingewiesen. Dieses „Basiswissen“ ging im Laufe der Jahre verloren.



ABB. 9 Silberfischchen in seinem „natürlichen“ Wohnumfeld. Das Vorkommen von Silberfischchen zeigt feuchtwarme Umgebungsbedingungen z. B. in Fußbodenaufbauten an. Zusammen mit der Ernährung von Schimmelpilzen sind sie ein Indikatororganismus für verdeckte, nicht sichtbare Schimmelschäden.

kann als tierischer MVOC-Detektor eine Hundenase eingesetzt werden. Mit dem „Messinstrument Schimmelspürhund“ wurde in den letzten Jahren ein an unserem Sachverständigen-Institut peridomus weiterentwickeltes, zerstörungsfreies Verfahren zum Erkennen, lokalen Eingrenzen oder aber zum Ausschluss von relevanten Schimmelschäden etabliert (Abbildung 10): Aus vielfältigen praktischen Einsätzen unter Einbezug von systematischen Innenraumuntersuchungen zusammen mit Einzelfallbeschreibungen belegt und abgesichert durch eine wissenschaftliche Studie [9] können Schimmelspürhunde ähnlich wie Drogen-, Lawinen- oder Sprengstoffsuchhunde durch ihren guten Geruchssinn ihre Schimmelsuchaufgabe zuverlässig erledigen. Zu diesem zunächst exotisch anmutenden Untersuchungsverfahren „Messinstrument Schimmelspürhund“ wurde in den letzten Jahren anhand vielfältiger und vielzähliger Projekte in Kindergärten, Schulen und Studentenwohnungen über Wohnhäuser bis hin zu großen Büro- und Wohnkomplexen ein reicher Erfahrungsschatz gewonnen. Wie mit einem (geruchlichen) Röntgenblick wird in Bauteile hineingerochen und ein ggf. vorhandenes, nicht einsehbares Schimmelvorkommen angezeigt. Wegen großer Qualitätsunterschiede müssen die eingesetzten Schimmelspürhunde gut geschult und ihre Leistungen regelmäßig überprüft werden, um sie als vertrauenswürdig einschätzen zu können. Zur Absicherung der Ergebnisse der Begehung mit einem Schimmelspürhund und zur Quantifizierung und Quantifizierung des mikrobiellen Schadens sollten stichprobenartig zweckdienliche Materialproben aus

markierten Bereichen genommen werden. Diese sind mit geeigneten mikrobiologischen Methoden auf Schimmelpilze und Bakterien zu untersuchen.

Umfang und Häufigkeit von Schimmelschäden

Nach einer Studie aus dem Jahr 2003 [10] liegt in Deutschland in 21,9 Prozent aller Wohnungen ein offensichtlicher Feuchte-/Schimmelschaden vor. In absoluten Zahlen sind dies etwa 9.300.000 Wohnungen (bei einem Bestand von ca. 43.000.000 Wohnungen). Nach neueren Erkenntnissen

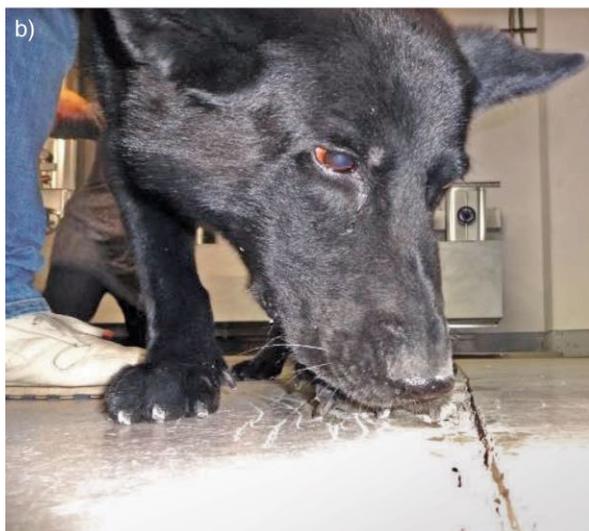


ABB. 10 a) Schimmelspürhund mit Hundeführer als Teil des „Messinstrumentes Schimmelspürhund“: Der Hund ist die Messsonde, der Hundeführer der Trainer und Verstärker der Messsonde. Ergänzt wird das Team durch einen sachkundigen Fachsachverständigen, der das Markierungsverhalten des Hundes dokumentiert und das weitere Vorgehen festlegt, z. B. wo zur Absicherung der Hundebefunde stichprobenartig Materialproben für laboranalytische Untersuchungen zu gewinnen sind. b) Die eigentliche Messsonde ist die Hundenasen.

könnte jedes zweite Gebäude einen (verdeckten, nicht sichtbaren) Feuchte-/Schimmelschaden aufweisen (zusammengefasst in [11]). Gründe hierfür sind schnelle Bauweisen ohne genügend Trocknungszeit, viele Wasserschäden, die (oft unglaublichen) Praktiken der Bauschaffenden, die Bauabläufe vor Ort zusammen mit dem Klima in Mitteleuropa. Erste Studien und Veröffentlichungen, Einzelfallbeschreibungen, Schätzungen aus (nicht repräsentativen) Umfragen, Diskussionen mit „echten“ Fachleuten zusammen mit einem gesunden Menschenverstand bestätigen dies. Zusätzlich scheint ein großer Anteil betroffener Räumlichkeiten im Rahmen von Sanierungsmaßnahmen nicht vollständig von der gebildeten Biomasse befreit zu werden. So ist z.B. (im Unterschied zu medizinischen

Fragestellungen) eine Desinfektion in Gebäuden nicht fachgerecht, da damit die Biomasse nur chemisch verändert, aber nicht beseitigt wird.

Aus diesen (vorläufigen) Erkenntnissen ist in vielen unserer Innenräume und Gebäude eine vielzählige Gemeinschaft aus Mikroorganismen sowie eine artenreiche Arthropodenfauna abzuleiten, die sich speziell in Abhängigkeit von Feuchteereignissen in Bezug auf Artenspektrum, Biomasse u. a. mehr oder weniger intensiv über ein Normalmaß hinaus ausprägt. Für Schimmel im Sinne einer gesundheitlichen Vorsorge ist das Normalmaß definiert: Eine Besiedelung von Schimmelpilzen und Bakterien nach einem Feuchteereignis ist wegen unkalkulierbarer Gesundheitsrisiken nicht erwünscht [12]. Wie ein feuchteunabhängiges Normalmaß an Arthropoden in unseren Innenräumen zu definieren wäre, ist bis heute nicht bekannt.

Im Gesamtzusammenhang ist ein weiteres Phänomen erwähnenswert: Während ein sichtbar verschimmeltes Brot oder der Schimmel an der Wand zur sofortigen Beseitigung aufrufen, ist ein flächiger, verdeckter (nicht sichtbarer) Schimmelschaden für viele Raumnutzer und Immobilieneigentümer von scheinbar untergeordnetem Interesse nach dem Motto: „Was ich nicht sehe, ist nicht“. Bisher beschäftigen sich (nahezu ausschließlich) Kaufleute, Techniker und Juristen mit innenraumrelevanten Organismen – beispielsweise im Rahmen von versicherten Feuchte-/Schimmelschäden oder werkvertraglichen Auseinandersetzungen nach bestimmungswidrigen Feuchteinträgen in Bauteile. Warum sich hier Biologen mit ihrem Wissen so wenig einbringen, ist eine offene Frage.

Unabhängig von alledem können die umfangreichen Beobachtungen im Rahmen von Auftragsarbeiten und die daraus gezogenen Schlussfolgerungen nur ein Beginn sein zur systematischen Erforschung der Wohnraumbiologie. Bestandsaufnahmen, Ursachenermittlung, Wechselwirkungen und Besiedelungsmodelle sind mögliche Ansätze zum Verstehen der biologischen Zusammenhänge in Gebäuden. Die erhaltenen Zwischenergebnisse sollten die Grundlage für größere interdisziplinäre Forschungsvorhaben bilden. Der Nutzen von biologischen Erkenntnissen ist oftmals erst auf den zweiten Blick zu erkennen. Insbesondere deshalb wird zu einem Dialog aufgerufen zwischen Ministerien, der Versicherungsbranche, der Bauwirtschaft, Sanierungsunternehmen, Vertretern von Krankenkassen und anderen Organisationen wie Fachverbänden. Vor wohnraumbiologischem Hintergrund wesentlich erscheinen ein fachübergreifendes Denken und Handeln zum Wohl unserer Gesellschaft und der wirtschaftlich oder gesundheitlich Betroffenen.

Zusammenfassung

Lebewesen begleiten den Menschen, seitdem er sich in abgetrennten Bereichen vor Gefahren und der Witterung schützt. Durch den Eintrag von Feuchtigkeit in modernen

Gebäuden werden das Artenspektrum und die Biomasse in Räumen deutlich erhöht. Nach der feuchteabhängigen Besiedelung durch Schimmelpilze und Bakterien werden gebildete „Schimmelrasen“ von Milben, Staubläusen und Silberfischchen beweidet. Die Bedeutung von Milben, Staubläusen und Silberfischchen als Bioindikatoren für Feuchte-/Schimmelschäden wird bis heute unterschätzt. Der Einsatz eines Schimmelspürhundes kann als weiterer und weiterführender Baustein einer tierischen Bioindikatorenkette für Schimmelschäden gewertet werden: Mit dieser Methodik wurden neue Erkenntnisse über unsere Innenraumqualitäten gewonnen. Im Routineeinsatz liefern Schimmelspürhunde, wenn auch mit großen Qualitätsunterschieden, wesentliche Entscheidungsgrundlagen für das Erkennen und fachgerechte Sanieren von Feuchte-/Schimmelschäden.

Summary Ecosystem house

Living organisms have accompanied humans ever since they have sheltered in secluded areas from danger and the elements. The introduction of moisture into modern buildings significantly increases the species spectrum and biomass in rooms. After the moisture-dependent colonisation by moulds and bacteria, formed “mould lawns” are grazed by mites, dust lice and silverfish. The importance of mites, dust lice and silverfish as bioindicators of moisture/mould damage is still underestimated today. The use of a mould sniffing dog can be seen as a further and more advanced component of an animal bioindicator chain for mould damage: With this methodology, new insights into our indoor qualities have been gained. In routine use, mould sniffer dogs – albeit with great differences in quality – provide essential bases for decision-making for the detection and professional remediation of damp/mould damage.

Schlagworte

Schimmel, Schimmelpilze, Wohngebäude, Arthropoden, Spürhund.

Literatur

- [1] E. Foitzik (2014). Risikoanalyse für Schimmel in Neubauten, Master-Thesis Donau-Universität Krems.
- [2] G. Scholzen (2010). Leitungswasserschäden: Probleme ohne Ende, Leitungswasser 3, 8–14.
- [3] M. Leong et al. (2017). The Habitats Humans Provide: Factors affecting the diversity and composition of arthropods in houses, Scientific Reports 7, 15347.
- [4] S. Stahl (2016). Vom verdeckten zum sichtbaren Schimmelschaden mit Staubläusen, Silberfischchen & Co., Tagungsband 6. Würzburger Schimmelpilz-Forum „Feuchtigkeit in Fußbodenkonstruktionen und dessen Folgen“, 59–66.
- [5] World Health Organization (2009). WHO-guidelines for indoor air quality: dampness and mould.
- [6] Arbeitsgemeinschaft medizinisch-wissenschaftlicher Forschungsinstitute (2016). AWMF-Leitlinie: Medizinisch klinische Diagnostik bei Schimmelpilzexposition in Innenräumen.
- [7] S. Urlaub, G. Grün (2016). Mould and dampness in European homes and their impact on health, IBP-Report, EER-058/2016/950.
- [8] S. von Kéler (1953). Staubläuse. Die neue Brehm Bücherei, Verlag K. G. Wolf.
- [9] J. Wallner, C. Hanus, G. Führer (2012). Das „Messinstrument Schimmelspürhund“, Gefahrstoffe – Reinhaltung der Luft 72/3, 94–98.
- [10] S. Brasche et al. (2003). Vorkommen, Ursachen und gesundheitliche Aspekte von Feuchteschäden in Wohnungen – Ergebnisse einer repräsentativen Wohnungsstudie in Deutschland, Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz 46/8, 683–693.
- [11] G. Führer, B. Kober (2018). Schimmel und andere Schadfaktoren am Bau, Bundesanzeiger Verlag, Köln.
- [12] Umweltbundesamt (2017). Leitfaden zur Vorbeugung, Erfassung und Sanierung von Schimmelbefall in Gebäuden. Dessau-Roßlau.
- [13] L. J. Martin et al. (2015). Evolution of the indoor biome, Trends in Ecology & Evolution 30 (4), 223–232.

Verfasst von:



Gerhard Führer, Jahrgang 1960, Studium der Biologie und Chemie an der Universität Würzburg, wiss. Mitarbeiter am Helmholtz Forschungszentrum in München, Ehrenprofessor der Donau-Universität Krems, öffentlich bestellter und vereidigter (ö.b.u.v.) Sachverständiger für Schadstoffe in Innenräumen und Leiter des Sachverständigen-Instituts peridomus in Himmelstadt bei Würzburg. Arbeitsschwerpunkte: Bestandsanalysen nach Feuchte-/Schimmelschäden und Durchsetzung berechtigter Forderungen von Betroffenen gegenüber Verursachern bzw. Dritten.



Sonja Stahl, Jahrgang 1974, Studium der Biologie an der Universität Würzburg, wiss. Mitarbeiterin am Lehrstuhl Klinische Biochemie/Pathobiochemie, Sachverständige für Schimmelpilze am Sachverständigen-Institut peridomus, Lehraufträge und Beratungstätigkeit. Arbeitsschwerpunkte: Innenraumforensik unter (mikro)biologischen Gesichtspunkten, chemische und mikrobiologische Bestandsaufnahmen in Privathäusern, Neubauten, Bürokomplexen und öffentlichen Gebäuden.

Korrespondenz:

Dr. Gerhard Führer
Sachverständigen-Institut peridomus
Rudolf-Diesel-Str. 2
97267 Himmelstadt/Würzburg
E-Mail: info@peridomus.de

Cyanogene Glykoside als chemischer Fraßschutz bei Nahrungspflanzen

Giftige Nahrungspflanzen

SUSANNE BICKEL



Mandelblüte.
Foto: Reinhold Geiger.

Es gibt etliche Pflanzenarten, die wir als Nahrungspflanzen züchten, die aber trotzdem giftig sind. Nicht jedes Gift kann man einfach wegzüchten, und manchmal wäre das auch nicht optimal, denn Pflanzen schützen sich dadurch vor Mikroorganismen und anderen Fraßfeinden. Bei den Menschen haben sie damit aber häufig keinen Erfolg.

Nahrungspflanzen und Gift – das widerspricht sich eigentlich, sollte man denken. Da Pflanzen sich aber nicht fortbewegen können, haben sie zahlreiche Strategien entwickelt, sich gegen Fressfeinde zu verteidigen. Sie müssen sich nicht nur gegen Mikroben verteidigen, sondern auch gegen Pilze und fast 300.000 pflanzenfressende Insektenarten. Dazu kommen etwa 5000 pflanzenfressende Säugetiere, die eine große Biomasse an Pflanzen benötigen. Viele Pflanzen verteidigen sich durch anatomische Besonderheiten wie Dornen, Stacheln oder Brennhaare. Weitaus bedeutsamer ist allerdings die Verteidigung durch

komplexe chemische Stoffe, die giftig und scharf oder bitter sein können. Manche Pflanzen bedienen sich einer Art chemischer Bombe, die erst losgeht, wenn die Pflanze verletzt, also von Tieren oder Mikroorganismen angefressen oder von uns Menschen verarbeitet wird. Zahlreiche von uns Menschen als Nahrung genutzte Pflanzen enthalten so eine chemische Falle, die bei falscher Verwendung der Pflanzen zu Vergiftungen oder sogar zum Tode führen kann. Das weitaus gefährlichste Gift liefern die so genannten cyanogenen Glykoside, die beim Verzehr von entsprechenden Pflanzenteilen Blausäure freisetzen. Diese stark giftige Verbindung findet man nicht nur in den Samen unserer Rosengewächse, zu denen Apfel, Pflaume, Mandel, Pfirsich und Aprikose gehören, sondern auch in Weltwirtschaftspflanzen wie Maniok, Sorghum, Yams und Zuckerrohr. Am Beispiel einiger Pflanzen soll dieser chemische Fraßschutz erläutert werden.

Bittersüße Mandeln

Jeder kennt bittere Mandeln, die ab und zu in einer Menge von süßen Mandeln vorkommen und einem das Naschen verderben können. Wodurch werden diese Mandeln so bitter, und was macht sie giftig? Mandeln sind die Samen im Steinkern der Mandel Frucht. Der Mandelbaum (*Prunus dulcis* (Mill.) var. *dulcis* und var. *amara*, syn. *Amygdalus communis* (L.), Abbildung 1) liefert ledrige Früchte, von denen man die Fruchthülle nicht verwenden kann, sondern nur den Samen des Steinkerns, der dazu, wie bei den echten Nüssen, geknackt werden muss. Daher werden Mandeln im Handel auch zu den „Nussfrüchten“ gezählt, obwohl es sich botanisch um Steinfrüchte handelt. Der Mandelbaum gehört zur Familie der Rosengewächse (Rosaceae) und ist ein naher Verwandter des Pfirsichbaumes. Er ähnelt ihm in der Wuchsform, in seinen Blättern und in der Größe. Rosaceensamen sind in der Regel giftig; in ihnen befindet sich mehr oder weniger stark ausgeprägt eine bittere Substanz, das Amygdalin, das zu den cyanogenen Glykosiden (Abbildung 2) gehört und beim Zerkauen Blausäure, ein starkes Gift, freisetzt. Amygdalin findet man in Aprikosen-, Pfirsich- und Bittermandelkernen. Die „süßen“ Mandeln machen diesbezüglich eine Ausnahme, da sie nur ganz geringfügige Mengen an Amygdalin enthalten [1].

Der Mandelbaum stammt wahrscheinlich ursprünglich aus Südwestasien, wo er auch heute noch vorkommt. Je

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 278 erklärt.



ABB. 1 Blühender Mandelbaum an der südlichen Weinstraße. Foto: Stefanie Pappon, Birkweiler.

nach Gehalt an Bittermandelöl unterscheidet man die Variation *amara* (lat. = bitter) von der Variation *dulcis* (lat. = süß). Von alters her ist der Mandelbaum eine Kulturpflanze des östlichen Mittelmeerraumes. Seine natürlichen Standorte sind Gebüsche an steinigten Hängen in höheren Lagen; er benötigt reichlich Sonne. Wildvorkommen gibt es in Griechenland, der Türkei und in Südkasien bis nach Usbekistan, allerdings lassen sich verwilderte Vorkommen schlecht von echten Wildarten unterscheiden. Mediterranes Klima mit warmen, langen und trockenen Sommern sowie milden, kurzen und feuchten Wintern mit wenig Frost bekommt dem Mandelbaum gut. Die optimale Temperatur für das Wachstum liegt zwischen 15 und 30 °C [2]. Mandelbaumblätter sind lanzettlich und spitz (Abbildung 3). Der höchstens 10 m hohe Baum treibt im zeitigen Frühjahr fünfzählige, weiße bis zartrosafarbene Blüten (Abbildung 4) mit mittelständigem Fruchtknoten aus. Die Blüte erfolgt vor dem Austrieb der Blätter. Die grüne Steinfrucht erreicht die Größe einer Aprikose und ist wie der Pfirsich samtig behaart. Das Meso- und Exokarp (die äußeren Hüllschichten der Frucht) sind allerdings faserig und ungenießbar, sie platzen bei der Reife an der Verwachsungsnaht auf (Abbildung 3). Das verholzte Endokarp, der Steinkern, ist sehr hart und muss geknackt werden, um den Samen zu gewinnen. Der Same besteht aus zwei Keimblättern mit dem winzigen Embryo, die von der braunen Samenschale umgeben sind. Die Reservestoffe (hauptsächlich fettes Öl und Stärke) befinden sich in den beiden Speicherkeimblättern, die wir als Mandel oder Mandelkern bezeichnen.

Verwendung von Mandeln

Mandelkerne eignen sich aufgrund ihres Aromastoffes Benzaldehyd besonders gut zur Verarbeitung zu Süßig-

ABB. 2 | CYANOGENE GLYKOSIDE

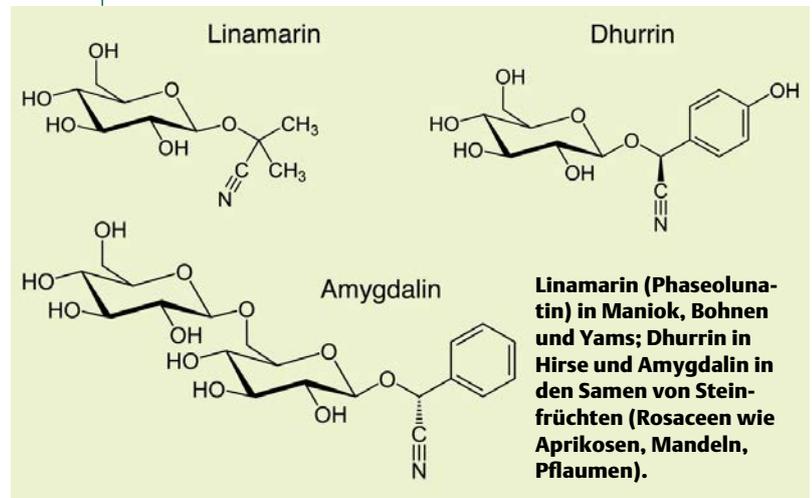


ABB. 3 Mandelfrucht mit aufgeplatzter Samenhülle (Meso- und Exokarp) und offengelegtem Steinkern.



ABB. 4 Eine typische fünfzählige Blüte der süddeutschen Krachmandel (*Prunus dulcis* var. *fragilis*). Krachmandeln haben besonders fragile Schalen, die leicht zu knacken sind. Foto: Reinhold Geiger.

IN KÜRZE

- Zur **Abwehr von Fraßfeinden** haben zahlreiche Pflanzen chemische „Bomben“ entwickelt, die zünden, sobald pflanzliches Gewebe verletzt wird.
- In etlichen Pflanzen, die wir als Nahrungspflanzen nutzen, entsteht aus einem cyanogenen Glykosid bei dem Zusammentreffen mit einem entsprechenden Enzym **giftige Blausäure** (Cyanwasserstoff), die die Zellatmung hemmt.
- In Rosaceensamen (Mandel, Aprikose, Pfirsich, Apfel u. a. m.) ist das **cyanogene Glykosid Amygdalin** enthalten. Bittere Mandeln enthalten besonders viel Amygdalin.
- Bittermandelöl wird heute aus entgifteten **Aprikosen- und Pfirsichkernen** gewonnen, da diese in der Lebensmittelindustrie als Abfall anfallen.
- Die Weltwirtschaftspflanze **Sorghum** enthält das **Glykosid Dhurrin** in allen grünen Teilen; getrocknet oder siliert wird die Grünmasse problemlos als Grünfutter verwendet. Die Samen der Sorghumhirse sind frei von Giftvorstufen.
- **Maniok** gehört zu den Hauptnahrungsmitteln der ärmeren Bevölkerung Afrikas. Es enthält das **Glykosid Linamarin**, dessen Menge nicht genetisch vorgegeben, sondern durch Umweltbedingungen beeinflusst ist.
- Der größte Teil der Blausäure wird durch die Bearbeitungsmethoden (Trocknen, Fermentieren, Kochen) entfernt; trotzdem kommt es gelegentlich zu **schweren Vergiftungen** und häufiger zu chronischen Vergiftungen.
- Es gibt **gentechnische Ansätze**, das Linamarin in den Knollen schneller abbaubar zu machen.



ABB. 5 Dreierlei Süßigkeiten aus Mandeln: Marzipan (links), Nougat de Montélimar (Frankreich, mitte), Turrón aus der Region Alicante (Spanien, links). Abbildungen: stockphoto-graf, stock.adobe.com (links), Brad Pict, stock.adobe.com (mitte), S. Bickel (rechts).

keiten oder Gebäck. Sie enthalten etwa 54 Prozent fettes Öl, das zu 77 Prozent aus Ölsäure und zu 20 Prozent aus Linolsäure besteht. Mandelöl wird für pharmazeutische Zwecke in Hautpflegemitteln und zur Produktion von Süßwaren wie Marzipan verwendet. Gemahlene Mandeln werden zu Backwaren wie Makronen und Mandelhörnchen verarbeitet. Mandelspezialitäten gibt es z. B. in Südfrankreich und Spanien, also in Regionen, in denen Mandeln in Plantagen kultiviert werden [2]. In Südfrankreich (Montélimar) wird z. B. das „Nougat de Montélimar“ hergestellt, in Spanien (Jijona) das „Turrón“; beide Süßigkeiten bestehen in der Hauptsache aus Mandeln und Honig. Die Rezepturen stammen noch von den Arabern (Abbildung 5).

Marzipan stammt wahrscheinlich aus Persien. Es war zunächst sehr kostbar, da es aus Rohrzucker und Mandeln bestand. Erst als Zucker aus Zuckerrüben gewonnen wurde, konnten einfache Bürger sich Marzipan gönnen. Es gibt zahlreiche Erklärungen für die Herkunft des Namens „Marzipan“. Die einfachste ist wohl Brot (pane) des Markus (Venedig). In Venedig wurde Marzipan schon im 13. Jhdt. als Marzapane erwähnt. Das Grundrezept für die Marzipanrohmasse ist einfach: Die Mandeln werden gebrüht und von der Haut befreit, anschließend fein zerkleinert und mit Zucker vermischt. Diese Masse wird leicht geröstet und noch einmal mit Puderzucker vermischt. Die Wertigkeit des Marzipans ergibt sich aus dem Verhältnis von Mandelmasse zu Zucker. Nach dem deutschen Lebensmittelrecht muss die Rohmasse zu mindestens 48 Prozent aus Mandeln bestehen und darf höchstens 35 Prozent Zucker und 17 Prozent Wasser enthalten. Für Marzipanprodukte gilt: Einfaches Marzipan muss mindestens 50 Prozent Rohmasse enthalten, Edelmarzipan mindestens 70 Prozent [3, 4]. Außerdem gibt es zahlreiche Geschmacksvarianten mit Alkohol, Früchten oder Gewürzen.

Als Ersatz für das edle Marzipan wird häufig das billigere Persipan verwendet. Das Kunstwort „Persipan“ lässt sich vom lateinischen Wort für Pfirsich „persicus“ ableiten, und dadurch wird schon im Wortlaut die Ähnlichkeit mit Marzipan erkennbar. Persipan entsteht aus Aprikosen- oder Pfirsichkernen, die in der Lebensmittelindustrie in großen Mengen als Abfallprodukt anfallen. Persipan schmeckt sehr ähnlich, sogar etwas kräftiger als Marzipan.

Der Kernmasse wird allerdings zuerst das Amygdalin entzogen, damit keine giftige Blausäure entstehen kann. Im Handel müssen Produkte, die Persipan statt wie üblich Marzipan enthalten, gekennzeichnet werden, so etwa der beliebte Weihnachtsstollen.

Damit Persipan von Marzipan unterschieden werden kann, sollte in Persipan eine geringe Menge Stärke verarbeitet werden. Dadurch kann die Lebensmittelchemie mit einem schnellen Iod-Stärke-Test nachweisen,

dass Persipan verwendet wurde. Weitere Methoden zur Unterscheidung sind die ▶ PCR-Methode, in der die Gene der in der Masse verbliebenen Zellen ausgelesen werden sowie die ▶ Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (HPLC = high performance liquid chromatography) der fettigen Öle aus der jeweiligen Rohmasse. Marzipan enthält darin nämlich fast ausschließlich α -Tocopherol (Vitamin E), Persipan überwiegend γ -Tocopherol [5].

Die chemische Falle

In bitteren Mandeln ist das bitter schmeckende Blausäureglykosid Amygdalin (Abbildung 2) enthalten, das bis zu 8 Prozent des essbaren Anteils ausmachen kann. *Prunus dulcis* var. *dulcis*, die süße Mandel ist eine amygdalinarme Mutante der bitteren Mandel (*Prunus dulcis* var. *amara*). Auch unter süßen Mandeln findet sich immer ein kleiner Anteil an bitteren. Das intakte Glykosid ist nicht giftig, es kommt aber beim Essen durch Zerkauen der Mandeln mit dem in den Mandeln selber anwesenden Enzym Emulsin zusammen und wird dadurch in seinen Zuckeranteil (Gentiobiose) und sein Aglykon (Nichtzuckeranteil = Mandelsäurenitril) gespalten. Mandelsäurenitril zerfällt im Magen in den Aromastoff Benzaldehyd und giftige Blausäure (HCN = Cyanwasserstoff). Die Blausäure gelangt dann in die Körperzellen. Blausäure ist sehr giftig – sie hemmt die Zellatmung, führt also zu Sauerstoffmangel und damit zum „Blauwerden“ des Gesichts. Die Pflanze hat diese Strategie entwickelt, um ihre jungen Keimlinge vor Fressfeinden zu schützen. Bei einem Erwachsenen sind 60 bittere Mandeln tödlich, bei einem Kind bereits 5 bis 10. Unbehandeltes Bittermandelöl ist gefährlicher als die Mandeln selber, hier können 10 Tropfen bereits tödlich wirken. Das Ausmaß der Vergiftung lässt sich nicht vorhersagen, da die Toleranz in Bezug auf Blausäure sehr verschieden sein kann.

Käufliches Bittermandelöl für die Verwendung in Lebensmitteln besteht heute allerdings zu 90 Prozent aus Benzaldehyd, dem typischen Bittermandelaromastoff und enthält keine Blausäure mehr, da diese nach ihrer enzymatischen Abspaltung durch Ausschütteln mit Kalkmilch und Eisensulfat als Eisensalz der Blausäure (Calciumhexacyanoferrat II) ausgefällt wird. Dieses wird dann durch Wasserdampfdestillation entfernt [6]. Bittermandelöl zur Aroma-

tisierung von Speisen und Parfümen wird heute kaum noch aus bitteren Mandeln gewonnen, sondern aus Pfirsich- und Aprikosenkernen, die in der Lebensmittelindustrie anfallen. Auch in ihnen ist das Amygdalin enthalten. Bittermandelöl erhält man durch Wasserdampfdestillation des entölten Presskuchens der Aprikosen- oder Pfirsichkerne. Anschließend muss das Destillat vom cyanogenen Amygdalin befreit werden. Es gibt noch eine Reihe weiterer Nahrungspflanzen, die jeweils ein Blausäureglykosid in hoher Konzentration enthalten. In Tabelle 1 sind einige Nahrungspflanzen und deren Blausäuregehalt aufgelistet. Bekannt sind außer dem Amygdalin aus bitteren Mandeln, das Phaseolunatin (= Linamarin) aus Bohnen, Yams und Maniok sowie Dhurrin aus der Hirse.

Vielseitiges Getreide

Sorghumhirse (Kaffernkorn, *Sorghum bicolor* (L.) Moench) gehört wie auch Mais und Zuckerrohr zu den Süßgräsern (Poaceae). Sie ist eine der wichtigsten Getreidepflanzen der Tropen und Subtropen. Auch innerhalb Europas wird sie zum Teil schon anstelle von Mais angebaut. Heimat der Sorghumhirsen ist Äquatorialafrika, wo die verwandten Wildarten vorkommen. Wahrscheinlich erfolgten die ersten Schritte der Domestikation in Äthiopien. Von dort aus hat sich die Sorghumhirse schon früh nach Indien und in den Mittelmeerraum ausgebreitet. In den USA wurde aus dem „Primitivgetreide“ eine der weltweit wichtigsten Futterpflanzen gezüchtet [8]. Sorghumhirse ist wie der Mais eine C4-Pflanze, die auch im Aussehen stark an ihn erinnert. Ihre bandförmigen Blätter sind denen des Mais ähnlich (Abbildung 6). Ihre markgefüllten Halme bestocken sich an der Basis, werden 4 bis 5 m hoch und tragen endständige, aufrechtstehende Rispen als Fruchtstände. Diese können bis zu 60 cm lang sein, wobei

TAB 1. GEHALT AN BLAUSÄURE IN VERSCHIEDENEN PFLANZEN

Pflanze	Pflanzenteile	Blausäuregehalt (mg/100g)
Bittere Mandel	Samen	250
Sorghumhirse (Sorghum)	Ganze Pflanze	250
Maniok (Cassava)	Getrocknete Wurzelrinde	245
	Ganze Wurzel	55
	Stamm	113
Bambus	Sprossspitzen	800
	Junger Stamm	300
Limabohne (Mondbohne), gefärbte Java-Varietät	Samen	312
Weißer amerikanische Varietät	Samen	10

(nach Lindner [7])

jedes Ästchen zwei Ährchen trägt. Die ► Karyopsen sind 4–5 mm dick und rund. Die Farbe der Spelzen variiert von weiß über gelbbraun bis zu schwarzrot. Die Samen der Sorghumhirse (Abbildung 7) müssen vor der Verwendung von ihrer dicken Fruchtschale befreit werden [2].

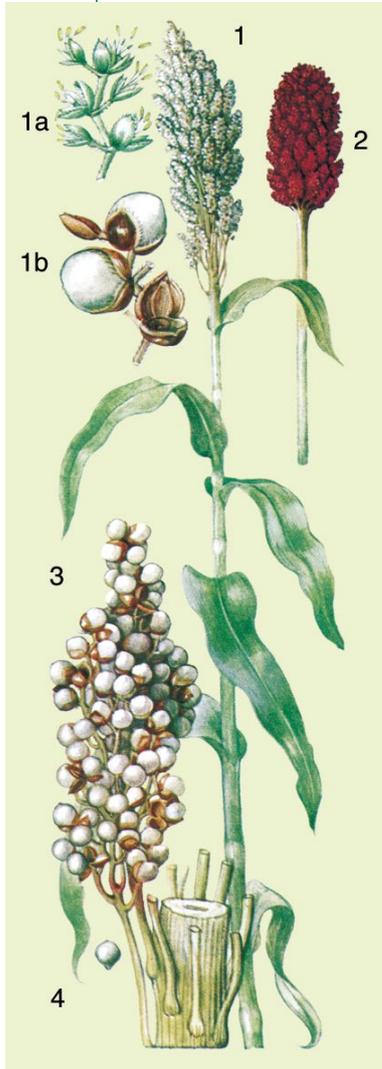
Anbau und Ernte

Die Weltproduktion an Sorghumhirse betrug 2019 fast 60 Mio. Tonnen, wobei die Hälfte davon in Afrika produziert wurde, davon allein 6 Mio. t in Nigeria und 5 Mio. t in Äthiopien. Damit gehört Sorghumhirse zu den Weltwirtschaftspflanzen (Tabelle 2). Aufgrund der extremen Düreresistenz ist der Anbau auch in sehr trockenen Gebieten möglich. In den amerikanischen Staaten wurde der Hirseanbau nach einem Hoch zum Ende des letzten Jahrhunderts bis heute wieder reduziert, während die afrikanischen Staaten (z. B. Nigeria und der Sudan) ihre Produktion stark erhöhten. Alle Hirsen sind wärmebedürftig und können keinen Frost vertragen. Als Bewohner der Tropen



ABB. 6 Sorghumhirse auf dem Versuchsfeld der Wissenschaftsscheune (MPIP Köln). Rechts eine Ähre in der Vergrößerung.

ABB. 7 | HIRSEPFLANZEN IM DETAIL



1: Weiß-begrannte Hirse, 2: Rot-begrannte Hirse, 1a: Ährchen mit Blüten, 1b: Ährchen mit Samen, 3: Detail des Halmes und 4: Detail der Samen. (nach: The Oxford Book of Food Plants [9], verändert).

und Subtropen sind sie Kurztagspflanzen mit kurzer Vegetationsdauer (zwischen 3 und 7 Monaten). Die Temperaturminima der Keimung liegen zwischen 8 und 10 °C. Optimale Temperaturen für das Wachstum liegen zwischen 25 und 40 °C. Auch der C₄-Photosynthesestoffwechsel weist die Sorghumhirse als Pflanze aus, die an hohe Temperaturen angepasst ist. In der Trockenzeit können Hirsen ihre Transpirationsrate zusätzlich reduzieren, allerdings kommt es unter diesen Bedingungen nicht zu sehr hohen Erträgen. Sorghumhirse wird meist einjährig angebaut, obwohl einige Sorten mehrjährig genutzt werden können. Der Nachteil dieser Methode liegt aber in der vermehrten Ausbreitung von Schädlingen und Krankheiten. Sorghumhirse wird maschinell gesät, wobei die Samen ungefähr 4 cm tief in den Boden gelegt werden. Die Ernte bei Vollreife, wenn die Halme noch grün sind, erfolgt meistens von Hand. In den USA werden Zwergsorten auch mit Mähreschern geerntet.

Züchtung und Biotechnologie

Sorghumhirsens wurden für die Korn- und Grünfuttengewinnung über die Hybridzüchtung optimiert. Mittlerweile sind die gezüchteten Hirsensorten den herkömmlichen deutlich überlegen. Aus über 3 m hohen Arten konnten z. B. frühreife Zwergformen (unter 1 m) gezüchtet werden, die sehr standfest sind und mit dem Mährescher geerntet werden können [8]. Für die gemäßigten Breiten stehen mittlerweile kältetolerante Sor-

ten, die im Langtag angebaut werden können, zur Verfügung. Zuchtziele sind heute proteinreiche Linien mit hohem Anteil an essentiellen Aminosäuren, die helfen sollen, dem Proteinmangel in Entwicklungsländern vorzubeugen. Für die Grünfuttengewinnung sind hohe und trotzdem standfeste Pflanzen von Bedeutung. Hier ist es ein Zuchtziel, hohe Protein- und Zuckeranteile in der Grünmasse zu erhalten. Ferner möchte man das Glykosid Dhurrien (Abbildung 2), das in den grünen Pflanzenteilen vorkommt, verringern, da es durch Hydrolyse Blausäure freisetzt (Abbildung 8). In den grünen Teilen der Sorghumhirse kommen zwei in diesem Zusammenhang wichtige Enzyme vor. Das eine ist eine β -Glukosidase, die Zuckerreste aus Verbindungen abspalten kann, und das andere ist eine

Hydroxynitrilase, die Cyanwasserstoff (Blausäure) von der cyanogenen Substanz abtrennt. Dhurrien befindet sich in den Vakuolen der Epidermiszellen der grünen Pflanzenteile. Werden die Zellen zerstört, kommen Enzyme und Vorstufen zusammen, und die chemische Bombe wird gezündet: Je nach Ausgangssubstanz entsteht ein Benzaldehyd oder Aceton (Keton). Durch Trocknung (Heu) und Vergärung (Silage) der Grünmasse werden Schäden bei den Tieren vermieden. In den USA (Nebraska) und in Australien (Queensland) wurde die Hirse in gentechnischen Ansätzen so verändert, dass die Pflanzen einen höheren Proteingehalt, eine besser Proteinverdaulichkeit und größere Körner aufwiesen. Die gentechnisch veränderte Hirse wurde bereits im Freiland getestet [10].

Verwendung von Hirsens

Ernährungsphysiologisch betrachtet sind die Samen der Sorghumhirse ein wertvolles Nahrungsmittel. Sie enthalten neben 60 bis 75 Prozent Kohlenhydraten 8 bis 14 Prozent Protein in guter Qualität (mit ausreichendem Anteil an essentiellen Aminosäuren) und 4 bis 6 Prozent Fett in den reifen Körnern. Sorghummehl ist nicht backfähig, denn die Samen enthalten keine Klebereiweiße. Man verwendet daher Hirse als ganze Körner oder gemahlen zu Brei, Grütze oder als Fladen. In einigen Anbaugebieten Afrikas dient Sorghumhirse zur Biererzeugung. Auch die Grünmasse wird genutzt: Man siliert sie zur Verwendung als Viehfutter. Außerdem wird aus Hirse Stärke gewonnen. Stärke besteht aus Amylopektin und Amylose; beide Bestandteile haben unterschiedliche Eigenschaften. Amylose ist ein Gelbildner, den man in Instantpuddings und Soßen in der Lebensmitteltechnologie einsetzt. Amylopektin hat mehr Klebe- und Schmiereigenschaften und wird z. B. für die Kleisterherstellung genutzt. Es gibt Sorghumhirsensorten mit allen Übergängen in der Zusammen-

TAB 2. WELTWEITE PRODUKTION VON SORGHUMHIRSE 2019 IN MIO. T.

Kontinent	Staat	Mio. Tonnen
Welt		57,89
Afrika		28,67
	Nigeria	6,67
	Äthiopien	5,27
	Sudan	3,71
Nord- und Mittelamerika		12,00
	USA	8,67
	Mexiko	4,35
Südamerika		5,53
	Brasilien	2,67
	Argentinien	1,60
Asien		7,86
	China	3,60
	Indien	3,48
Australien		1,16

(nach FAO 2021 [12])

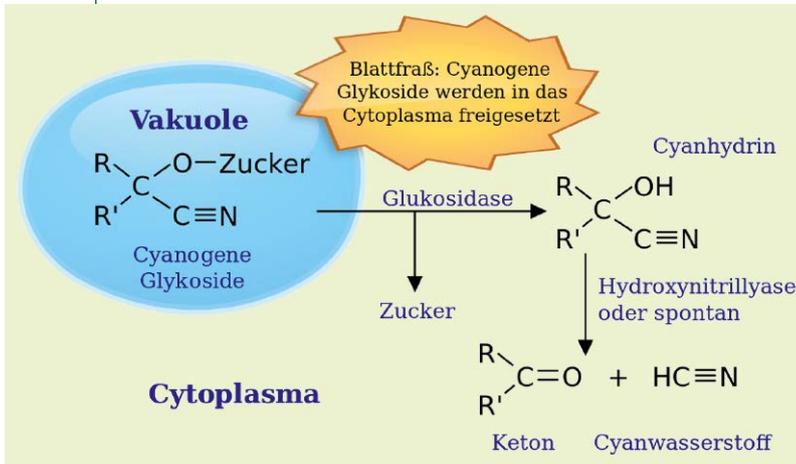
ABB. 8 ENZYMATISCHE HYDROLYSE EINES CYANOGENEN GLYKOSIDS UND BILDUNG VON BLAUSÄURE


Abb. https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Cyanogene_Glukoside.svg.

setzung der Stärke von reiner Amylose bis zu reinem Amylopektin. Die technische Verwertung von Hirsen liegt außer in der Stärkegewinnung in der Erzeugung von Bioethanol als Kraftstoffzusatz zum Diesel. Unter geeigneten klimatischen und Bodenbedingungen bildet die C₄-Pflanze in kurzer Zeit sehr viel Biomasse. Weltweit wird daran gearbeitet, diese Energieausbeute noch weiter zu erhöhen und die Pflanze an unterschiedliche Verhältnisse anzupassen [11].


ABB. 9 Junger Maniokstrauch (Brasilien).

Wie bei Wolfsmilchgewächsen üblich, sind alle Teile der Pflanze von langen Milchröhren durchzogen, deren Milch das giftige Blausäureglykosid Linamarin (Abbildung 1) enthält. Nach dem Gehalt an Linamarin, das auch in Flachs und Limabohnen vorkommt, unterscheidet man bittere und süße Maniokknollen. Bei den süßen ist das Linamarin vorwiegend in der Rindenschicht enthalten. Diese Unterscheidung kann man aber nicht in die Systematik übernehmen, da der Glykosidgehalt nicht genetisch bedingt ist, sondern auch und vor allem von den umgebenden Bedingungen abhängt. Die Menge an freierwerdender Blausäure (HCN) variiert dabei von 30 mg HCN/kg Knolle bis 400 mg/kg Knolle [7].

Die Heimat des Maniok ist Südamerika. Da unkultivierter Maniok vor allem im Amazonasgebiet zu finden ist, kann angenommen werden, dass sein engeres Ursprungsgebiet in diesem Teil Brasiliens liegt. Die weitere Verbreitung über den tropischen Bereich der Welt erfolgte vor-


ABB. 10 Maniokknolle von mittlerer Größe.

Giftige Wurzelknollen

Eine weitere, in allen Teilen giftige Weltwirtschaftspflanze ist der Maniok (Mandioka, Cassava, *Manihot esculenta* Crantz). Maniok gehört zur Familie der Wolfsmilchgewächse (Euphorbiaceae). Der mehrjährige Strauch wird bis zu 3 m hoch. Maniokblätter sind langgestielt und tief handförmig geteilt (Abbildung 9). An ihrer Sprossbasis bildet die Pflanze zylindrische bis kegelförmige Wurzelknollen von bis zu 50 cm Länge aus (Abbildung 10). Die Knollen können ein Gewicht von 2 bis 4 kg erreichen. Maniok ist in vielen afrikanischen Staaten das Hauptnahrungsmittel der ärmeren Bevölkerung. Daher sind die Wurzelknollen von großer ernährungsphysiologischer Bedeutung.



ABB. 11 Perlierte Stärke aus Maniokmehl (Perl-Sago). Der Begriff „Sago“ stammt von der Sago-palme, aus der diese Stärke ursprünglich gewonnen wurde.

nehmlich durch die Portugiesen. Sie brachten die Pflanze im 16. Jahrhundert zu ihren Stützpunkten an der afrikanischen Küste, wo Maniok mit gutem Erfolg in größerem Umfang an der Kongomündung angebaut wurde. Von dort aus verbreitete sich die Pflanze allmählich nach Osten. 2019 wurden weltweit 303,6 Mio. Tonnen Maniok geerntet, davon der Hauptanteil in Afrika (192 Mio. t). Fast alle afrikanischen Staaten bauen Maniok (Cassava) an, davon steht mit fast 60 Mio. t Nigeria an der Spitze, gefolgt von der Republik Kongo mit 40 Mio. t und Ghana mit 22 Mio. t. Südamerika produzierte 26 Mio. t hauptsächlich in Brasilien (17,5 Mio. t) und Kolumbien. Der Rest der weltweiten

Produktion stammt aus Asien (85 Mio. t), wobei dort Thailand, Indonesien und Vietnam die Hauptrollen spielen [12]. Maniok benötigt zur Stärkebildung viel Licht; an den Boden werden dagegen geringere Ansprüche gestellt. Warmes, feuchtes Klima mit Temperaturen um 27 °C ist notwendig. Die Kultur des Maniok geht heute von Stecklingen aus, früher hat man auch Saatknochen genutzt. Die Ernte erfolgt meistens 12 Monate nach dem Pflanzen. Die Knollen werden nach dem Abschneiden der Stängel ausgegraben. Lässt man sie länger im Boden, was manchmal wegen der geringen Lagerungsfähigkeit notwendig ist, so setzt die Zellatmung ein und die Knollen verlieren an Stärke (in 2 Monaten bis zu 20%). In Südamerika werden die als Yuca bezeichneten Blätter des Maniokstrauchs als Gemüse und Viehfutter verwendet.

Inhaltsstoffe und Verarbeitung

Wenn Maniok nicht angemessen verarbeitet wird, besteht die Gefahr der Vergiftung, da alle Pflanzenteile das cyanogene Linamarin (Abbildung 2) enthalten. Von größerer Bedeutung sind chronische Vergiftungen, vor allem bei einseitiger Ernährung. In Afrika äußert sich die chronische Cyanidvergiftung z. B. in Form einer ▶ ataktischen Neuropathie oder als Schilddrüsenüberfunktion [1]. Tatsache ist, dass die stark Cyanid bildenden Sorten von den Landwirten in der Regel bevorzugt werden, da sie unter Stress höhere Erträge bringen und besser gegen Parasiten geschützt sind. Das ist nicht gefährlich, wenn die Knollen ausreichend zermahlen und fermentiert werden, da dadurch das Cyanid freigesetzt wird. Der entstehende Brei ist so nicht mehr toxisch und kann bedenkenlos gegessen oder weiterverarbeitet werden. Die Verarbeitung von Maniok unterscheidet sich von Region zu Region. Die verwendeten Prozessschritte beinhalten jedoch meist Mahlen, Einweichen, Fermentation, Kochen oder Dämpfen und Trocknen in unterschiedlicher Reihenfolge, was zu einer Vielzahl von Produkten führt. Ein gentechnischer Ansatz besteht darin, den Gehalt an Hydroxynitrilase zu vervielfachen, damit das Linamarin bei der Verarbeitung schneller und gründlicher abgebaut werden kann [13].

In Südamerika wird der größte Teil der Knollen im Hand- oder Fabrikbetrieb zu Mehl (Tapioka) verarbeitet: Man zerreibt die geschälten, gewaschenen Knollen zu einer weißen Masse, die auf heißen Platten getrocknet wird und mahlt sie dann schließlich zu feinem, weißen Mehl, das in Brasilien als „Farinha“ in Säckchen in den Handel kommt. Für den Export wird vielfach reine Stärke erzeugt. Dazu werden die Knollen geraspelt, die Raspelmasse in Wasser geknetet und die milchige Flüssigkeit durch Siebe in Wannen gefiltert. Dort setzt sich die Stärke auf dem Boden ab, wird nochmals gewaschen und nach Abgießen des Wassers getrocknet. Tapiokastärke besteht zu 80 Prozent aus Amylose und zu 20 Prozent aus Amylopektin; sie enthält kein Gluten und keine Fette. In den letzten Jahren hat sie an Bedeutung gewonnen: Neben der herkömmlichen Verwendung im Lebensmittelsektor kommt sie

GLOSSAR

Antidot: Gegenmittel zu Giften oder anderen Substanzen, die den Menschen beeinflussen.

Ataktische Neuropathie: Nervenkrankheit, die mit dem Verlust von Schmerz- und Temperaturempfinden einhergeht und durch Muskelschwäche an den Extremitäten zum Verlust der Körperbalance führt.

Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (HPLC, High performance liquid chromatography): Flüssigkeitschromatographie-Verfahren, mit dem man Substanzen voneinander trennen und über Standards identifizieren kann.

Karyopse: Die einsamigen Schließfrüchte der Gräser und Getreide; sie unterscheiden sich von Nussfrüchten durch eine zusammengewachsene Hülle aus Fruchtwand und Samenschale.

PCR-Methode: Polymerasekettenreaktion, durch die DNA aus einer Probe exponentiell vervielfältigt wird, so dass kleinste Mengen ausreichen, um sie untersuchen und so beispielsweise die Herkunft der Gene bestimmen zu können.

auch in der Papier- und Textilindustrie (Appreturmittel) und als Tablettengrundstoff zum Einsatz. Tapioka kann gewalzt oder zu Perlsago (Abbildung 10) verarbeitet werden. Ähnlich wie bei der Sagopalme wird der feuchte Stärkebrei durch ein Sieb bestimmter Porengröße gestrichen. Die Stärkepartikel fallen auf heiße Platten, die sich ständig schaukelnd bewegen; dadurch werden sie zu runden Körnern geformt. Die Bezeichnung „Sago“ leitet sich von der Sagopalme *Metroxylon sagu* ab, aus der in einem ähnlichen Prozess Stärke gewonnen wird [2].

Heutige Züchtungsverfahren betreffen hauptsächlich Virusresistenz (Braunstreifenkrankheit), höheren Vitamin Gehalt und Verringerung des Linamaringehalts der Knollen. Der Vitamingehalt ist vor allem in den Regionen wichtig, in denen Maniok das Hauptnahrungsmittel ist. Da die Knollen arm an Vitamin A und B6 sind, kommt es in diesen Regionen häufig zu Vitaminmangelkrankheiten. In einem Schweizer Gentechnikprojekt wurde ein Stoffwechselweg aus der Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) in Cassava eingeführt. Bei Tests im Gewächshaus und im Freiland hat sich die Vitamin-B6-Anreicherung als stabil erwiesen [14].

Vergiftung und Entgiftung

Blausäure (Cyanwasserstoff) ist sehr giftig; schon 1–2 mg/kg Körpergewicht wirken tödlich. Die Aufnahme von gasförmiger Blausäure kann auch über die Atemwege und die Haut erfolgen. Freigesetzte Blausäure aus den oben genannten cyanogenen Glykosiden wirkt durch Hemmung der Cytochromoxidasen direkt auf die Zellatmung in den Mitochondrien. Die Cytochromoxidase ist ein Häm-Proteinkomplex, der die innere Mitochondrienmembran durchsetzt. Ihre Hauptaufgabe ist die Aufnahme von Elektronen im letzten Schritt der Atmungskette. Die prosthetische Gruppe dieses Proteinkomplexes, das Häm, enthält ein Eisenion in seinem Zentrum, an dem Sauerstoff gebunden und zu Wasser reduziert wird. Diese Sauerstoffbindestelle am Häm wird durch eine irreversible Bindung des Cyanids an das zentrale Eisen-(III)-Ion blockiert. Durch die Blockade kann kein Sauerstoffatom mehr an das Eisen binden, und die Atmungskettenreaktion in den Mitochondrien wird gestoppt. Der Tod tritt durch Anoxie (Sauerstoffmangel) der Zellen ein. Besonders das Gehirn, aber auch der Herzmuskel reagieren auf diese Blockierung der Zellatmung [7].

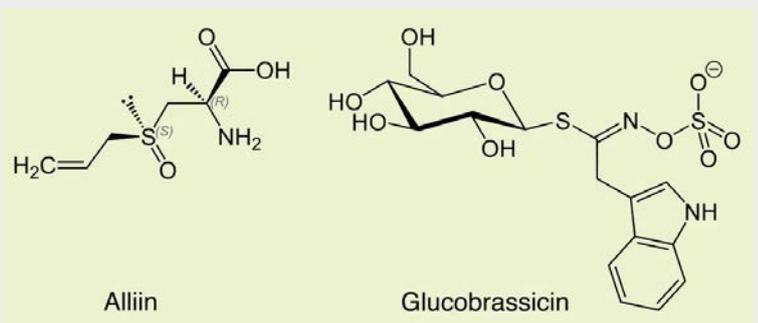
Mit geringen Mengen an Blausäure kann der Körper durchaus selber umgehen: In der Leber werden Cyanide durch das Enzym Rhodanase an ein Schwefelatom aus Thiosulfat gekoppelt und zu ungiftigem Thiocyanat umgewandelt ($\text{HCN} + \text{Thiosulfat} \rightarrow \text{Thiocyanat} + \text{Sulfid}$). Thiocyanat wird mit dem Urin ausgeschieden. Bei Einnahme größerer Mengen von cyanogenem Pflanzenmaterial reicht diese körpereigene Entgiftung nicht aus. Bei leichten Vergiftungen kann man Natriumthiosulfat als Antidot geben; dieses unterstützt dann die körpereigene Entgiftung. Bei schweren Vergiftungen greift man häufig zu

4-Dimethylaminophenol (4-DMAP), einem Methämoglobinbildner [15]. Hier macht man sich die hohe Affinität des Cyanidions zu dreiwertigen Eisenionen zu Nutze. Die Fe^{3+} -Ionen im Methämoglobin sind in der Lage, Cyanidionen zu binden und abzufangen. Die gebundenen Cyanidionen bleiben im Blut, dringen nicht in Zellen ein und erreichen nicht die Atmungskette. Im weiteren Verlauf der Behandlung wird Natriumthiosulfat gegeben, welches dann, wie oben beschrieben, die Entgiftung einleitet.

DREI CHEMISCHE BOMBEN ZUR ABWEHR VON FRESSFEINDEN

Die wichtigsten bekannten cyanogenen Glykoside in unseren Nutzpflanzen sind Amygdalin, Linamarin, Dhurrin und Lotaustralin aus *Lotus australis* und Passionsblumen. Es gibt aber noch zahlreiche mehr, die sich zum Teil nur durch die Zuckerreste unterscheiden. Diese Stoffe sind an sich nicht toxisch, d. h. solange sie im Inneren der Zellen bleiben. Verletzt man die Zellen durch Anschneiden, Anbeißen oder Ähnliches, tritt die jeweilige Substanz aus und kommt mit einem entsprechenden Enzym, das wiederum in anderen Geweben lokalisiert ist, zusammen. Erst dann geht die chemische Bombe, die als Fraßschutz wirkt, los. Die Freisetzung von Blausäure hält Fressfeinde davon ab, der Pflanze (oder den Tieren) weitere Schäden zuzufügen. Außer den cyanogenen Glykosiden gibt es noch weitere chemische Bomben in unseren Nutzpflanzen:

Alle Kohlsorten (Brassicaceen) besitzen Glucosinolate (Senfölglykoside) in den Vakuolen der Mesophyllzellen ihrer Blätter, so z. B. das Glucobrassicin (Abbildung) in Weißkohl und Broccoli. Nach der Zerstörung der Zellen kommen diese Glykoside in Kontakt mit dem Enzym Thioglucosidase, und es entsteht ein scharf schmeckendes Senföl, das Fressfeinde davon abhält weiterzufressen. Aus diesem Grund ist es nur Spezialisten möglich, sich an diesen Pflanzen gütlich zu tun, wie beispielsweise der Raupe des Kohlweißlings (*Pieris brassicae*) an Kohlgewächsen. Angepasste Raupen besitzen unterschiedliche Entgiftungsmechanismen in ihrem Darm, die noch nicht im Detail verstanden sind. Der Mensch hat sich an eine begrenzte Menge Senföle gewöhnt, in größeren Mengen sind sie aber auch für ihn schädlich.



Alle Alliaceen (Zwiebel, Knoblauch, Porree usw.) enthalten schwefelhaltige Verbindungen, die erst beim Anschneiden der Zwiebelzellen in schwefelhaltige Scharfstoffe verwandelt werden und uns durch die spontane Entstehung des „tränererregenden Faktors“ weinen lassen. Der Geruchs- und Geschmacksstoff der Zwiebel ist das Alliin (Lauchöl), das zur Gruppe der Alliiine gehört. Diese wiederum sind Abkömmlinge von schwefelhaltigen Aminosäuren. Erst bei Verletzung der Zellen kommen Alliin (Abbildung) aus den Vakuolen der Zellen mit dem Enzym Allinase zusammen, wodurch Alliin entsteht. Auch hier soll ein Fraßschutz erreicht werden, was in Bezug auf den Menschen allerdings nicht funktioniert – er kultiviert diese Pflanzen gerade wegen ihrer Scharfstoffe. Allen „chemischen Bomben“ gemein ist, dass ihre Vorstufen aus dem Aminosäurestoffwechsel stammen und in der intakten Pflanze ungiftig vorliegen.

Zusammenfassung

Blausäurehaltige Verbindungen liegen in den Pflanzen an Zuckerreste gebunden vor. Sie sind als intaktes Glykosid-ungiftig. Zur Abspaltung der Zuckerreste sind Enzyme (Glykosidasen) notwendig, die jeweils erst zur Reaktion gelangen, wenn das Gewebe der Pflanze verletzt wird. Die Freisetzung der hochgiftigen Blausäure ist somit ein Fraßschutz für die Pflanzen. Außer den Samen unserer Rosaceenarten wie Apfel, Pfirsich, Mandel (Bittermandel) und Aprikose gibt es zahlreiche Weltwirtschaftspflanzen, die diese Giftvorstufen enthalten. Maniok (Cassava), ein Hauptnahrungsmittel in Afrika, ist in allen Teilen giftig, wenn man das ungiftige Glykosid nicht sachgerecht entfernt. Es gibt gentechnische Ansätze, das cyanogene Linamarin in den Knollen schneller abbaubar zu machen. In Süßgräsern, wie Sorghumhirse und Bambus, dessen junge Sprosse gerne gegessen werden, kommen hohe Konzentrationen an dem Blausäureglykosid Dhurrin vor. Gerade die jungen, empfindlichen Triebe der Pflanzen und die Reproduktionsorgane werden durch diese „chemische Bombe“ geschützt. Bei der Sorghumhirse enthält nur der zur Grünfütterergewinnung genutzte Teil der Pflanze das Glykosid. Die Samen sind ungiftig und können unbehandelt zu Hirsemehl, -brei oder -grütze verarbeitet werden.

Summary Toxic food plants

Cyanogenic glycosides are natural plant toxins contained in foods that release hydrogen cyanide when chewed or digested. The glycosides themselves are non-toxic. Glycosidases are necessary to split off the sugar residues, which only react when the tissue of the plant is damaged and both reactants come together. This is the first step to release hydrocyanic acid protecting the plant from feeding damage. In addition to the seeds of our Rosaceae species such as apple, peach, almond (bitter almond) and apricot, there are numerous global economic plants that contain these poison precursors. Manioc (cassava), a staple food in Africa, is poisonous in all parts if the non-toxic glycoside is not removed properly. In sweet grasses such as sorghum millet and bamboo, the young shoots of which are eaten with pleasure, high concentrations of the hydrogen cyanide glycoside Dhurrin occur. Especially the young, sensitive shoots of plants and the reproductive organs are protected by this “chemical bomb”. In sorghum millet, only the part of the plant used for green fodder production contains the glycoside, the seeds are non-toxic and can be processed without prior treatment.

Schlagworte

Nahrungspflanzen, cyanogene Glycoside, chemische Bombe, Bittermandel, Sorghum, Cassava.

Literatur

- [1] L. Roth, M. Daunerer, K. Kormann (1994). Giftpflanzen Pflanzengifte. Vorkommen, Wirkung, Therapie, Ecomed Verlagsgesellschaft AG & Co. KG, Landsberg. Ed. 4.
- [2] S. Bickel-Sandkötter (2001). Nutzpflanzen und ihre Inhaltsstoffe, Quelle & Meyer, Wiebelsheim.

- [3] Leitsätze für Ölsamen und daraus hergestellte Massen und Süßwaren, <https://www.deutsche-lebensmittelbuch-kommission.de/leitsaetze/> (abgerufen am 16.03.2021).
- [4] Markenlehrbrief, Deutscher Fachverlag GmbH, Mainzer Landstraße 251, 60326 Frankfurt a.M., www.mediadidact.de (abgerufen am 16.03.2021).
- [5] F. Luber et al. (2012). Apricot DNA as an Indicator for Persipan: Detection and Quantitation in Marzipan Using Ligation-Dependent Probe Amplification. *J. Agric. Food. Chem.* 60, 5853–5858.
- [6] R. Lieberei, C. Reisdorff (2007). *Nutzpflanzenkunde*, 7. Auflage, Georg Thieme Verlag, Stuttgart.
- [7] E. Lindner (1990). *Toxikologie der Nahrungsmittel*, Georg Thieme Verlag, Stuttgart.
- [8] KWS-Anbauplaner Sorghum, Broschüre der KWS Austria Saat GmbH, Wien.
- [9] G. B. Masefield et al. (1973). *The Oxford Book of Food Plants*, Oxford University Press, London.
- [10] Gentechnisch veränderte Hirse, <https://www.transgen.de/datenbank/pflanzen/2150.hirse-sorghum.html> (abgerufen am 20.03.2021).
- [11] S. Mathur et al. (2017). Sweet sorghum as biofuel feedstock: recent advances and available resources, *Biotechnol. Biofuels.* 10, 146, <https://doi.org/10.1186/s13068-017-0834-9>.
- [12] Food and Agriculture Organization of the United Nations, Statistics (2021). <http://www.fao.org/faostat/en>
- [13] D. Siritunga et al. (2007). Transgenic Approaches for Cyanogen Reduction in Cassava. *J. AOAC International.* 90 (5), 1450–1455.
- [14] K. T. Li et al. (2015). Increased bioavailable vitamin B6 in field-grown transgenic cassava for dietary sufficiency. *Nat. Biotechnol.* 33, 1029–1032, <https://doi.org/10.1038/nbt.3318>.
- [15] F.-X. Reichl (1997). *Taschenatlas der Toxikologie*, Georg Thieme Verlag Stuttgart.

Zum Weiterlesen

<https://www.transgen.de/datenbank/pflanzen/2150.hirse-sorghum.html>
<https://www.laves.niedersachsen.de/startseite/lebensmittel/lebensmittelgruppen/susswaren/wie-unterscheiden-sich-marzipan-und-persipan-73034.html>

Verfasst von:



Susanne Bickel studierte Biologie und Chemie an der Universität Hannover. Für ihre Dissertation in der Photosyntheseforschung an der Tierärztlichen Hochschule Hannover erhielt sie 1981 den Heinz-Maier-Leibnitz-Preis. 1983 wechselte sie in das Institut für Biochemie der Pflanzen an die Universität Düsseldorf und wurde dort 1989 habilitiert; sie besitzt die Lehrbefugnis für das Fach Botanik. Frau Bickel war seit 1996 außerplanmäßige Professorin an der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf in der Biochemie der Pflanzen und in der Fachdidaktik der Biologie. Sie leitete unter anderem mehrere Jahre stellvertretend das botanische Institut der Universität Hannover. Seit 2015 ist Frau Bickel im Ruhestand. Sie war 12 Jahre Vorsitzende des Landesverbands NRW im VBIO und vier Jahre Sprecherin der Landesverbände im Präsidium des VBIO. Ende 2019 hat sie den Vorsitz abgegeben und ist seither noch stellvertretend im Vorstand des Landesverbandes NRW tätig.

Korrespondenz:

Prof. i. R. Dr. Susanne Bickel
Eichenwand 5
40627 Düsseldorf
E-Mail: bickel@uni-duesseldorf.de



Biologisch-technische Analogien rund um das Meer

Maritime Funktionsmorphologie

WOLFGANG HASENPUSCH

Das Meer mit seinen Lebewesen, Gezeiten und Gestaden steckt immer noch voller Geheimnisse. Wer des Tauchens oder Schnorchelns mächtig ist und sich eine gewisse Erfahrung angeeignet hat, wird des Staunens nicht müde. Vieles lässt sich in Fotos und Filmen festhalten. Aber noch mehr gibt zu Fragen und Untersuchungen Anlass. Warum sind Fische und Meerespflanzen so gebaut? Wie hat die Evolution zu ihrem gegenwärtigen Verhalten geführt? Welche Baupläne, Mechanismen, Optimierungsprozesse und vor allem Funktionen liegen diesen Geschöpfen und den Einzelementen, aus denen sie zusammengesetzt sind, zugrunde? Das sind Fragen der Funktionellen Morphologie. Unweigerlich drängt sich dabei der Vergleich mit der Technik auf. Die Disziplin, die biologische den technischen Konstruktionen vergleichend gegenüberstellt und nach Analogien sucht, heißt Technische Biologie. Nicht selten kann man ein biologisches Element erst im Vergleich mit solchen technischen Analogien richtig verstehen. Wer mit seinen Vergleichen schon so weit vorgedrungen ist, grübelt vielleicht auch über die technische Nutzbarkeit dieser Naturfunktionen. Damit betritt er das Feld der Bionik, der Umsetzung biologischer Erkenntnisse in die technische Anwendung. Dieser Beitrag befasst sich mit funktionell-anatomischen Beschreibungen und technisch-biologischen Gegenüberstellungen maritimer Organismen. Mit dem letzten Beispiel für Brech- und Mahlwerkzeuge wird auch eine bionische Übertragungsmöglichkeit skizziert.

Schon in der griechischen Antike beschäftigten sich besonders die Philosophen mit den Funktionen der Natur. So ist von dem griechischen Universalgelehrten und Lehrer Alexanders des Großen – Aristoteles (384–322 v. Chr.) – überliefert, wie intensiv er sich mit der Natur auseinandersetzte. Seiner Gedankenvielfalt entstammen eigene Disziplinen sowie maßgeblich von ihm beeinflusste Gebiete der Wissenschaftstheorie, Naturphilosophie, Logik, Biologie, Physik, Metaphysik, Ethik, Staatstheorie und Dichtungstheorie [1]. Die „Lanterne“ der Seeigel, mit der er sich näher beschäftigte, soll später Gegenstand eingehenderer Erörterung sein.

Der Schritt zum nächsten Universalgelehrten, der sich mit technisch-biologischen Gedanken befasste und sie sogar umsetzte, ist ein großer. Er führt zu Leonardo da Vinci (1452–1519), dem italienischen Maler, Bildhauer, Architekten, Anatomen, Mechaniker, Ingenieur und Naturphilosophen [2]. Da Vinci studierte beispielsweise den Vogelflug, wenn die großen Meeresvögel in die von Wein- und Olivenfeldern geprägte toskanische Landschaft seiner Heimat flogen, und skizzierte entsprechende Fluggeräte auf dem Papier. Eine bionische Übertragung hin zur Konstruktion tatsächlich sicher durch die Luft gleitender Fluggeräte, und damit ein bionischer Ansatz, gelang ihm jedoch nicht. Es sollte dem deutschen Luftfahrtingenieur Otto Lilienthal (1848–1896) vorbehalten bleiben, wiederholt einigermaßen stabile Gleitflüge durchgeführt zu haben. Sie bereiteten seinem Leben jedoch auch ein frühes Ende [3]. In seinen Aphorismen folgerte Leonardo: „Nie wird der menschliche Geist eine Erfindung machen, die schöner, leichter und kürzer wäre als die Natur“ [4]. Nicht unerwähnt bleiben soll Leonardos Idee eines pyramidenförmigen Fallschirms, die er den Flugstamen der Pflanzen abgesehen hatte. Nachdem die Funk-

tionsfähigkeit dieses Fallschirms angezweifelt wurde, testeten der britische Fallschirmspringer Adrian Nicholas (1962–2005) und sein Team gut 500 Jahre später im Jahr 2000 den Pyramidenfallschirm aus 3.000 Meter Höhe erfolgreich [5].

Aus zahlreichen Schleppversuchen mit unterschiedlich ausgebildeten Formkörpern zur optimalen Ausgestaltung von Schiffskörpern entwickelte der US-amerikanische Schiffbauingenieur und Konteradmiral David Watson Taylor (1864–1940) vor dem 1. Weltkrieg den Wulst- oder „Taylor-Bug“ [6]. Die beiden Schnell dampfer „Bremen“ (1929) und „Europa“ (1928) waren die ersten größeren, mit einem Wulstbug ausgestatteten Schiffe. Heute fahren fast alle größeren Frachter mit einem Wulstbug über

die Meere. Anregungen für diesen Bug hatten sich die Ingenieure bei den Delfinen geholt. Auch sie haben vorne an der Nase eine Verdickung. Alle Schiffe schieben eine Bugwelle vor sich her. Das kostet Energie. Sinn und Zweck dieses besonders geformten Bugs ist das Verschieben des Wellenbildes. Der Wulstbug baut also eine eigene Welle auf und verschiebt damit das Wellenbild des Schiffes. Die typische Bugwelle verschwindet fast ganz, und der Wasserwiderstand verringert sich um bis zu 10 Prozent. Was ein Wulstbug bringen kann, lässt sich in der Theorie berechnen: Nehmen wir an, ein Schiff soll 7000 Kilometer zurücklegen. Ein Schiff mit der Spitzbugvariante braucht dafür 16 Tage und 1000 Tonnen Dieseltreibstoff. Die Variante mit Wulstbug ist bereits nach sieben Tagen am Ziel und benötigt dabei nur 700 Tonnen Treibstoff. Die „Nase“ macht eben den Unterschied [7]. Seit den 1950er Jahren hat sich das Verfahren der Gegenüberstellung von Natur und Technik, Basis für nicht triviale bionische Übertragungen, konsequent weiterentwickelt [8].

Biologische Optimierungen im Meer

Entsprechend der Größe der Ozeane auf unserem Planeten Erde, die in der Oberflächenrelation gegenüber dem Land mit 71:29 deutlich überwiegt, haben sich auch die Vielfalt der Arten sowie ihre stoffliche Zusammensetzung, Mechanismen und Strategien im Laufe der Millionen Jahre optimiert. Noch heute sind viele Lebensweisen von Tieren und Pflanzen von den Gestaden der Meere bis hinunter in die Tiefsee unaufgeklärt. Wir wissen, dass die Zähne der Haie (Abbildung 1) durch die Struktur des Fluorapatits, $\text{Ca}_5(\text{PO}_4)_3\text{F}$, deutlich stabiler sind als unsere eigenen aus Hydroxy- und Carbonatapatit, denn unsere Zähne benötigen aufwendige Pflege und professionelle Unterstützung. Wir kennen zwar die Struktur der Walfette, -öle und -wachse, können uns aber immer noch keinen schlüssigen Reim darauf machen, wie Pottwale bis zu 3.000 m in die Tiefe tauchen können, dort mit Riesenkalmaren kämpfen, um dann als Säugetiere eine halbe Stunde später wieder zum Atmen auftauchen zu müssen.

Weltweite Recherchen ergaben, dass insbesondere China in der „Biologischen Maritimen Technik“ große Potenziale sieht [9]. Da der Begriff „Maritim“ (zum Meer gehörend) umfassender ist als „Marin“ (Bionik von Meereslebewesen), müssen sich solche Überlegungen nicht ausschließlich auf die biologischen Wesen in den Meeren beziehen, sondern können auch ihre Produkte wie Korallenstöcke oder Hinterlassenschaften wie Guano einschließen. An der Universität Siegen haben wir uns mit den Seeigelstacheln, die an einigen Stellen zu Tausenden den Meeresboden bedecken, den Kauwerkzeugen der Seeigel sowie den Zähnen der Papageifische genauer auseinandergesetzt, um auf technische Anwendungsmöglichkeiten zu stoßen. Weitere Objekte aus dem Meer, bei denen wir ein Anregungspotenzial für technische Umsetzungen sehen, sollen kurz vorgestellt werden.

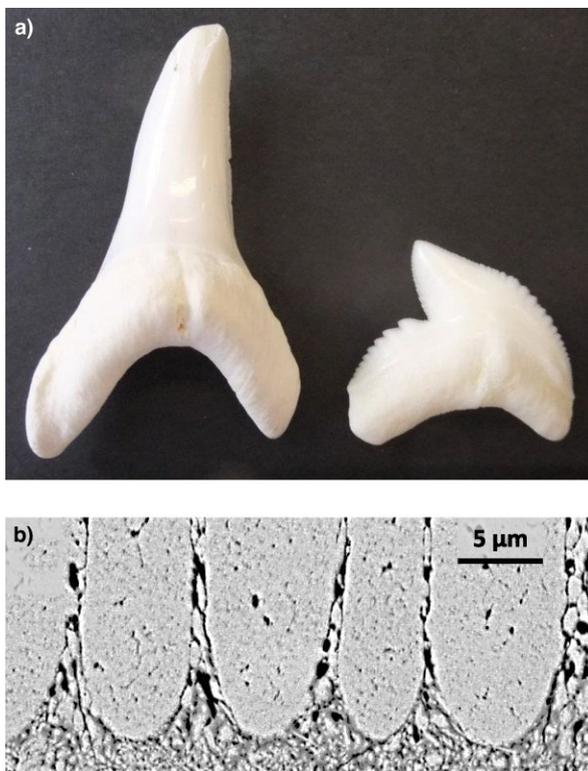


ABB. 1 Zähne von a) Mako- (links) und Tigerhai (rechts) sowie c) ovale Fluorapatitbündel in ihrem Zahnschmelz. Fotos: Universität Duisburg-Essen.

IN KÜRZE

- Die Funktionsmorphologie der Meeresbewohner offenbart interessante **Strukturen und Bauweisen**, die zu technischen Umsetzungen anregen.
- Gute Beispiele hierfür sind unter anderem die **spezi-fischen Anpassungen** der Zähne von Haifischen und Papageifischen, der Stacheln von Diadema- und Griffel-seeigeln sowie die Besonderheiten der Atmung von Walen.

Anpassungen und mögliche Anwendungen von Seeigelstacheln

Besonders in Badebereichen südlicher Gefilde sind an den Badestränden und Korallenriffen vor den Touristenhotels zahlreiche langstachelige, schwarze Seeigel der Gattung *Diadema* anzutreffen (Abbildung 2). Diese für Badegäste, Schnorchler und selbst Gerätetaucher gefährlichen Bewohner flacher Gestade haben schon manchem arglosen Touristen mit ihren bis zu 30 cm langen Stacheln den Urlaub verdorben. *Diadema*-Seeigel leben an den Küsten des tropischen Indopazifiks, des Roten Meeres und des tropischen Atlantiks bis in Tiefen von 30 Metern. Im sonnendurchfluteten klaren Meerwasser drängen sie sich zum Schutz vor Fressfeinden dicht aneinander, so dass sich ganze „Stachelteppiche“ ausbilden. In der Nacht werden die Tiere aktiv und weiden mit ihrem fünfzähligen Kauwerkzeug Algen von Steinen und Korallen ab. Schaut man sich unter dem Rasterelektronenmikroskop (REM) die Struktur der Stacheln genauer an, so ist ein faszinierender Aufbau mit vor allem folgenden Details zu erkennen [10]:

- 24-zählige achsensymmetrische Stachelstruktur (Abbildung 3a)
- Leichtbauweise aus Calciumcarbonat (Calcit, CaCO_3) mit einem von Löchern durchzogenen Zentralrohr (Abbildung 3b)
- zahlreiche Widerhakenreihen in Richtung der Stachelachse an den 24 Außenlamellen (Abbildung 3c, d).

Zweifellos dienen die mit Widerhaken besetzten Stacheln der Abwehr von Fraßfeinden. Von einem Designer hätten sie nicht vollkommener konstruiert werden sein können. Aber warum hat die Evolution den Seeigeln nicht rundere, glatte Stacheln „verpasst“? Eine Antwort könnte in der Minimierung des Widerstands in der Strömung sein, die den Tieren besonders an Ufernähe durch die hin und her bewegende Dünnung zu schaffen macht. Hält man zwei gleiche Stäbe, glatt und in Längsrichtung gefurcht, in ein strömendes Wasser, so lassen sich drei Effekte beobachten (Abbildung 4):

1. Die Bugwelle vor dem gefurchten Stab fällt deutlich niedriger aus.
2. Die Wirbel hinter dem gefurchten Stab sind kaum erkennbar.
3. Statt der größeren Bugwelle zerteilt sie sich beim gefurchten Stab in mehrere kleinere Wellen.

Das der Strömungswiderstand mit gefurchten Stäben deutlich geringer ist, lässt sich sehr effizient an einem Taucherschnorchel ausprobieren und messen. Mittels einer Federwaage zeigt sich, dass ein gefurchter Schnorchel mit der halben Kraft durch das Wasser zu ziehen ist. Selbst beim schnellen Flossenschwimmen unter Wasser ist deutlich am Kopf zu spüren, dass der gefurchte Schnorchel weniger Widerstand leistet. Dieses Prinzip der Widerstandsminimierung durch gefurchte Rundungen lässt sich an vie-

len Einrichtungen einsetzen, von Brückenpfeilern in Flüssen, zu Bojen bis hin zu Schuten und U-Bootrohren.

Bei Griffelseeigeln (*Heterocentrotus mammillatus*, Abbildung 5), die ebenfalls im flachen, strömungsreichen Wasser tropischer Gewässer leben, ist eine andere, robu-



ABB. 2 Seeigel *Diadema setosum*. Einzelexemplar vor der Küste auf sandigem Untergrund. Foto: Michael Wolf.

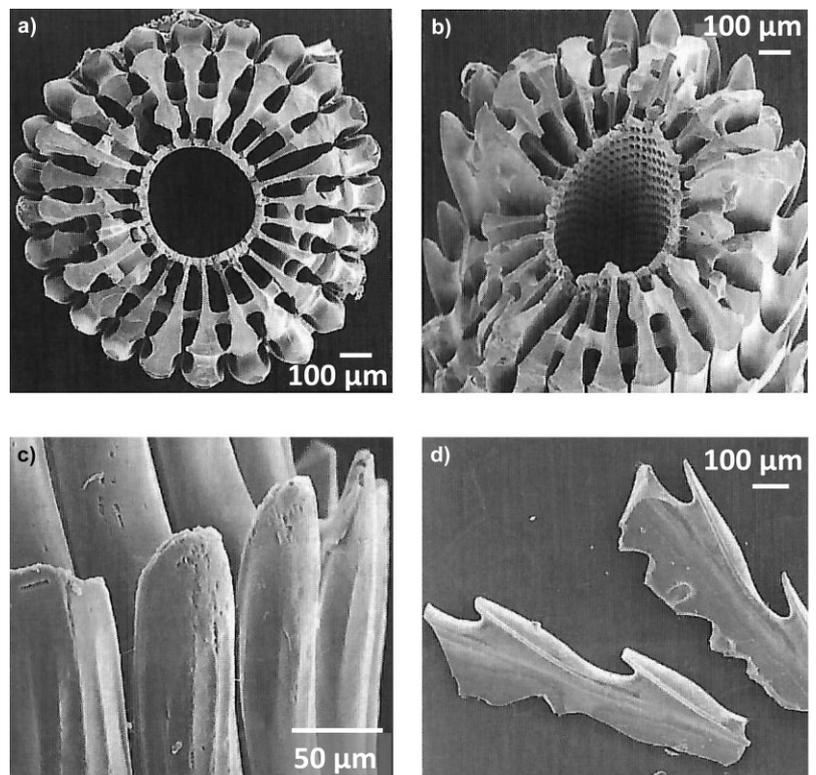
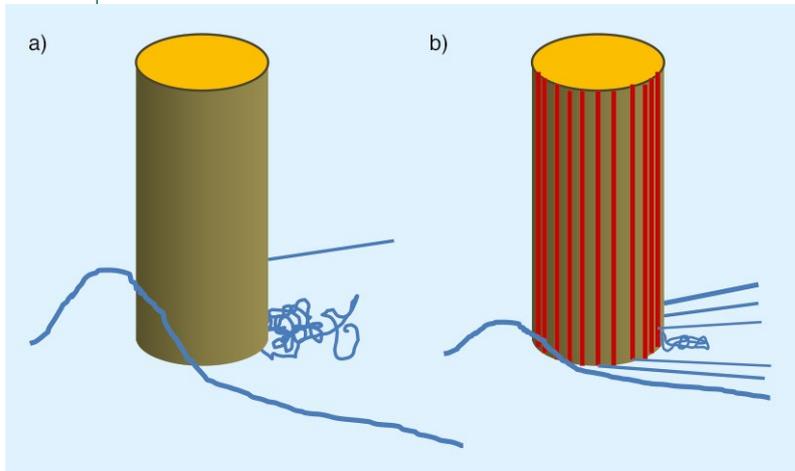


ABB. 3 Die Stacheln des Seeigels *Diadema setosum* im Rasterelektronenmikroskop (REM). a) Querschnitt, b) Bruchfläche, c) Widerhakenlamellen, d) Detailaufnahme der Widerhaken an den Lamellen. Fotos: Hayo Everts.

ABB. 4 | VERRINGERUNG DES ANSTRÖMWERSTANDS



An gerillten Säulen (b) ist der Anströmwiderstand geringer als an glatten Säulen (a). Der geringere Widerstand ist an der niedrigeren Bugwelle erkennbar.



ABB. 5 Die kräftigen Primärstacheln der Griffelseeigel (*Heterocentrotus mammillatus*). Foto: Nick Hobgood.

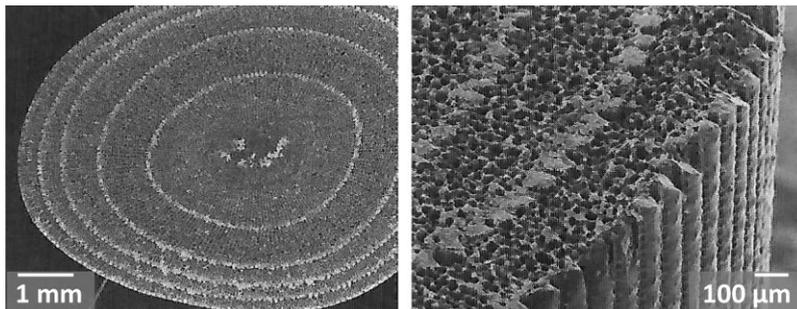


ABB. 6 Schnitt durch einen Stachel des Griffelseeigel (REM). Rechts ist eine Detailansicht gezeigt. Fotos: Hayo Everts.

tere Stachelstruktur zu beobachten (Abbildung 6). Im Querschnitt zeigt sich ein dreidimensionales, schwammartiges Calcitnetzwerk, das dem Material technischer HPLC-Chromatographiesäulen aus aromatischen Kunststoffen ähnelt (Abbildung 7), gestützt von konzentrischen Verstärkungsröhren. Es wäre also durchaus möglich, die Griffelseeigelstacheln nicht nur der Bijouterie-Industrie vorzubehalten, sondern auch als Säulenmaterial in der Chromatographie zu nutzen. Interessant ist ferner, dass die Stabilisierungsrohre der Griffel, die im Querschnitt als konzentrische Ringe erscheinen, im mathematischen Verhältnis der Wurzeln aus 1, 2, 3 u. s. w. erscheinen. Das bedeutet, dass sie ein konzentrisches Rohrbündel mit identischen Volumina im Zentralrohr und zwischen den Rohren aufweisen [11]. Nach diesem Prinzip ließen sich Chromatographiesäulen größerer Durchmesser konstruieren, ohne ein „Durchsacken“ der getrennten Säulenschichten zu befürchten. Ferner wären Anwendungen bei Rohrreaktoren, Wärmetauschern oder Gasleitungen verschiedener Gase vorstellbar.

Kauwerkzeuge als technische Vorbilder

Der Mechanismus, mit dem die Seeigel auf den Steinen und Korallen weiden, faszinierte bereits Aristoteles (384–322 v. Chr.). Aufgrund seiner Beschreibungen ging das fünfzählige Kauwerkzeug der Seeigel als „Lanterne des Aristoteles“ in die Geschichte ein. Auf fünf Schienen schieben sich die fünf T-förmigen, säbelartig gebogenen Zähne aus Calcit (CaCO_3) mit etwas Magnesiumcarbonat (MgCO_3) zur Härtung konzentrisch mit den Spitzen zusammen. Eine konzentrische fünfgliedrige Zange wäre aber auch bei der Anwendung von chirurgischen Endoskopen von Vorteil, da sich diese Greifer nur nach vorne bewegen und nicht ausladend wie zwei Baggerschaufeln. Staunen erregt auch die Finesse, mit der die Evolution die an sich relativ weichen Kalkzähne noch verstärkt hat, nämlich nach dem Prinzip der Damaszenerschwerter. Die Zähne bestehen zur Verstärkung aus feinen Schichten und Fasern, wie REM-Aufnahmen zeigen [12] (Abbildung 8). Den geschichteten Stahl hatten die Waffenschmiede vor über 2000 Jahren in Damaskus unabhängig von den Vorbildern in der Natur erfunden. Heute können wir manche Geheimnisse der Geschöpfe mit der modernen Mikroskopie eher erkennen und kreativ umsetzen.

Von den Papageifischen (Scarinae) gibt es zehn Gattungen mit etwa 100 Arten. Die Farbmuster der Geschlechter innerhalb einer Art sind so unterschiedlich, dass Forscher lange Zeit in der Artenzuordnung irritiert waren. Papageifische bewohnen in großen Gruppen ausschließlich tropische Meere und leben als „Weidegänger“ an Korallenriffen [13]. Ihr augenfälligstes Merkmal sind die zu einem Schnabel verwachsenen Kieferzähne (Abbildung 9). Die kalottenförmigen Weidezähne sind in Reihen angeordnet. Ihre Nahrung, die aus Pflanzen und Korallen besteht, mahlen die „Meerespapageien“ zwischen dem oberen und unteren Schlundkiefer zu einem feinen Korall-

lensand. Sporttaucher hören deutlich die Mahlgeräusche dieser Fische, und ab und an entlassen sie aus ihrem After eine Wolke aus fein zerkautem Korallensand. Diese Papageifischzahnreihen könnten, umgesetzt auf Trommeln, auch als Brech- oder Mahlwerkzeuge beispielsweise in Steinbrüchen ihren Einsatz finden. Die Mahlköpfe wären robust und leicht zu reinigen (Abbildung 10).

Die Pflanzen und Tiere der Meere und Seen sind ein unübersehbarer Fundus für die Entdeckung artspezifischer Mechanismen, die ihre bestimmte, im Verlauf der Evolution optimierte Funktion und Zielrichtung haben. Allein bei Meeresschnecken und Muscheln können wir Wunderwerke von Schließmechanismen entdecken: So erfolgt beispielsweise durch Variation der CaCO_3 -Modifikationen Calcit und Aragonit über orientiertes Aufwachsen auf bestimmten Eiweißbausteinen der Strukturaufbau statischer Stabilisierungselemente.

Von Sauerstoffspeicherung bis Biosynthese

Pottwale tauchen über tausend Meter tief, um ihre Beute, die Riesenkalmare, zu jagen. Wie speichern die Wale den Sauerstoff nach dem Einatmen an der Wasseroberfläche, wenn sie eine halbe Stunde oder länger in die Tiefe gleiten und sich dabei auch noch anstrengen? Es gibt viele Hypothesen. Aber alle müssen die Voraussetzung erfüllen, dass der Sauerstoff nicht als Gas, sondern chemisch rasch gebunden wird, denn mit einem „Gasballon“ schaffen sie es nicht, in die Tiefe zu tauchen. Der Gasdruck würde auf über 100 bar anwachsen und sich beim raschen Auftauchen zu stark ausdehnen und ein Platzen der Lungen bewirken. Eine Möglichkeit der Dichteerhöhung, um leichter abtauchen zu können, wäre die chemische Bindung des Sauerstoffs an zwei Kohlenstoffatome von Kohlenwasserstoffen im Fettgewebe. Enzyme, die solche Bindungen vermitteln könnten, sind beispielsweise Epoxygenasen. Die gebildeten Epoxide mit C-O-C-Dreieck-Strukturen haben eine wesentlich höhere Dichte als Wasser, während die nach dem Sauerstoffverbrauch entstehenden Moleküle mit Doppelbindung zwischen den Kohlenstoffatomen eine geringere Dichte als Wasser aufweisen und somit den Auftrieb der Wale wieder an die Wasseroberfläche erleichtern könnten. Eine derartige enzymatisch vermittelte Bindung von Sauerstoff über zwei Bindungen an Kohlenwasserstoffe würde eine Menge von technischen Anwendungen ermöglichen wie beispielsweise Epoxid- und Glykolsynthesen.

Haie verfügen in ihrer Leber über einen Kohlenwasserstoff mit gleich sechs Doppelbindungen, dem Squalen, $\text{C}_{30}\text{H}_{50}$. Auch sie können bis in Tiefen von 3000 Metern vordringen. Allerdings separieren sie den gelösten Sauerstoff aus dem Meerwasser. Erstaunlich bleibt das Tieftauchen der Oktopoden (Kraken, Sepien, Kalmare, Nautilus) bis in Tiefen von mehr als 1000 Meter mit ihren Luftkammern, z. B. dem „Sepienschulp“ (Abbildung 11). Diese kompressionsstabilen Auftriebskörper mit Steglamellen von nur 10 Mikrometer Dicke bestehen hauptsächlich aus

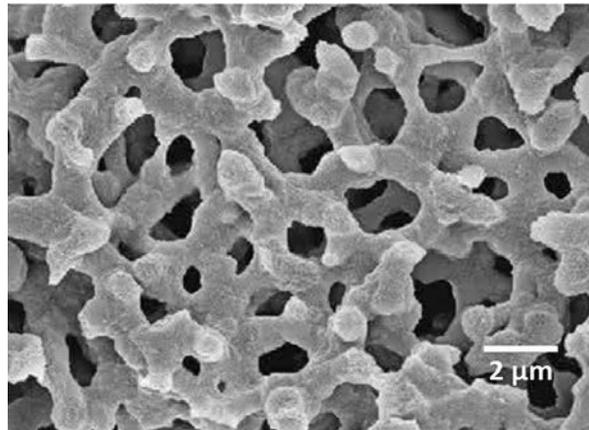


ABB. 7 Querschnitt durch eine monolithische HPLC-(High Performance Liquid Chromatography)-Säule. Foto: LABO.

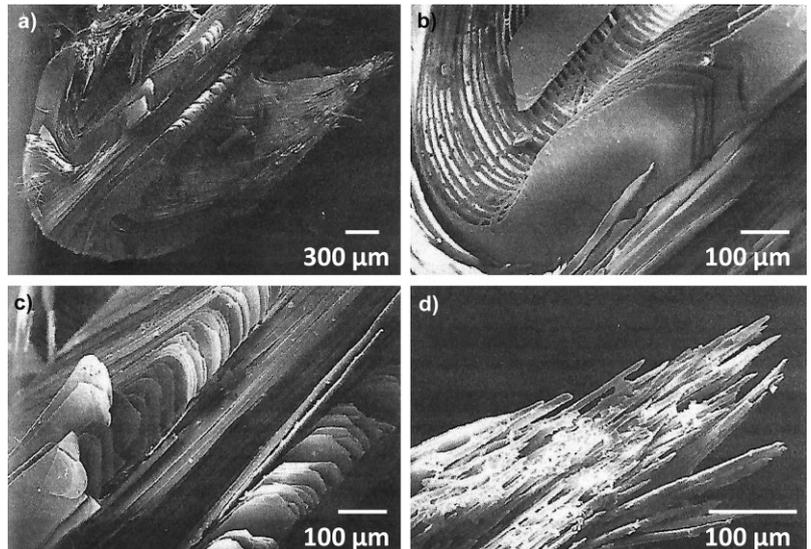
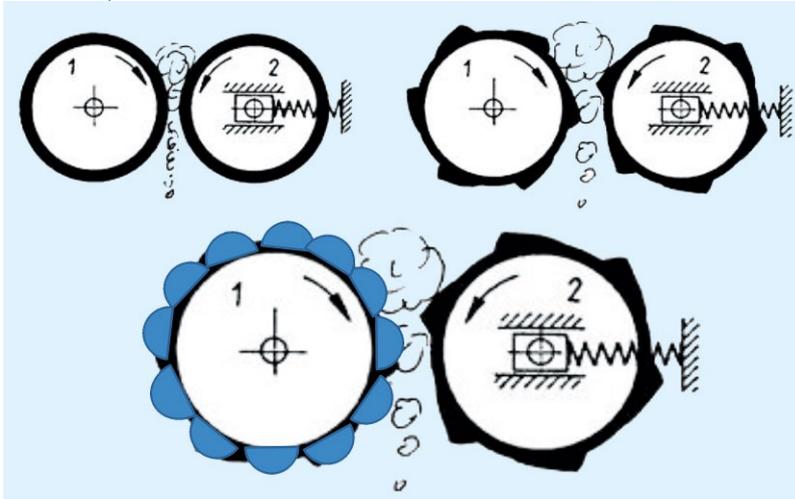


ABB. 8 Details eines Zahns von *Diadema setosum*. Foto: T. Zaiß.



ABB. 9 Papageifisch mit kalottenförmiger Zahnstruktur zum Zermahlen der Korallen. Der Ausschnitt zeigt eine Vergrößerung der Kiefer mit den Kalottenzähnen. Fotos: Jaroslaw Barski, Darrell Mann (Inset).

ABB. 10 | MÖGLICHE ANWENDUNG VON KALOTTENZÄHNEN



Herkömmliche Mahlwalzen (oben) und Kalottenwalzenbrecher (unten) zum Zerkleinern von Gestein. Die Kalotten sind blau gefärbt.

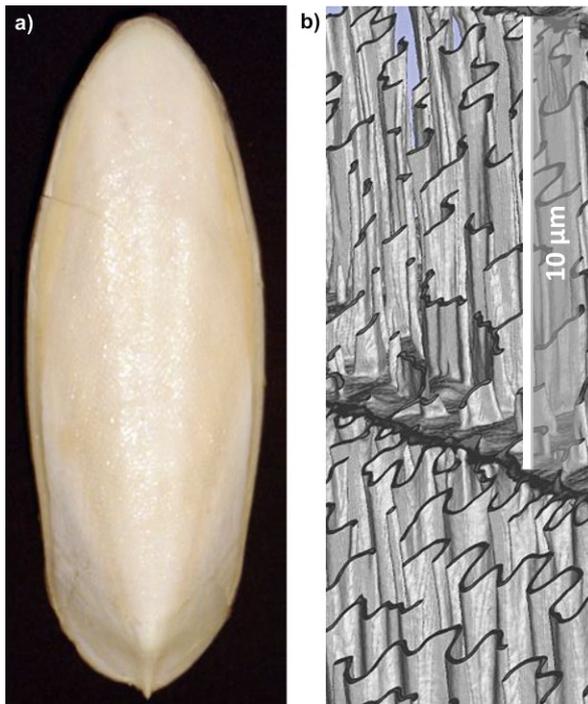


ABB. 11 Schulpe einer Sepia. Rechts ist ein vergrößertes Querschnittsegment dargestellt. Auffällig sind die extrem platzsparenden gewinkelten Kalksäulen zwischen den Schichten.



ABB. 12 Die Streifenruderschlange (*Hydrophis cyanocinctus*) ist eine sehr giftige Seeschlange. Foto: Jon Hanson.

der Calciumcarbonatmodifikation Aragonit. Großen Respekt bei anderen Meeresbewohnern genießen die gefährlichen, schwarz-weiß gestreiften Seeschlangen (*Hydrophis cyanocinctus*, Abbildung 12) aufgrund ihres Giftes. Vielleicht ließen sich mit schwarz-weiß gestreiften Leinen auch gefährliche Raubfische in die Flucht schlagen.

Eine schier unerschöpfliche Quelle hält die maritime Welt an Vorbildern für Medikamente bereit; Tiere und Pflanzen können außerdem Metall akkumulieren. So gelten Seescheiden (Ascidien) beispielsweise nicht nur als Quelle pharmakologisch wichtiger Substanzen [14], sondern sie reichern auch selektiv Vanadium mit einem enormen Akkumulationsfaktor von 10^7 an [15]. So halten die Ozeane mit ihren Lebewesen, ihren Wasserqualitäten und Strömungen, den Böden mit den „Schwarzen Rauchern“ und „Manganknollen“ noch viele Rätsel bereit, bei deren Lösung auch Vergleiche über die Technische Biologie für technische Umsetzungen und Anwendungen hilfreich sein können.

Das Besondere des Maritimen

Sich durch unsere Berge und Wälder zu bewegen, um auf der Suche nach den Tricks der Natur brauchbare Vorbilder für technische Umsetzungen zu finden, bedeutet schon sehr viel Abenteuerlust und Energie. Dabei bedeckt das Land gerade einmal 29 Prozent der Erdoberfläche. Wir Menschen leben zwischen Meereshöhe und in bergigen Gegenden bis auf wenige Ausnahmen in gerade einmal 1500 Metern Höhe. Die Meere beanspruchen 71 Prozent der Erdoberfläche mit einer Durchschnittstiefe von 3500 Metern. Sporttaucher gelangen mit ihrer Ausrüstung und ihrem Knowhow gerade einmal 40 Meter unter Wasser. Die Erkundung der gesamten Meere aber ist speziellen Tauchbooten und Tauchrobotern vorbehalten. Sie haben schon Erstaunliches an die Wasseroberfläche gebracht, dennoch stehen Tiefseeforschung und Meereskunde erst am Anfang ihrer wissenschaftlichen Entwicklung. So kann auch die maritime Funktionsmorphologie noch lange dazu beitragen, den Fundus dieser Erkenntnisse aus den flachen und tiefen Zonen der Ozeane für neue technische Ideen und Umsetzungen zu erweitern.

Zusammenfassung

Die Meere mit ihren großen Oberflächen und Tiefen haben ihren Bewohnern im Laufe der Evolution zu einer erstaunlichen Fülle spezifischer Funktionsmorphologien verholfen. Das lässt sich an den Beispielen der harten Haifischzähne, den Wasserwiderstand mindernden Seeigelstacheln, kalottenförmigen Papageifischzähnen, den Angst einflößenden giftigen Seeschlangen und den extrem tief tauchenden Walen eindrucksvoll aufzeigen und kann zu entsprechenden technischen Anwendungen anregen.

Summary

Maritime functional morphology

During the course of evolution, conditions in the wide and deep oceans have led to an amazing diversity of functional morphologies in living organisms. That can be impressively demonstrated with some examples: the hard teeth of sharks, the spines of sea urchins which so efficiently reduce water resistance, the tough teeth of Parrot fish with their dome-shaped caps, highly toxic frightening sea snakes and extremely deep diving whales – all of these animals displaying structures and processes that may trigger technical applications.

Schlagworte

Maritime Funktionsmorphologie, Bionik, Haifischzähne, Seeigelstacheln, Seeigelzähne, Sepienschulp.

Literatur

- [1] <https://de.wikipedia.org/wiki/Aristoteles>
- [2] https://de.wikipedia.org/wiki/Leonardo_da_Vinci
- [3] https://de.wikipedia.org/wiki/Otto_Lilienthal
- [4] Leonardo da Vinci: „Die Aphorismen“, ausgewählt und übersetzt von Marianne Schneider, ISBN 3-8296-0097-6.
- [5] https://de.wikipedia.org/wiki/Adrian_Nicholas
- [6] [https://de.wikipedia.org/wiki/Bug_\(Schiffbau\)](https://de.wikipedia.org/wiki/Bug_(Schiffbau))
- [7] <https://www.brueckenbote.de/der-wulstbug/>

- [8] W. Nachtigall (1998). Bionik – Grundlagen und Beispiele für Ingenieure und Naturwissenschaftler, Springer.
- [9] D. Oertel, A. Grunwald (2006). Potenziale und Anwendungsperspektiven der Bionik“, TAB, Arb.-Bericht 108.
- [10] W. Hasenpusch (1994). Die Stacheln des Seeigels, CLB 6, 294–296.
- [11] W. Hasenpusch (2000). Seeigelstachel – Strukturmerkmale und Analysen, Naturw. Rundschau 9., 461–462.
- [12] W. Hasenpusch, T. Zaiß (2001). MIKROKOSMOS 6, 329–332.
- [13] <https://de.wikipedia.org/wiki/Papageifische>
- [14] F. Bracher (1994). Seescheiden (Ascidien) – eine Quelle pharmakologisch aktiver Substanzen, Pharmazie in unserer Zeit, 23/3, 147.
- [15] A. F. Holleman et al. (2007). Lehrbuch der Anorganischen Chemie, 102. Aufl., Walter de Gruyter, Berlin, 1542.

Verfasst von:



Wolfgang Hasenpusch, Jahrgang 1947, Studium und Promotion der Chemie an der Universität Kiel, Industriechemiker bei der Degussa AG, 1999 Honorarprofessur an der Universität Siegen, Dozent und Wissenschaftsjournalist, Schwerpunkte: Metalle, Recycling, Bionik, Arbeitssicherheit und Gesundheitsschutz, Gefahrstoffe.

Korrespondenz:

Prof. Dr. Wolfgang Hasenpusch

Treuener Str. 7

63457 Hanau

E-Mail: wolfgang.hasenpusch@t-online.de

KOMPASS TIERVERSUCHE 2021



Die jährlich vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) veröffentlichte Statistik zu den Versuchstierzahlen liefert ein Meer von Daten über den Einsatz von Tieren in der Forschung. Doch hinter diesen Zahlen- und Prozentwerten steckt mehr als nur ein bloßer Vergleich zum Vorjahr. Wie lassen sich bestimmte Tendenzen bewerten? Welchem Zweck

dienen die Forschungsprojekte und warum wurden hier mehr und dort weniger Tiere für die Forschung verwendet? Diese und andere Fragen und Hintergründe beleuchtet die Initiative Tierversuche verstehen auf 44 Seiten im druckfrischen „Kompass Tierversuche 2021“, der in diesem Jahr erstmals erscheint und die aktuellsten Daten, d. h. für das Jahr 2019, aufbereitet. Er bietet anlässlich des „Internationalen Tages des Versuchstiers“ am 24. April verständlich aufbereitete Zusatzinformationen und Grafiken zu dem Zahlenwerk rund um das Thema Tierversuche in Deutschland und in Europa. Der Kompass Tierversuche richtet sich dabei vor allem an die interessierte Öffentlichkeit, aber auch an die Fachwelt. Die Initiative Tierversuche verstehen will mit dem Kompass Tierversuche einen informativen und lesenswerten Beitrag zur Kommunikation zu einem in der Öffentlichkeit oftmals hitzig diskutierten Thema leisten.

NOVELLE DER BIOSTOFFVERORDNUNG – SARS-COV-2-DIAGNOSTIK AB OKTOBER ANZEIGEPFLICHTIG

Zum 1. Oktober soll eine Änderung der Biostoffverordnung (BioStoffV) in Kraft treten, die die Umsetzung der Richtlinie (EU) 2020/739 (Aufnahme von SARS-CoV-2 in die Liste der biologischen Arbeitsstoffe) sicherstellt (Bundesratsdrucksache 400/21). Dabei konnte verhindert werden, dass jegliche Arbeitnehmer, die mit SARS-CoV-2 in Berührung kommen könnten (Busfahrer, Kassenpersonal) einem eigenen Biostoffregime unterworfen wurden. Grundsätzlich gilt aber die Verordnung zukünftig auch dem Schutz von Beschäftigten, die selbst keine Tätigkeiten mit Biostoffen ausüben, aber durch solche gefährdet werden können, weil sie in einem entsprechenden Arbeitsbereich tätig sind. Besonders wichtig ist die Neuerung, dass die

erstmalige Aufnahme nicht gezielter Tätigkeiten in der Schutzstufe 2 mit Biostoffen der Risikogruppe 3 einschließlich 3** jetzt den Überwachungsbehörden angezeigt werden muss, wenn die Tätigkeiten regelmäßig durchgeführt werden sollen. Dies gilt z. B. für Labordiagnostik von SARS-CoV-2 in Testzentren, jedoch nicht für den freiwilligen Selbsttest z. B. im eigenen Betrieb. Wie zu erwarten wurden außerdem die Ordnungswidrigkeitstatbestände weiter präzisiert, sprich verschärft, so dass alle sich im Herbst mit der neuen BioStoffV und den nachgelagerten Technischen Regeln (TRBA) vertraut machen sollten.



Alles über mikrobielle Kompartimente erfahren Sie in „Mikroben verstehen“, BiUZ 2/21.

MIKROBEN VERSTEHEN

Mikrobielle Organellen

Kompartimente sind räumlich (dynamisch) abgegrenzte subzelluläre Volumina, Organellen dagegen komplexe subzelluläre Strukturen mit spezifischen Funktionen. Mit diesem Verständnis wird ersichtlich, dass auch Mikrobzellen kompartimentiert sind und Organellen besitzen, denn es müssen dabei nicht unbedingt intrazelluläre Membranen beteiligt sein [1]. Es stellt sich heraus, dass subzelluläre Abgrenzung und Integration verschiedener Makromoleküle und Einzelreaktionen zu komplexen Strukturen generelle biologische Erscheinungen in pro- und eukaryotischen Zellen sind.

Organellen vereinen verschiedene Reaktionen und Makromoleküle zu neuen Funktionseinheiten. Sie zeigen ein morphologisch meist typisches Erscheinungsbild, müssen

aber nach dem erweiterten Organellenbegriff keine vorgegebene Zusammensetzung oder Größe erfüllen (Tabelle). Die Obergrenze wird durch die Zellgröße bestimmt, extrazelluläre Organellenteile können die Ausdehnung des Zellkörpers dabei durchaus überschreiten. Ein prominentes Beispiel ist das Bewegungsorganell von Archaeen und Bakterien, dessen Flagellenfilament wesentlich länger als die Zelle selbst ausfällt. Die minimale Größe und Ausstattung (mikrobieller) Organellen ist bislang unbestimmt. (Für eine kurze Übersicht zum Organellenbegriff siehe [2]).

Vom Enzym zum Organell

Die Grenze zwischen oligomeren Proteinkomplexen, die reine Enzyme darstellen, und Makromolekülaggregaten, die als Organellen aufgefasst werden können, ist unscharf und fließend. Es besteht aber ein gewisser Konsens, Ribosomen als membranfreie Organellen einzuordnen. Sie bestehen aus mehreren Untereinheiten (30S, 50S in Bakterien), diese aus insgesamt drei RNA-Molekülen und über 50 Proteinen sowie funktionell assoziierten Faktoren. Daraus ließen sich Kriterien ableiten, die zur Definition von Organellen dienlich sind (Größe, Molekulargewicht, Zusammensetzung, Genclustergröße, Funktionsumfang, Regulation).

So ist eine Komponente der Glykolysekette, z. B. die Hexokinase, begrifflich nur ein Enzym. Ein Aggregat (fast) aller Komponenten wäre aber wohl als Organell anzusehen.

Eine Übergangsform stellt der Pyruvat-Dehydrogenase-Komplex dar, in dem drei verschiedene Enzyme zu einem geordneten, aus 60 (in Bacilli und Eukaryoten aus ≥ 102) Proteinkomplexen bestehenden Superkomplex vereint sind [3]. Die Polyketidsynthese in Streptomyceten und anderen Antibiotika produzierenden, immobilen Bakterien vollzieht sich in einem komplizierten Ablauf zahlreicher Reaktionen und wird von verschiedenen, aneinander gekoppelten Enzymkomplexen (Modulen) geleistet [4]. Die Struktur des kompletten Aggregats ist noch nicht aufgeklärt, bislang kennt man die Struktur einzelner Module. Die räumliche Kombination vieler, geordnet ablaufender Reaktionsschritte weist das multimodulare Enzymaggregat zumindest auf der Schwelle zum mikrobiellen Organell aus. Es hat sich in der Literatur eingebürgert, solche und ähnliche multifunktionellen Makromolekülkomplexe auch als „molekulare Maschinen“ zu bezeichnen. Sie charakterisieren möglicherweise den Grenzbereich zu Organellen; dies soll hier aber nicht weiter vertieft werden. Letztlich kommt es auch nicht auf die Bezeichnung und die damit verbundene Konsequenz an, ob Mikroben nun mehr oder weniger Organellen aufzuweisen haben, sondern auf die auch bei Prokaryoten wirkende evolutionäre Tendenz, Enzyme eines Reaktionskomplexes lokal und organisatorisch zu bündeln, dadurch die Effizienz der Gesamtfunktion zu steigern und gegebenenfalls auch durch Kompartimentierung abzusondern, wie es z. B. bei Carboxysomen, den Organellen CO_2 -fixierender Mikroben, verwirklicht ist (Tabelle).

Vom Organell zu neuen Funktionen

Aus verschiedenen, z. T. aus zahlreichen, Komponenten zusammengesetzte Organellen zeigen mitunter neue Eigenschaften, die über die einfache Summe der Funktionen ihrer Bestandteile hinausgehen. Dies trifft u. a. für das mikrobielle

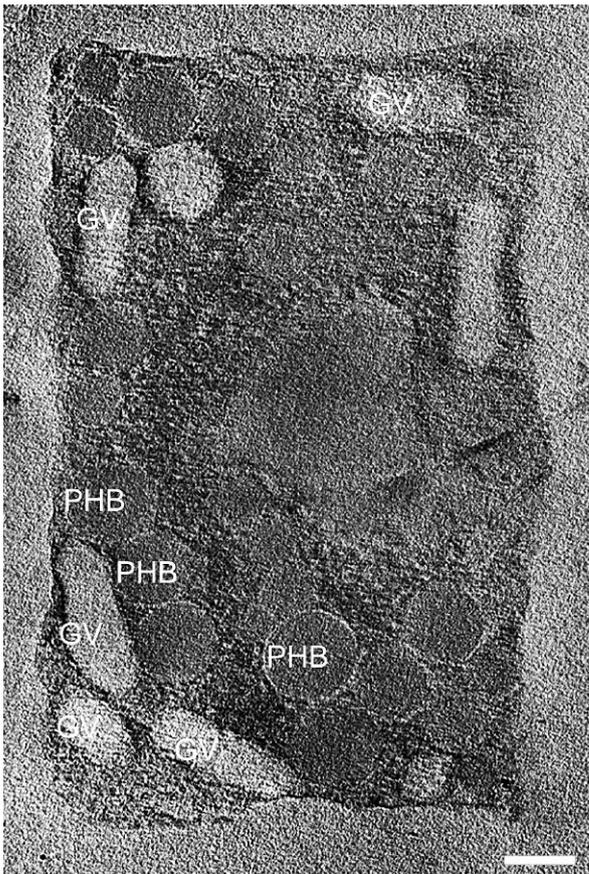


ABB. 1 Blick in einen Zellausschnitt des Archaeons *Haloquadratum walsbyi* mittels Kryoelektronentomographie. Einige der Zellorganellen sind markiert: die von einer Proteinschicht umgebenen Polyhydroxybutyrat-Speicherpartikel (PHB) und die mit Umgebungsgas gefüllten Gasvesikel (GV). Der Maßstab entspricht 0,2 μm .
Abbildung geändert aus Zenke et al. (2015), <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2015.00249>, gemäß CC-BY 4.0, <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>.

TAB 1. BEISPIELE FÜR MIKROBIELLE KOMPARTIMENTE UND ORGANELLEN

Kompartimente/Organeln	morphologische Eigenschaften	funktionelle Eigenschaften	Vorkommen/Beispiele
Mit Beteiligung von Lipidmembranen			
Cytoplasma	Begrenzung: innere Membran	multifunktionell	ubiquitär (alle Mikroben)
periplasmatischer Raum	Begrenzung: innere Membran und äußere Membran oder Peptidoglycan oder S-Layer	multifunktionell	ubiquitär
Zellmembranen	Kompartiment für Membranproteine	multifunktionell (spezifische Funktion)	ubiquitär (alle Mikroben) (Phototrophe / Nitratbakterien)
Lipidrafts	zweidimensional begrenzte Membranareale	Trennung verschiedener Membranproteine	ubiquitär (?) <i>E. coli</i> / <i>B. subtilis</i>
Magnetosomen	Membranvesikel Vesikelkette	Magnetitbildung zur Magnetfeldsensorik	magnetotaktische Proteobakterien
Acidocalcisomen	Membranvesikel	Ca ²⁺ /Polyphosph.-Speicher	verbreitet
Vakuolen	Membranvesikel	Nitratspeicherung	<i>Thiomargarita namibiense</i> <i>Thioploca</i> , <i>Beggiatoa</i>
Thylakoide und Chromatophoren	Membransystem Membranvesikel	Photosynthesemembranen	phototrophe Bakterien (<i>Rhodospirillales</i>)
Membranstapel	Membransystem	Stickstoffoxidation	Nitrobakterien
Extrazelluläre Vesikel	Lipidvesikel	externer Speicher	Streptomyceten, (verbreitet)
Chlorosomen	Proteinaggregate (Galacto-Lipidschicht)	Photosynthese	<i>Chloroflexaceae</i> , <i>Chlorobiaceae</i>
Ohne Beteiligung von Lipidmembranen			
Carboxysomen	Proteinvesikel	Carboanhydrase, Rubisco CO ₂ -Fixierung	autotrophe Bakterien
Metabolosomen	Proteinvesikel	metabolische Enzyme	verbreitet
Encapsuline	Proteinvesikel (Icosaeder)	Speicher für Fe II & Metalle / Enzyme	verbreitet
Ferritin	Proteinvesikel (Icosaeder)	Speicher für Fe II	verbreitet
Gasvesikel	gasgefüllte Proteinvesikel	Auftriebshilfe, Dichteregulation	verschiedene Mikroben Haloarchaea, Cyanobakterien
Phycobilisomen	Proteinaggregate	Photosynthese	Cyanobakterien
Chemorezeptorencluster	Proteinaggregate	Chemosensorik (Stoffwechselregulation)	bewegliche Mikroben
Cytoskelettsysteme	Proteinfilamente	Formgebung, Zellteilung Bewegung	ubiquitär
Flagellenapparat der Bakterien	Multiproteinkomplex	Drehmotor und Filament zelluläre Fortbewegung	schwimmende Bakterien
Flagellenapparat der Archaeen (Archaellen)	Multiproteinkomplex	Drehmotor und Filament zelluläre Fortbewegung	schwimmende Archaeen
Pilus-Apparat	Multiproteinkomplex	Auf- und Abbau von Pili zelluläre Fortbewegung zelluläre Anheftung	zahlreiche Mikrobenarten gleitende Bakterien Bakterien und Archaeen
Ribosomen	Multiprotein-RNA-Komplex	Proteinsynthese	ubiquitär
Polyketid-Synthase	Multienzymkomplex	multikatalytische Polyketidsynthese	Actino- / Streptomyceten Myxobakterien
Nukleoid	(kompaktes) DNA-Aggregat	Chromosomen (Kernäquivalent)	ubiquitär
PHB-Speicherpartikel	Granula (proteinumgeben)	Kohlenstoffspeicherung	verbreitet
Phosphat-Speicherpartikel	Granula	Phosphatspeicherung	verbreitet
Schwefel-Speicherpartikel	Granula	Schwefelspeicherung	anaerobe phototrophe Bakterien (<i>Chromatiaceae</i>)
Nanokompartimente / „makromolekulare Maschinen“			
Proteasomen, Peptidasen	selbstkompartimentierend	Proteasekomplexe	Archaeen / Bakterien
Chaperonine	selbstkompartimentierend	Faltungsenzym	Archaeen / Bakterien (GroEL/ES, Thermosom)
Lumazinsynthase	Enzymkomplex	Riboflavinsynthese	verbreitet
Pyruvat-Dehydrogenase-Komplex	Multienzymkomplex	Funktionskomplex der Glykolyse	verbreitet

Magnetosomenorganell, das Chemorezeptorensystem und für die verschiedenen Bewegungsapparate zu (Tabelle). Die Beispiele sind hier kurz dargestellt.

Das Magnetosomenorganell magnetotaktischer Bakterien wird durch ein Gencluster mit mehr als 30 Genen kodiert. Die funktionelle Kernstruktur bilden Magnetosomen – Lipidvesikel, die jeweils einen Magnetit-Nanokristall enthalten. Ein bis mehrere dutzend Magnetosomen sind an Cytoskelettfilamenten parallel zur Zellachse aufgereiht und bilden so eine Art Magnethaken. Sie richtet die Bakterienzelle am Erdmagnetfeld aus und ermöglicht eine gezielte und effiziente Bewegung entlang der Feldlinien. Diesen Effekt könnten ein einzelnes Magnetosom oder ein ungeordnetes Cluster nicht hervorrufen [5].

Ein typischer Chemorezeptorbaustein besteht aus einem Trimer dimerer Proteinmoleküle, die an der Außenseite der Zellmembran eine spezifische Bindungsstelle für organische Moleküle besitzen (Zucker, Aminosäuren u. a.), eine Transmembranregion aufweisen und an dem langen cytoplasmatischen Molekülteil verschiedene Proteine assoziieren, die zur Clusterbildung und intrazellulären Signaltransduktion dienen. Bindet ein Ligand an den Rezeptor, so erfolgt eine Konformationsänderung, die im cytoplasmatischen Teil die Signalwirkung initialisiert, insbesondere aber erst im Verbund aus hunderten bis tausenden Rezeptoren zur Integration verschiedener Signale (chemischer und physikalischer) sowie zur Verstärkung der Signalwirkung führt [6].

Mikroben haben mehrere Bewegungsmechanismen entwickelt, die zum Teil kombiniert oder unabhängig voneinander in verschiedenen Arten vorkommen. Das bekannteste Bewegungsorganell ist der bakterielle Flagellenapparat [7], der aus drei funktionellen Systemen besteht: dem Flagellenmotor, der eine Rotation generiert und durch Signalmoleküle des Chemorezeptorensystems

gesteuert werden kann, einem Proteinexportsystem, das Flagellinproteine nach außen transportiert, und dem aus ihnen aufgebauten Flagellenfilament, welches an den Motor gekoppelt ist und dadurch das Flagellum und in der Konsequenz die Zelle durch das Wasser schraubt. Ein analoger, aber vollkommen anders strukturierter, rotierender Bewegungskomplex entstand in Archaeen [8]. Von den weiteren bakteriellen Fortbewegungsorganellen, darunter solchen mit Beteiligung von Cytoskelettfilamenten [9], ist das verbreitete Pilusystem zur Gleitbewegung auf Oberflächen derzeit am besten untersucht [10].

Spezielle und generelle Organellen

Nicht alle Organellen sind in allen Mikroben präsent; eine Reihe stellen spezialisierte Entwicklungen dar und spiegeln die unterschiedlichen Lebensweisen und phylogenetischen Verbindungen der Mikroben wider. Neben den unabhängig voneinander entstandenen Bewegungsapparaten kommen auch ganz unterschiedliche Photosyntheseorganellen in phototrophen Bakterien vor (Chlorosomen, Phycobilisomen, verschiedene Membransysteme). Carboxysomen finden wir in phototrophen und nicht-phototrophen CO₂-Fixierern, Chemorezeptorcluster in beweglichen Mikroben, die Polyketidsynthese-Organellen in den immobilen Actino- und Streptomyceten sowie in Myxobakterien mit ihren äußerst komplexen Lebenszyklen [11] und Magnetosomen nur in Proteobakterien [12] (Tabelle). Zu generellen (Bestandteilen von) Organellen zählen die verschiedenen Cytoskelettsysteme. Alle Cytoskelettproteine der Eukaryoten sind bereits in Mikroben vertreten und üben in variablen Formen zahlreiche Funktionen unter anderem bei der Formgebung und Zellteilung aus [13]. Auch ein Cytoskelett ist somit kein Alleinstellungsmerkmal eukaryotischer Zellen.

Es bleibt festzuhalten, dass Mikroben – entgegen häufiger Darstellungen – ebenso wie Eukaryotenzellen räumlich untergliedert (kompartimentiert) und durch Organellen funktionell organisiert sind [1]. Unterschiede liegen in der Erscheinungsform und im Aufgabenumfang, nicht im biologischen Prinzip.

Literatur

- [1] H. Engelhardt (2021). Mikrobielle Kompartimente. *Biologie in unserer Zeit* 51, 192–193.
- [2] Wikipedia: <https://de.wikipedia.org/wiki/Organell> (7.7.2021)
- [3] O. Byron, J. G. Lindsay (2017). The pyruvate dehydrogenase complex and related assemblies in health and disease. In: J.R. Harris, J. Marles-Wright (Eds.), *Macromolecular Protein Complexes*. *Subcellular Biochemistry* 83, 523–550.
- [4] S. Dutta et al. (2014). Structure of a modular polyketide synthase. *Nature* 510, 512–517.
- [5] M. Schüler, D. Schüler (2021). Ein Mikroorganismus mit Magnetsinn. *Biologie in unserer Zeit* 51, 74–81.
- [6] W. Yang, A. Briegel (2020). Diversity of bacterial chemosensory arrays. *Trends Microbiol.* 28, 68–80.
- [7] S. Nakamura, T. Minamino (2019). Flagella-driven motility of bacteria. *Biomolecules* 9, doi:10.3390/biom9070279.
- [8] S. Albers, K. F. Jarrell (2018). Trends Microbiol. The Archaeum: An update on the unique archaeal motility structure. *Trends Microbiol.* 26, 351–362.
- [9] J. Kürner, W. Baumeister (2006). Cryo-electron tomography reveals the architecture of a bacterial cytoskeleton. In: J. M. Schively (Ed.) *Complex Intracellular Structures in Prokaryotes*. Springer, Berlin, 313–318.
- [10] A. Treuner-Lange, L. Søgaard-Andersen (2017). Bislang stärkster molekularer Motor zieht Bakterien über Oberflächen. *Biospektrum* 23, 130–134.
- [11] C. Volz et al. (2020). Leben und Überleben im Boden. *Biologie in unserer Zeit* 50, 424–432.
- [12] R. Uebe, D. Schüler (2016). Magnetosome biogenesis in magnetotactic bacteria. *Nat. Rev. Microbiol.* 14, 621–637.
- [13] J. Löwe, L.A. Amos (Eds) (2017). *Prokaryotic Cytoskeletons*. *Subcellular Biochemistry*, Vol. 84, Springer Intl. Publ.

Harald Engelhardt,
Martinsried

ORNITHOLOGIE

Vogelarten im Porträt

Vögel führen nicht nur ein spannendes Leben. Viele sehen für den menschlichen Beobachter (und vielleicht auch für die Vögel selbst) schön aus. Wer Freude an guten Vogelillustrationen hat, kommt in diesem Buch mit über 100 Zeichnungen des Schweizer Naturmalers Léo-Paul Robert (1851–1923) auf seine Kosten. Die detailgenauen Illustrationen zeigen Vögel in ihrer natürlichen Umgebung in charakteristischer Haltung und Verhaltensweise und sind darüber hinaus eine Augenweide. Werk und Leben von Robert werden von Bernadette Walter, der Direktorin und Kuratorin Kunst/Sammlung Robert, in einem eigenen Kapitel gewürdigt. Die sachkundigen Autoren haben 100 Vogelarten Mitteleuropas ausgewählt, für die gute Farbillustrationen vorlagen. Diese Arten werden in informativen Texten vorgestellt, die regelmäßig durch persönliche Anekdoten oder aktuelle Informationen zu Bestand, Gefährdung und Schutz bereichert wurden. Das Buch schließt mit einer kurzen Einführung in die Kunst des Vogelbeobachtens für alle Leser, die nach Lektüre des Buches den Wunsch verspüren, einmal selbst die Schönheit der Vögel in der Natur zu beäugen. Die Autoren haben versucht, ihre Texte „geschlechtergerecht“ zu gestalten. Sie verzichten auf die in der Biologie übliche Bezeichnung Männchen und Weibchen und reden, wenn überhaupt, dann von einem männlichen oder weiblichen Vogel oder Vogelmann bzw. Vogelfrau. Lesbarer wurden die Texte dadurch aber nicht unbedingt. Dieses Coffee Table Buch weckt das Interesse an der Schönheit und am Beobachten der Vögel und ist daher für jeden Vogel- und Naturfreund eine bereichernde Lektüre.

Michael Wink, Heidelberg

Federkleid & Flügelschlag.

100 Vogelarten im Porträt mit Illustrationen aus der Sammlung Robert. Thomas Griesohn-Pflieder und Iris Lichtenberg, Haupt Verlag, Bern, 2020, 216 S., 38,00 €. ISBN 978-3-258-08204-2.

INSEKTEN

Fliegende Edelsteine

Goldwespen zählen mit ihren bunten, irisierenden Farben zu den attraktivsten Insekten und sind auch aufgrund ihrer schmarotzenden Lebensweise ökologisch und verhaltensbiologisch äußerst interessant. Bislang war es jedoch wenigen Spezialisten vorbehalten, sich mit Hilfe von Spezialliteratur und Bestimmungsschlüsseln den „fliegenden Edelsteinen“ näher zu widmen. Das ändert sich nun mit diesem eindrucksvollen Werk, das alle in Mitteleuropa heimischen Arten porträtiert. Es ist nahezu unglaublich, dass es Heinz Wiesbauer gelungen ist, über 200 verschiedene Goldwespen in einzigartigen Makrofotos zu dokumentieren. Dabei sind nicht nur die Merkmale bestmöglich zu erkennen, sondern in vielen Fällen werden dadurch auch faszinierende Einblicke in das Verhalten und die Lebensräume der einzelnen Arten vermittelt. Das zeigen schon die einleitenden Kapitel, die der Biologie dieser eigentümlichen Hautflügler gewidmet sind: So legt z. B. *Pseudomalus auratus* Eier in Blattlausnymphen ab. Die Blattläuse dienen als „Trojanische Pferde“, denn sie werden von Grabwespen der Gattungen *Pemphredon* und *Passaloecus* als Larvenproviant in ihre Nester eingetragen – wo sich dann die schlüpfende Goldwespenlarve über den Blattlausvorrat hermachen und den Grabwespen nachwuchs gleich mit verspeisen kann. Andere Goldwespenlarven wachsen als typische Parasitoide heran, zum Beispiel *Chrysis interjecta* in der Nistzelle der Zwergwollbiene (*Anthidium nanum*). Die Goldwespenlarve saugt so lange relativ unschädlich an der Wollbienen-

larve, bis diese ihren Puppenkokon gesponnen hat und ihr dann zum Opfer fällt – die Fotos im Buch zeigen eindrucksvoll, wie die Goldwespe im Bienenkokon ihre Entwicklung vollendet. An anderer Stelle wird man Zeuge, wie die hübsche *Chrysuria cuprea* gerade den Nistplatz der Zweifarbigen Schneckenhaus-Mauerbiene (*Osmia bicolor*) inspiziert. Die Bestimmung von Goldwespen ist nicht immer einfach und gelingt manchmal nur durch genauere Untersuchung präparierter Tiere, aber die detailreichen Aufnahmen und ein Bestimmungsschlüssel am Ende, der bis zu Artgruppen führt, schaffen in jedem Fall einen idealen Zugang. In den Artkapiteln selbst sind alle verfügbaren Informationen über Kennzeichen, Wirte, Lebensräume und Flugzeit zusammengetragen. Dass auch Goldwespen unter einem dramatischen Rückgang leiden und sich in Deutschland bereits die Hälfte aller Arten in der Roten Liste wiederfinden, liegt ganz wesentlich am Verlust der Lebensräume, zu denen Löss- und Lehmwände, Sanddünen, Lesesteinhäufen und totholzreiche Waldränder zählen. Hier finden Goldwespen nicht nur sonnige, warme Strukturen vor, sondern hier liegen vor allem die Nistplätze ihrer Wirte, häufig Wildbienen, Grab- oder Lehmwespen, die sehr oft selbst stark gefährdet sind. Die Autoren zeigen auf, was getan werden muss, um Goldwespen zu schützen. Dieses außergewöhnliche Buch kann entscheidend dazu beitragen, Fürsprecher für die fliegenden Edelsteine und damit auch für ihre Wirtsarten und deren Lebensräume zu gewinnen. Es sollte in keiner Insekten-Bibliothek fehlen.

Hannes Petrischak,
Heinz Sielmann Stiftung,
Wustermark

Die Goldwespen Mitteleuropas.

Heinz Wiesbauer, Paolo Rosa, Herbert Zettel, Eugen Ulmer KG, Stuttgart, 2020, 256 S., 45,00 €, ISBN 978-3-8186-1149-1.



EVOLUTION

Ist Darwin überholt?



„Die klassische Evolutionstheorie ist unvollständig [...] Auf viele Fragen bietet sie keine Erklärung“, so beginnt die Kurzcharakterisierung auf der Rückseite dieses provokativen Buches. Auf der Vorderseite streckt eine Hand sechs Finger aus. Über die Polydactylie hat Axel Lange, der Verfasser, geforscht. Seltsamerweise führte ihn (auch) dies zu der Überzeugung, dass Variation, Rekombination und Selektion nicht ausreichen, den Mechanismus der Evolution zu erklären. Sie stabilisieren lediglich einen Zustand. Änderungen und Fortschritte bringen erworbene Eigenschaften zustande. Sie lesen richtig: erworbene! Heißt dies Wiederauferstehung des Lamarckismus? Darwin hatte diesem die natürliche Selektion entgegengesetzt. Zu den Mechanismen der Vererbung hatte er da kaum mehr als nebulöse Ahnungen. Und wir? Was ist aus „den Genen“ geworden? Das „Ein-Gen-ein-Enzym“-Konzept lässt sich längst nicht mehr halten. Gene stellen kein Computerprogramm dar, von dem die Bauanleitung für den Organismus abgelesen und umgesetzt wird. Der Organismus schaltet Gene ab, wenn kein Bedarf für ihr Produkt besteht. Moment: Wer schaltet? Doch (wieder) ein Homunculus, der unerkannt im Verborgenen steuert und entscheidet? Ein „Organisator“ im Sinne von Hans Spemann, der 1923 den Nobelpreis für Medizin für seine entwicklungsbiologischen Entdeckungen erhielt? Nein, bei Axel Lange ist es ein noch vageres Phänomen, das in der Ontogenese schaltet und waltet – die Umwelt. Was das sein soll, bleibt offen. Zur „Umwelt“ werden die für den betreffenden Organismus relevanten Faktoren der Außenwelt. Also Lamarcks „Um zu...“! Die werdende Giraffe streckt und reckt den Hals, weil sie immer höher hinauf

will zu den Akazienblättern. So direkt und einfach ist jedoch nicht gemeint, was Axel Lange als die neue Lösung anbietet. Seine diesbezüglichen Formulierungen sind nicht gerade leicht nachzuvollziehen, „fordert doch die Theorie der Nischenkonstruktion, ein komplexes Ursache-Wirkungsnetzwerk zu verstehen, in dem es gerade keinen durchgängigen genzentristischen Ursache-Wirkungsverlauf für die Adaptation gibt.“ In Ordnung, kompliziert genug. Aber was wechselwirkt da? Für eine Umwelt, die (fast) alles beeinflusst und bestimmt, hätte sich der Marxismus, der den neuen Menschen schaffen wollte, seinerzeit begeistern lassen. Gefährlich nahe gerät so eine Argumentation an den „nurture“-Rand in der „nature-nurture“-Betrachtung. Oder auch hin zu einer Fernsteuerung à la Intelligent Design.

Axel Lange promovierte in Evolutionsbiologie an der Universität Wien. Sein Buch, 400 Seiten stark, ist keine journalistische Zusammenfassung abweicherlicher Sichtweisen, die sich, wie so oft schon geschehen, an Darwin reiben und dann doch wieder scheitern. Er argumentiert, genau genommen, auch nicht gegen Darwin, wie der Untertitel vermuten lässt. Sein Gegner ist die ‚New Synthesis‘ der Populationsgenetiker, in der mit der Entdeckung der Doppelhelix „das Gen“ zentrales Dogma geworden war. Am schärfsten brachte dies Richard Dawkins im „Egoistischen Gen“ auf den Punkt. Die stärksten Gegenargumente kamen aus der evolutionären Entwicklungsbiologie, für die sich die Kurzform EvoDevo eingebürgert hat. Die von Axel Lange gewählten Beispiele sind nicht neu und keineswegs unumstritten. Tatsächlich passiert viel während der Ontogenese und nicht nur Schädliches. Doch dass Gene während der Entwicklung an- und abgeschaltet werden, erklärt nicht, warum das wann und wo geschieht. Es bleibt das nach wie vor reichlich unverstandene Kernproblem, wie aus

einem diffusen genetischen „Programm“ ein komplexer, voll funktionsfähiger Organismus entsteht. Das Genom ist keine Blaupause für dessen Aufbau. Je genauer wir die Sequenzen ablesen können, desto diffuser wird die Vorstellung von den Genen. Die Computer-Analogie erfüllte bei weitem nicht, was man sich von ihr im Überschwang der Begeisterung vor einem halben Jahrhundert versprochen hatte. Aber bietet die von Axel Lange favorisierte „Umwelt“ eine überzeugendere Lösung? Die Dauerhaftigkeit erworbener Eigenschaften wird mit ihrer bloßen Nachweisbarkeit über einige Generationen nicht hinlänglich als Evolutionsmechanismus bewiesen. Bei der Anwendung auf den Menschen verschwindet sie in der Grauzone zwischen tradiert und vererbt. Liegt die von Axel Lange beklagte Unvollständigkeit der ‚Neuen Synthese‘ also vornehmlich in ihrer Randunschärfe? Das wäre zu wenig. Denn er strebt mit diesem Buch eine umfassende Begründung für die EES an, die „Erweiterte Synthese der Evolutionstheorie“ (*Extended Evolutionary Synthesis*). Doch die Erweiterung schließt die alte *New Synthesis* vollinhaltlich mit ein. So gerät das Buch letztlich gar nicht so ikonoklastisch. Lamarck ist nicht wiederauferstanden, sondern allenfalls ein wenig reanimiert. Das zentrale Manko liegt nach wie vor in der unzureichenden Kenntnis des Stoffwechsels und wie die „Genetik“ mit diesem wechselwirkt. Die EES ist ein heuristisches Konzept. Ihre Bedeutung für unser Verständnis der Evolution sollte auf kompetentem Fachniveau gründlich diskutiert werden. Der VBIO wäre ein bestens geeignetes Forum hierfür.

Josef Reichholf,
München

Evolutionstheorie im Wandel.

Ist Darwin überholt? Axel Lange, Springer Verlag Deutschland, Heidelberg, 2020, 430 Seiten, € 39,99. ISBN 978-3-662-60914-9.

MEDIZIN

Einzug der Wissenschaft



Wer beim Lesen des Titels eine eher langweilige Aufzählung von medizinischen Entdeckungen erwartet, wird angenehm überrascht. Zwar stehen

die Entwicklungen des medizinischen Wissens und der praktischen, klinischen Anwendung im Mittelpunkt, aber all dies ist eingebettet in eine Beschreibung der rasanten politischen und technischen Entwicklungen und der sozialen Rahmenbedingungen, die eine wissenschaftliche Medizin erst möglich machten.

Der gewählte Zeitraum vom 1840 bis 1914, dem Beginn des Ersten Weltkriegs, ist bestimmt durch neue Entwicklungen auf vielen Gebieten und gilt als eine fortschrittsgläubige Epoche. Ob Elektrizität, Telegraph und Telefon, Fotografie und Film, Eisenbahn und Automobil – auf allen Gebieten, die den Alltag deutlich verändern sollten, waren große technische Veränderungen zu beobachten. Die Möglichkeit, weitere Reisen einigermaßen komfortabel zu machen und die schnelle Kommunikation durch die damals neuen Medien stellen den Beginn der heute herrschenden Globalisierung dar. Auch dadurch konnte sich technisches und medizinisches Fachwissen sehr schnell über Ländergrenzen hinweg verbreiten. Ein Ausdruck davon war die erste Weltausstellung, die 1851 in London stattfand. Fast 100 Länder zeigten hier die neuesten Maschinen, Rohstoffe oder handwerklichen Erzeugnisse.

Auch die Medizin veränderte sich maßgeblich. Vor allem auf dem Gebiet der Anästhesie und Infektiologie gab es Neuentwicklungen, die die Arbeit von Ärzten weitreichend beeinflussten und die Patientenversorgung

revolutionierten. Waren früher operative Eingriffe nur ohne Narkose möglich und für die Patienten mit sehr großen Schmerzen verbunden, so konnten jetzt Eingriffe geplant und weitgehend schmerzfrei durchgeführt werden. William Morton, ein Zahnarzt, der sich mit der Möglichkeit der Narkose durch Inhalieren von Äther beschäftigte, wandte sich an den leitenden Chirurgen John Collins Warren am Massachusetts General Hospital in Boston, um seine Entdeckung demonstrieren zu dürfen. Am 16. Oktober 1846 fand die erste Operation vor Ärzten und Medizinstudenten der Harvard University statt. Obwohl die Zuschauer äußert skeptisch waren, war der Erfolg überragend und veränderte ab diesem Tag die Welt der Chirurgen. Die Anwendungen von Chloroform in der Geburtshilfe wurden ebenfalls zunächst eher negativ beurteilt, durch ihre Befürwortung von Queen Victoria von England wurde sie jedoch schnell üblich. Für die oft sehr schmerzhaften Eingriffe am Auge entdeckte Carl Koller das Kokain als Lokalanästhetikum; eine Idee, auf die er durch Diskussionen mit Sigmund Freud gekommen war. Freud sollte jedoch auf einem ganz anderen Gebiet, der Psychoanalyse, zu Weltruhm gelangen.

Eng verbunden mit Problemen von chirurgischen Eingriffen waren die der Krankenhaushygiene. Ignaz Philipp Semmelweis beschäftigte sich mit den Ursachen der Mütter- und Säuglingssterblichkeit, die bis in die 1840er Jahre sehr hoch gewesen war. Semmelweis erkannte, dass die Patientinnen durch mangelhafte bzw. nicht-existierende Hygiene am Kindbettfieber erkrankten. Nach der Einführung von relativ einfachen hygienischen Maßnahmen, die uns heute selbstverständlich erscheinen, wie Desinfizieren und Händewaschen, nahm die Zahl der Todesfälle deutlich ab.

Ein Anknüpfungspunkt zu unseren modernen Problemen wie die Ausbreitung des Coronavirus bietet die Beschreibung der früheren Cho-

lera- und Pocken-Epidemien in Europa. Auch Tuberkulose und Diphtherie waren Krankheiten, gegen die die herkömmliche Medizin nur wenig ausrichten konnte. Die Ursachenforschung ist mit Namen wie Emil von Behring, Louis Pasteur oder Robert Koch verknüpft, deren wissenschaftliche Arbeiten die Grundlage für das Erkennen und Behandeln infektiöser Krankheiten bildeten. Daraus entstand auch die Idee des Impfens gegen verschiedene Erreger, eine Anwendung, die uns heute die Möglichkeiten gibt, gegen viele Krankheiten immun zu werden.

Roland Gerste schildert noch viele weitere wissenschaftliche Ergebnisse und Entwicklungen wie beispielsweise die Möglichkeit, Bilder vom Körperinneren zu erhalten. Wilhelm Conrad Röntgen arbeitete als Physiker nicht in erster Linie an medizinischen Problemen; seine Entdeckung der Röntgenstrahlen fand jedoch rasch Einzug in die Medizin. Dies alles illustriert, wie sehr unser heutiges Alltagsleben auf der Arbeit von Medizinerinnen und anderen Wissenschaftlern des 19. Jahrhunderts beruht. Diese Entwicklungen gaben ihrer Epoche einen starken Glauben an eine Zukunft, deren Probleme nun beherrschbar erschienen, was sich jedoch angesichts des bevorstehenden Ersten Weltkriegs als Irrtum herausstellen sollte.

Es macht Spaß, dieses Buch zu lesen, das flüssig und kurzweilig geschrieben ist. Vieles weiß man, aber der Autor versteht es, viele Details der medizinischen Grundlagen in den größeren Zusammenhang von Gesellschaft und Politik einzubinden. So erhält man ein lesenswertes Bild einer Epoche, die von Krankheiten und Epidemien wesentlich deutlicher geprägt war als unsere Zeit.

Wolfgang Skrandies, Gießen

Die Heilung der Welt.

Das Goldene Zeitalter der Medizin 1840-1914. Ronald D. Gerste, Klett-Cotta Verlag, Stuttgart, 2021, 400 S., 24,00 €, ISBN 978-3-608984-09-5.

AUSSERSCHULISCHE LERNORTE

Eintauchen in die Welt des Jurameeres im Urweltmuseum Hauff

Einmal selbst nach einem Saurier graben oder schneckenartige Ammoniten freilegen? In Holzmaden ist dies möglich. Das dort ansässige Urweltmuseum Hauff ermöglicht mit seinen einzigartig gut erhaltenen rund 400 Funden, unter denen sich auch weltberühmte Versteinerungen befinden, vielseitige Einblicke in die Tierwelt der Jurazeit und in die Arbeit eines Paläontologen.

In dem größten privaten Naturkundemuseum Deutschlands – zwischen Ulm und Stuttgart gelegen – wird die Zeit vor 180 Millionen Jahren auf 1000 qm Ausstellungsfläche für Groß und Klein erlebbar. Junge Besucher ab fünf Jahren können sich unter der fachkundigen Begleitung von „Dino“, einem cleveren Jugendlichen, mit dem Audioguide auf eine 25-minütige Erkundungstour durch das Museum begeben. Ein anspruchsvolles Museumsquiz lädt Schüler von 10 bis 15 Jahren ein, ihr Wissen spielerisch zu testen. Rolf Bernhard Hauff, der das Museum zusammen mit seinen Kindern bereits in der dritten Generation leitet, möchte alle Museumsbesucher mit seiner Museumsdidaktik erreichen, „den Dreijährigen genauso wie den 80-jährigen Besucher“. Aus diesem Grund findet der am Thema tiefer interessierte Betrachter sowohl klassische,

bebilderte Texttafeln wie auch interaktive Computerstationen mit einer geologischen Uhr und der Animation, wie die Alb entstanden ist, sowie Filmbeiträge und zahlreiche computergestützte Informationen. Für die kleineren Besucher gibt es Tieranimationen und lebensechte Nachbildungen der urzeitlichen Meeresbewohner. Daneben zeigt das Museum unterschiedliche Sauriermodelle, den idealisierten Schichtaufbau des für die Schwäbische Alb typischen mittleren Teils des Posidonienschiefers mit beeindruckenden 16 Meter Länge und fünf Meter Höhe im Maßstab 1:1.

Da Hauff die Verbindung zwischen Theorie und aktivem Begreifen wichtig ist, besteht eine Kooperation mit dem rund 2,5 Kilometer entfernten Steinbruch Kromer. Dieser ist zu Fuß oder mit dem Auto erreichbar. Hier kann gegen einen kleinen Eintritt und

eine Leihgebühr für das Werkzeug nach Herzenslust mit Hammer und Meißel geklopft werden.

Hauff möchte mit dem Urweltmuseum die „sterilen Fossilien lebendig machen und eine Vorstellung davon vermitteln, wie sie gelebt haben“. Um dies zu ermöglichen, ergänzen maßstabsgetreue Modelle und Bilder die ausgestellten Fossilien. „Fossilien selbst reichen heute nicht mehr aus, um die Spannungserwartungen der Besucher zu erfüllen. Somit müssen sie inszeniert werden“, so der Museumsleiter. Dies allerdings ohne dabei medialer Reizüberflutung, mit der sich viele Kinder heute nach Ansicht von Hauff konfrontiert sehen, weiter Vorschub zu leisten. Lebensgroße Modelle der beeindruckenden Jurameeresbewohner vermitteln im Vergleich zu den Fossilien einen plastischen Eindruck der urzeitlichen Tierwelt. Anspruch der Museumsdidaktik ist es, den jungen Besuchern die Tierwelt der Urzeit vor 180 Millionen Jahren kindgerecht zu vermitteln und eine „besondere Sensibilität für den Lebensraum und das Thema zu schaffen“.

Anziehungspunkt für Schulklassen

Der Museumsleiter selbst und ein Stab von zehn freiberuflichen Museumsführern bieten Kinderführungen ab dem Kindergartenalter an. Die Nachfrage ist groß. 400 Schulklassen besuchen jährlich das Museum. Neben Schulklassen reisen jedes Jahr 40.000 Besucher nach Holzmaden, um die damaligen Bewohner des Jurameeres, aus dem die heutige Schwäbische Alb entstanden ist, direkt vor Ort kennen zu lernen: Die Ichtyosaurier, die agil und beweglich wirkenden Krokodile des Jurameeres, die Flugsaurier, die schimmernenden Ammoniten und die etwas behäbig wirkenden Schmelzschuppenfische beeindruckten durch ihre Vollständigkeit und die unzähligen, noch heute erkennbaren Details. Besonders imposant ist dabei das drei Meter lange Ichtyosaurier-Muttertier (Abbildung 1) mit fünf gut erkennbaren Embryonen im Leib und einem bereits gebore-



ABB. 1 Ichthyosaurier-Muttertier mit Embryonen. Alle Fotos: Urweltmuseum Hauff Holzmaden.



ABB. 2 Stegosaurier – Logo des Urweltmuseums.



ABB. 3 Die weltweit größte Seelilienkolonie (18×6 m) ausgestellt im Urweltmuseum Hauff Holzmaden.

nen Embryo. Der Ichtyosaurier mit vollständiger Hautbekleidung, ein Stegosaurier (Abbildung 2) mit Magensteinen und der schon durch seine Größe von fast acht Metern unübersehbare Ichtyosaurier wecken eine Faszination für die Jurazeit, der sich der Besucher kaum entziehen kann. Dabei trennt die Besucher in den meisten Fällen keine Glasscheibe von den kostbaren Fossilien.

Von besonderer ästhetischer Schönheit ist auch die in 18-jähriger Arbeit präparierte Seelilienkolonie (Abbildung 3). Bei der über 100 qm großen Kolonie, die als „Wandgemälde“ im Urweltmuseum ausgestellt ist, handelt es sich um die größte weltweit je gefundene Kolonie. Seelilien sind nicht, wie man der Form und dem Namen nach meinen könnte, Pflanzen, sondern Tiere. Wer aus den

Tiefen des Meeres wieder auftauchen und an Land zurückkehren möchte, kann die fleisch- und pflanzenfressenden Landsaurier im wunderschön angelegten Museumspark besuchen. Bänke und Tische laden unter Birkenbäumen bei gutem Wetter zum Ausruhen oder Picknicken ein. Unter den angrenzenden Ginkgo- und Mammutbäumen sowie neben urweltlichen Schachtelhalmen finden die Besucher sechs verschiedene Saurierarten wie den gefürchteten Raubsaurier *Allosaurus* und zwei *Diplodocus*-Saurier. Diese sind mit ihren schon fast possierlich wirkenden Köpfen und den langen Hälsen schon von weitem bei der Ankunft im Museum zu sehen.

Verantwortlich für den Inhalt ist das Urweltmuseum Hauff, Holzmaden

BESUCHERINFORMATION

Eintritt für Erwachsene: 7,50 Euro,
ermäßigt: 4,50 Euro,
Kinder von 3–6: 2,50 Euro,
Gruppenführungen werden auf
Deutsch und Englisch angeboten,
müssen aber 14 Tage vorher an-
gemeldet werden.

Öffnungszeiten:

Aufgrund der Corona-Pandemie ist
das Museum möglicherweise vorüber-
gehend geschlossen.
Bitte informieren Sie sich unter
www.urweltmuseum.de.

Kontakt:

Urweltmuseum Hauff
Aichelberger Straße 90
73271 Holzmaden
Telefon: +49 (0) 7023 2873

PARTNER DES MENSCHEN

Der Seidenspinner: Statussymbol und Faserlieferant

Seidenspinner haben dem Menschen nicht nur einen faszinierenden Werkstoff geliefert, sondern auch einem ganzen Industriezweig zum Aufschwung verholfen und den Namen einer berühmten Handelsroute – der Seidenstraße – geprägt. Der Siegeszug der Schmetterlinge begann im Fernen Osten, wo sich Fürsten und Könige mit dem edlen Gewebe namens Seide schmückten und sogar die Rüstung ihrer Soldaten damit verstärkten. Ab dem sechsten Jahrhundert nach Christus eroberten die Seidenspinner mit ihrem Produkt den Rest der Welt. Heute stellen zwar synthetische Fasern häufig eine kostengünstige Alternative dar, so dass die Seidenweberei etwas an Bedeutung verloren hat. Dafür haben Wissenschaftler das Gespinst der kleinen Insekten für sich entdeckt, beispielsweise als chirurgisches Nahtmaterial. Mittlerweile werden sogar transgene Seidenspinner für weitere medizinische Zwecke gezüchtet.

Edle Stoffe sind in der Menschheitsgeschichte fast so wichtig wie Goldschmuck und Edelsteine. Der Glanz von Seide oder der sanfte Schimmer von Samt hat die Oberen ebenso beeindruckend erscheinen lassen, wie Federpracht und Raubtierfell dies vermochten. Seide ist ein sehr leichtes und zugleich zugfestes Gewebe, das über die Jahrhunderte zum Synonym für kleidsame Eleganz geworden ist. Aber die tierischen

Produzenten dieser Naturfaser waren lange Zeit ein gut gehütetes Geheimnis der Mächtigen.

Unter den mehr als 16 Schmetterlingsarten, die einen Seidenfaden zu spinnen vermögen, ist der bedeutendste der ursprünglich aus China stammende Maulbeer-Seidenspinner (*Bombyx mori*, Abbildung 1) aus der Familie der Echten Spinner (*Bombycidae*). Als Wildform gilt *Bombyx mandarina* (Abbildung 1), der von



ABB. 1 Der Maulbeer-Seidenspinner (*Bombyx mori*, links) ist der bedeutendste Seidenlieferant und stammt von *Bombyx mandarina* (rechts) ab. Foto: Markus Knaden (MPI für Chemische Ökologie).



ABB. 2 Adulter Seidenspinner neben einem Kokon. Foto: P. Gibellini.

Nordindien über Nordchina bis ins fernöstliche Russland verbreitet ist und braune Flügel mit hellen und dunklen Querstreifen besitzt. Im Gegensatz zur Wildform hat der domestizierte Seidenspinner seine Flugfähigkeit verloren und ist nur in Kultur überlebensfähig. Wie im Artnamen anklingt, ernähren sich die Raupen des Seidenspinners ausschließlich von den Blättern des Maulbeerbaumes, so dass die Zucht nur dort gelingt, wo sich die Futterpflanze gut kultivieren lässt. Die adulten Tiere sind mehligweiß und erreichen eine Flügelspannweite von 32–38 Millimetern. Mit ihren großen, schwarz gekämmten Antennen können die Männchen den Sexuallockstoff der Weibchen namens Bombykol mit extremer Empfindlichkeit wahrnehmen und notfalls über große Entfernung zum Partner finden (was in Kultur nicht mehr nötig ist). Nach der Paarung legt das Weibchen bis zu 300–500 Eier, aus denen zwei Wochen später die Larven schlüpfen. Diese beginnen nach vier Häutungen mit dem Spinnen des Kokons (Abbildung 2) und produzieren dabei einen bis zu 900 Meter langen Faden. Im Kokon kommt es zur Verpuppung. 16 Tage nach dem Einspinnen lösen die Tiere den Kokon an einem Pol auf und beginnen ihr Leben als geflügeltes Insekt.

Industriespionage in der Antike

In China gilt Xi-Lingshi, die Frau des legendären Kaisers Huang-Di, als Entdeckerin des Seidenfadens und seiner Verarbeitung und wird seitdem als Schutzherrin der Seiden-

raupe verehrt. Auf jeden Fall zeigen chinesische Quellen, dass schon vor 5000 Jahren die Raupen der Seiden Spinner für die Seidenproduktion gezüchtet wurden. Geht man von der Wildform *Bombyx mandarina* aus, so schrumpften im Laufe ihrer Domestikation die Flügel, sie verloren die Tarnfarben und die Weibchen büßten sogar die Fähigkeit ein, die richtige Futterpflanze zu finden. Wie neuere Untersuchungen am MPI für chemische Ökologie in Jena zeigen, hat sich bei den männlichen Seiden spinnern ebenfalls die Zahl der Riechhärchen auf den Antennen verringert. So können die Schmetterlinge nur in menschlicher Obhut überleben.

Um an den kostbaren Faden zu kommen, werden die Kokons eingesammelt, die Puppen durch heißes Wasser getötet und das Ende des Fadens abgewickelt. Anschließend wird der Faden gereinigt und zu einem Garn versponnen (Abbildung 3). Die damit gewebten Stoffe verfügen nicht nur über einen ansprechenden Glanz, Dehnbarkeit und Reißfestigkeit, sondern sie sind zudem glatt, hauchdünn und damit sehr leicht. Von China wurde der begehrte Rohstoff bis zu den Herrscherhäusern Europas über ein Netz von Karawanenstraßen transportiert. Diese Handelsroute, die über mehrere tausend Kilometer durch Zentralasien verlief, erhielt im 19. Jahrhundert den Namen „Seidenstraße“ und machte die chinesischen Kaiser reich.

Kein Wunder also, dass die Ausfuhr der wertvollen Schmetterlinge bei Todesstrafe verboten war. Erst im Jahre 555 gelang es angeblich zwei persischen Mönchen, Seiden Spinner eier nach Konstantinopel (dem heutigen Istanbul) zu schmuggeln und so das chinesische Monopol zu brechen. Von da an verbreitete sich die Seidenweberei bis nach Italien und Frankreich. Und über europäische Auswanderer gelangte sie sogar bis nach Brasilien, das heute neben China ein bedeutender Seidenexporteur ist.

Wie bei einer Monokultur nicht anders zu erwarten, sind Seiden spin-

ner anfällig für verschiedene Infektionskrankheiten, die durch Pilze, Parasiten und andere Erreger ausgelöst werden. So scheint der Niedergang der Südeuropäischen Seidenweberei nicht nur durch neue Kunstfasern und die billige Konkurrenz aus Fernost verursacht worden zu sein, sondern ebenfalls durch Epidemien unter den Schmetterlingskulturen.

Seide ist nicht gleich Seide

Eine Seidenfaser kann von verschiedenen Tiergruppen gebildet werden: Neben Insekten und Spinnen sind auch einige Muscheln (z. B. die Miesmuschel, *Mytilus edulis*) dazu befähigt. Immer handelt es sich um eine ausgehärtete Proteinmasse, die von Spinndrüsen sezerniert wird und den Körper über Spinnwarzen verlässt, wo sie im Kontakt mit Sauerstoff erhärtet. Je nach Verwendungszweck kann gerade Spinnenseide unterschiedliche Eigenschaften aufweisen und das, obwohl sie von ein und demselben Tier stammt.

Bei der Seidenraupe nimmt die Spinndrüse knapp 40 Prozent des Körpervolumens ein. Das Proteingemisch mit der honigartigen Konsistenz wird am Kopf der Raupe zu einem feinen Endlosfaden versponnen. Hauptbestandteil ist wie bei den Spinnen mit 70–80 Prozent das Fibroin. Durch die wiederkehrende Sequenz von sechs Aminosäuren (Gly-Ser-Gly-Ala-Gly-Ala) entsteht ein antiparalleles β -Faltblatt, von dem sich jeweils zwei Untereinheiten zusammenfügen und dadurch für große Reißfestigkeit sorgen. Dazu kommen noch weitere Bestandteile, die dem Faden andere Eigenschaften verleihen. Die daraus hergestellten Seidenstoffe gibt es in den unterschiedlichsten Qualitäten von knotiger Wildseide bis zu feinem, durchsichtigem Chiffon. Auch Brokat, Satin, Taft, Organza und mindestens 50 andere Gewebe lassen sich mit dem Proteinfaden produzieren.

Seiden Spinner als Proteinfabrik

Wissenschaftler haben nicht nur den Nutzen einer feinen, aber belast-

„HALBSEIDEN“ ALS ATTRIBUT

Wer Zugang zum Hof haben wollte, musste die Kleideretikette berücksichtigen. Doch die begehrte Seide war nicht nur Statussymbol, sondern vor allem deutlich teurer als Mischgewebe mit Baumwolle. Dieser „Halbseide“ sah man ihre geringere Qualität natürlich an, so dass sie den niederen Stand – oder die Armut – ihres Trägers verriet. Eine „halb-seidene“ Person wollte in den Augen der anderen mehr sein als ihr Zustand – und galt deshalb nicht als vertrauenswürdig.



ABB. 3 Frauen in der (Seiden-)Webstube. Gemälde: Annie R. Whelpley, 1893.

baren Faser für chirurgische Nähte erkannt, sondern versuchen mittlerweile sogar, die Schmetterlinge als Synthesereaktor für transgene Proteine zu verwenden. Das Seiden spinnergenom wurde jedenfalls schon komplett sequenziert, und erste Versuche haben Seidenraupen entstehen lassen, die humanes Kollagen für medizinische Zwecke über die Spinnwarzen absondern. So wird der Mensch noch lange von den gefräßigen Schmetterlingen und ihrem Superfaden profitieren. Umgekehrt wären die Seiden Spinner ohne die Menschen aber inzwischen überhaupt nicht mehr überlebensfähig.

Pascal Eitner, Maisach,
pascal-eitner@arcor.de



MANAGEMENT-FALLSTRICKE, TEIL 9

Selbstüberschätzung

Fehlentscheidungen sind menschlich. Wir aber lassen in unserer Serie „Management-Fallstricke“ einmal die Tiere zu Wort kommen. In Form von Fabeln vermittelt unsere Autorin Andrea Hauk in anschaulicher Weise typische Denkfehler, die auf allen Managementebenen zu Hause sind. Vielleicht sind Sie ja selbst auch schon einmal in die eine oder andere Falle getappt?

Kater Kevin studierte die Stellenausschreibung. Kompetent? War er. Erfahren? Auch. Eilig stellte er seine Bewerbungsunterlagen zusammen. Er fühlte sich wie geboren für diese Stelle. Und ob man jetzt im Ausland Erfahrung gesammelt oder schon zig Jahre auf dem Gebiet gearbeitet hatte, konnte man doch getrost ignorieren. Es zählte schließlich das Hier und Jetzt!

Voller Überzeugung saß er im Vorstellungsgespräch. Fachlich konnte er nicht in allen Fragen punkten, doch er überzeugte und machte das Rennen auf den begehrten Posten. Stolz setzte er die Unterschrift unter den Vertrag und trug ab sofort den wohlklingenden Titel. Was er allerdings nicht wusste: Er verdankte seinen neuen Posten vor allem einer gehörigen Portion Glück. Da der letzte Abteilungsleiter unerwartet weggezogen war, musste nun adhoc einer her, der in die schon vorbereitete Werbestrategie für die neu entwickelte Produktlinie passte. Die richtige Farbkombination in Kater Kevins Fell katapultierte ihn daher kurzerhand in den Chefsessel.

Das Werbeshooting fand bereits in der ersten Woche nach seinem Amtseintritt statt. Sein gold-gelbes Fell passte optimal zum Farbschema der Hochglanzbroschüre, die die Wertigkeit der neuen Produktlinie untermalte. Die Geschäftsführer waren hochzufrieden. Optisch gesehen hätten sie keinen besseren Abteilungsleiter rekrutieren können! Kater Kevin räkelte sich auf seinem Chefsessel. Er war das Gesicht der neuen Kampagne. Das ging runter wie Öl. Anerkennung und Bewunderung waren vorprogrammiert. Mit erhobenem Kopf betrat er von nun an das Büro, auf seinem Schreibtisch stets ein großer Strauß Narzissen. Überzeugt, dass nun auch alles andere, was er anpackte, von Erfolg gekrönt sein würde, leitete er die Abteilung der Produktentwicklung des Unternehmens, als hätte er nie etwas anderes gemacht. Er nickte Anträge und Business Cases ab, stellte Leute ein und entließ sie wieder, wenn es nicht so klappte, wie er es sich vorstellte. Dass er dabei nicht selten auch Situationen falsch bewertete oder unrealistische Er-

wartungen weckte, wischte er vom Tisch und verbannte kurzerhand das Wort „Fehler“ aus seinem Wortschatz. Kollegen mochten ihn daher nicht besonders.

Die beworbene Produktlinie lief derweil bestens an. Die Firma fuhr immense Gewinne ein. Kater Kevin nahm den Erfolg auf seine Kappe. Klar, dass da noch eine kräftige Gehaltserhöhung zu erwarten war. Doch wohin mit dem vielen Geld? Kater Kevin beschloss kurzerhand seinen eigenen Aktienfonds zu gründen. Wer, wenn nicht er? Er war zwar Neuling auf diesem Gebiet. Aber sein Frisör hatte ihm erst letztens einen heißen Aktientipp gegeben. Das war eine todsichere Sache. Schnell las er sich in die Materie ein und ließ schöne Hochglanzbroschüren drucken. Damit bewarb er seinen Fonds bei Freunden und Mitarbeitern, und nicht wenige steckten ihr Ersparnis in diese sichere Sache. Bedenkenträger entledigte er sich schnell. Schließlich sollten alle positiv in die Zukunft und auf eine hohe Rendite schauen. Kater Kevin klopfte sich auf die Schulter. Wenn er sich selbst nicht hätte! Er war einfach der Größte.

Leider lief der Fonds nicht so gut, wie es sich seine Anleger erhofften. „Dass die Index-Kurve hoch und runter geht, ist doch bei Aktien normal“, schimpfte Kater Kevin. Das schien die ersten Kritiker zu besänftigen. Doch als nur kurze Zeit später der Fondswert auf Null sank, standen seine Anleger wütend vor seiner Tür. Kater Kevin ließ sie nicht zu Wort kommen. Während er nämlich wusste, dass er ein hochbegabter Fondsmanager war, hatte das Volk offensichtlich keine Ahnung davon.

Und die Moral von der Geschichte: Nur weil man gut in einem Ding, ein anderes nicht automatisch auch gelingt.

Ihre Andrea Hauk,
andrea.hauk@gmx.de

FAKTENBOX

Sind Sie ein überdurchschnittlich guter Autofahrer? Herzlichen Glückwunsch. Fast alle Autofahrer denken genau das Gleiche über sich selbst. Leider haut das aber schon rein rechnerisch nicht ganz hin. Wir Menschen neigen zur Selbstüberschätzung, in so ziemlich allen Lebenslagen. Der sogenannte overconfidence bias ist bei Männern sogar noch stärker ausgeprägt als bei Frauen. Erfolge schreiben wir uns gerne selbst zu, Misserfolge den Anderen. Durch regelmäßiges Hinterfragen der eigenen Ansichten sowie durch ehrlichen, fachlichen Austausch und Abgleich mit Kollegen könnte diese kognitive Verzerrung vermutlich abgemildert werden. Dies ist in der Isolation der Führungsetage allerdings gar nicht so einfach. Wenn alles glatt läuft, führt man als Chef den Unternehmenserfolg daher gerne auf die eigene Leistung zurück. Selbstüberschätzung kann in manchen Situationen durchaus von Vorteil sein, weil man sich dann Dinge zutraut, die sich andere nicht zutrauen. Noch dazu wirkt ein selbstsicher, entscheidungsfreudiger Manager kompetent. Die Gefahr besteht jedoch darin, dass man immun gegen fachkundige Beratung wird, weil man seinen Erfolg oder sein Gehalt als Beweis dafür sieht, wie großartig man ist.

RÜCKBLICK

- 1/21 *Wie der Mensch das System Erde verändert*
- 1/21 *Der Kohlenstoffkreislauf im globalen Wandel*
- 1/21 *Klimaschutz mit Wald*
- 1/21 *Naturschutz und Klimawandel im Leipziger Auwald*
- 1/21 *Wie Bakterien Algen vernaschen*
- 1/21 *Ein Mikroorganismus mit Magnet-sinn*
- 1/21 *Vegetarier mit Helfern*
-
- 2/21 *Kieselalgen – winzig, aber wichtig*
- 2/21 *Quorum Quenching*
- 2/21 *Das Navigationssystem der Vögel – Teil 1*
- 2/21 *Symbiosen im Korallenriff*
- 2/21 *Die Unterteilung von Arten in Rassen*
- 2/21 *Rasse ohne Realität*

Die Wiedergabe von Gebrauchsnamen, Handelsnamen, Warenbezeichnungen und dgl. in dieser Zeitschrift berechtigt nicht zu der Annahme, dass solche Namen ohne weiteres von jedermann benutzt werden dürfen. Vielmehr handelt es sich häufig um gesetzlich geschützte eingetragene Warenzeichen, auch wenn sie nicht eigens als solche gekennzeichnet sind. – **Alle Rechte vorbehalten**, insbesondere die der Übersetzung in fremde Sprachen. Kein Teil dieser Zeitschrift darf ohne schriftliche Genehmigung des Verlages in irgendeiner Form – durch Fotokopie, Mikrofilm oder irgendein anderes Verfahren – reproduziert oder in eine von Maschinen, insbesondere von Datenverarbeitungsmaschinen verwendbare Sprache übertragen oder übersetzt werden. Nur für den persönlichen und sonstigen eigenen Gebrauch sowie für nicht kommerzielle Zwecke dürfen von einzelnen Beiträgern oder Teilen von ihnen einzelne Vervielfältigungsstücke hergestellt werden. Der Inhalt dieses Heftes wurde sorgfältig erarbeitet. Dennoch übernehmen Autoren, Herausgeber, Redaktion und Verlag für die Richtigkeit von Angaben, Hinweisen und Ratschlägen sowie für eventuelle Druckfehler keine Haftung.

BiuZ 4/2021 erscheint im November 2021

Biologie in unserer Zeit
finden Sie im Internet unter
www.biuZ.de

Hat Ihnen dieses Heft gefallen, aber Sie sind noch kein VBIO-Mitglied?

Die BiuZ gibt es exklusiv für VBIO-Mitglieder. Einfach beitreten unter www.vbio.de/beitritt und viermal im Jahr die Lektüre genießen!



IM NÄCHSTEN HEFT

Schwarmintelligenz

Schwärme, Herden oder Staaten zeigen intelligentes Verhalten, das von keinem seiner Mitglieder alleine hervorgebracht werden kann. Vielmehr entstammt es einem „Superorganismus“. Die Vernetzung vieler Individuen zu einem übergeordneten System findet sich mehrfach auf zellulärer bis organischer Ebene und führt zu synergistischen Effekten.



Foto: Sarah Swenty

Nachhaltigkeit durch Genomeditierung

Die Produktion von Nahrungsmitteln gilt global als der wichtigste Treiber für Umweltveränderungen. Um auf nachhaltige Weise eine wachsende Weltbevölkerung ausreichend mit gesunden Nahrungsmitteln zu versorgen, sind tiefgreifende Veränderungen in der Landwirtschaft notwendig. Dazu gehört die Nutzung des Innovationspotenzials neuer Züchtungsmethoden.



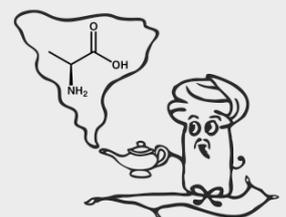
Foto: Hans Braxmeier

Insektenvielfalt im Totholz

Totholz ist eine wichtige Ressource in Waldökosystemen. Unter anderem bietet es im Winter einer Vielzahl an Insekten einen geschützten Überwinterungsplatz. Obwohl noch viele Wissenslücken bestehen, wird immer klarer, dass das Totholzangebot in unseren Wirtschaftswäldern für einen langfristigen Schutz seiner Bewohner deutlich erhöht werden muss.

**Aladins Wunderlampe**

Nicht-kanonische Aminosäuren liefern pharmakologisch bedeutende Verbindungen wie das Parkinson-Medikament L-DOPA oder Bestandteile von Antibiotika und Chemotherapeutika. Die industrielle Herstellung steht jedoch noch immer vor großen Herausforderungen. Dabei werden Enzyme immer wichtiger.



Cartoon: Johannes Kügler

Terra preta – Fakten und Mythen

Die mythenumwobene Indianerschwarzerde Amazoziens, auch „Terra Preta“ genannt, ist seit mehr als 40 Jahren Gegenstand von Spekulationen und intensiver Forschung. Inzwischen konnte ihre Entstehung weitgehend aufgeklärt werden. Die Anwendung des „Terra preta“-Konzepts erlaubt es, natürliche Ressourcen nachhaltig in einer biobasierten Kreislaufwirtschaft zu nutzen.





Verband | Biologie, Biowissenschaften
& Biomedizin in Deutschland

**GEMEINSAM
FÜR DIE**

BIEWISSENSCHAFTEN

Gute Gründe, dem VBIO beizutreten:

- Werden Sie Teil des größten Netzwerks von Biowissenschaftlern in Deutschland
- Unterstützen Sie uns, die Interessen der Biowissenschaften zu vertreten.
- Nutzen Sie Vorteile im Beruf
- Bleiben Sie auf dem Laufenden – mit dem VBIO-Newsletter und dem Verbandsjournal „Biologie in unserer Zeit“
- Treten Sie ein für die Zukunft der Biologie



www.vbio.de

Jetzt beitreten!

▶ erst 2022 zahlen!

