

4 | 2021

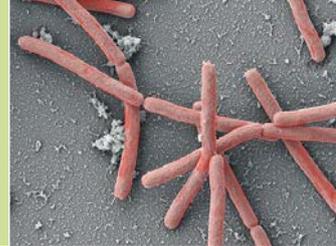
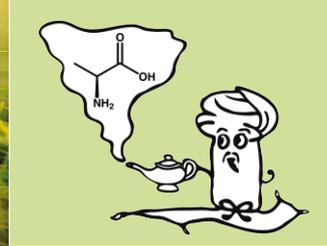
VBio

Verband | Biologie, Biowissenschaften
& Biomedizin in Deutschland

NACHHALTIGKEIT
Genomeditierte
Lebensmittel

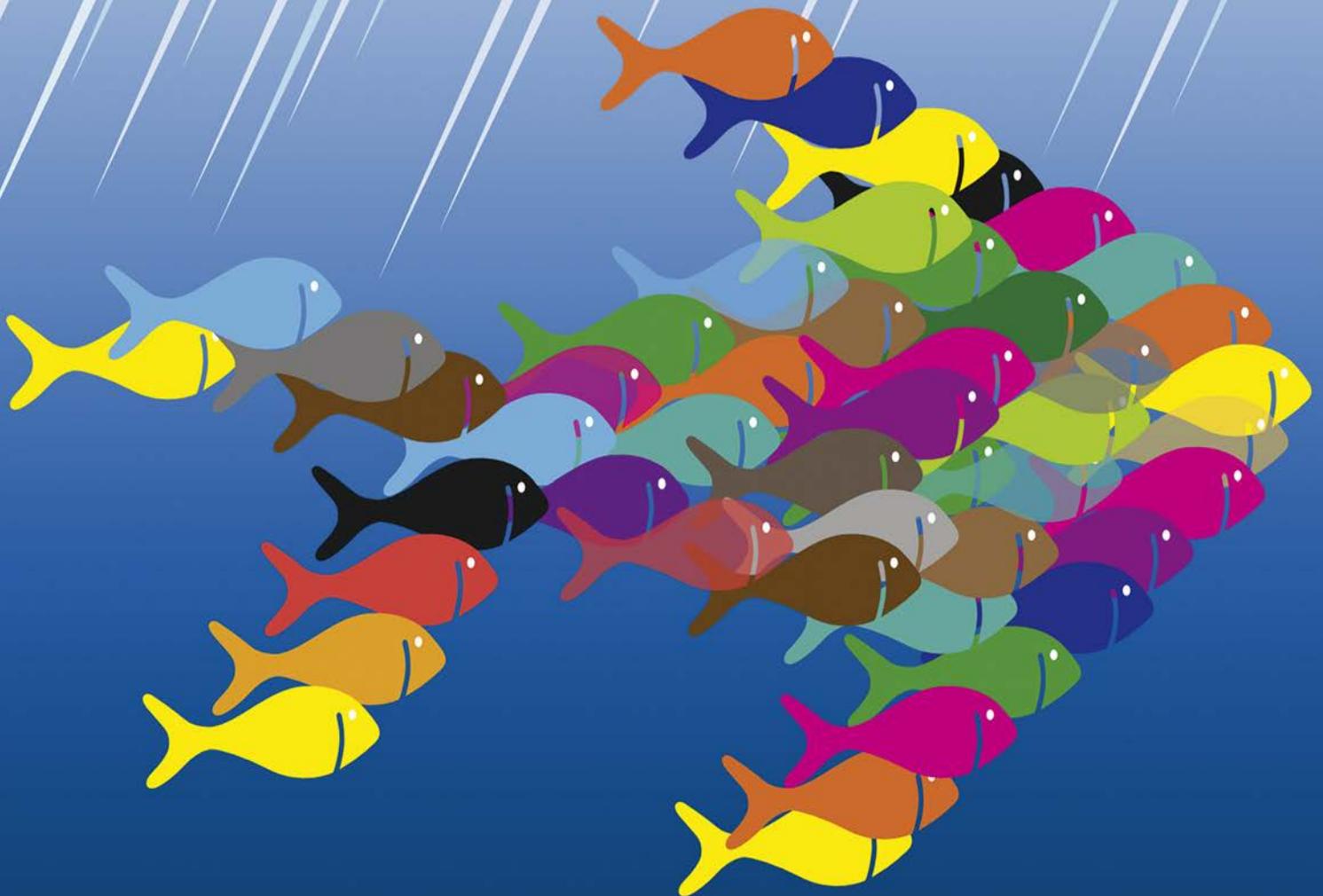
BIOTECHNOLOGIE
Nicht-kanonische
Aminosäuren

**MIKROBE DES
JAHRES**
Methanothermobacter



BIOLOGIE

IN UNSERER ZEIT



Schwarmintelligenz

Lohnen sich Schülerwettbewerbe in den Biowissenschaften?

Liebe Leserinnen und Leser, „Genes in Space“ (= GiS, <https://www.genesinspace.org/>) ist ein ziemlich spektakulärer und vor allem anspruchsvoller Schülerwettbewerb in den USA. Die Schüler/-innen der Klassen 7 bis 12 sollen ein molekularbiologisches Experiment entwickeln, das auf der Internationalen Raumstation (ISS) durchgeführt werden kann, das innovativ ist und eine Relevanz für die (bemannte) Raumfahrt hat. Trotz dieses hohen Anspruchs müssen die Organisatoren jedes Jahr über 500 Bewerbungen lesen und bewerten! Ein Wissenschaftlergremium wählt die fünf besten Vorschläge aus. Diese Teams werden zum „großen Finale“ nach San Francisco eingeladen, wo sie ihre Projekte vorstellen und wo schließlich die Sieger/-innen gekürt werden.

Für die Gewinner/-innen geht es dann richtig los: Sie arbeiten zunächst ihr Projekt im Detail aus und passen es zusammen mit der Sponsorfirma miniPCR und Wissenschaftler/-innen der NASA an die Gegebenheiten der Raumstation an. Dabei muss „abgespeckt“ und das Experiment auf das Nötigste reduziert werden. Viele Dinge sind auf der ISS einfach nicht möglich, und die Sicherheitsbestimmungen der NASA sind äußerst streng. „Jede Chemikalie, die gefährlicher als Wasser ist, wird von der NASA sehr skeptisch beäugt“, witzelte Aarthi Vijayakumar vom

Sieger-Team 2018. Nach allen Tests auf der Erde und der Instruktion der Wissenschaftsastronautin Christine Koch bringt Space-X das Experiment zur ISS und das GiS-Team darf beim Take-off natürlich dabei sein. Die ersten Daten werden per Funk übertragen, aber es kommen auch Proben zurück zur Erde, um die Ergebnisse zu validieren. Und wenn alles gut geht, wird das Projekt mit einer wissenschaftlichen Publikation abgeschlossen. Ein Preisgeld gibt es dagegen nicht. Ein Experiment zu entwerfen, für ein paar Tage mit den Wissenschaftler/-innen des ISS-Forschungsteams zu interagieren und beim Start dabei zu sein ist, für die Bewerber/-innen genug Anreiz. Für die Schulen der besten Vorschläge gibt es zusätzlich eine wertvolle Ausstattung für das Biologiabor.

Die Ideen der Teilnehmer/-innen und die experimentelle Herangehensweise sind sehr beeindruckend. Die 17jährige Selin Kocalar, Siegerin von 2021, wird im kommenden Jahr ihren Biosensor, der auf zellfreier Proteinsynthese basiert, auf die ISS schicken, um bakterielle Kontaminationen im Trinkwasser schnell und einfach zu detektieren. Kristoff Misquittas (GiS-Sieger 2020) Experiment ist am 10. August 2021 zur ISS gestartet. Er will das Mysterium untersuchen, warum Medikamente im Weltraum oft nicht die gleiche Wirkung zeigen wie auf der Erde. Dazu wendet er ein Verfahren an, mit dem die Expression von Leberenzymen der Astronaut/-innen auf der ISS gemessen wird. Das Team von 2018 hat jetzt die Arbeit mit einer tollen Publikation in PLOS ONE (<https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0253403>) abgeschlossen. Sie untersuchten, wie Strahlungsschäden unter Weltraumbedingungen repariert werden und analysierten dazu die Reparatur definierter DNA-Doppelstrangbrüche, die durch CRISPR-Cas9 induziert worden waren.

Sollte „Genes in Space“ in Deutschland eingeführt werden? Kürzlich hatte ich die Teammitglieder 2018 Rebecca Li, Aarthi Vijayakumar und Emily Gleason, eine der Betreuerinnen von der Firma miniPCR, zu einem Online-Interview zu Gast (<https://crispr-whisper.de/2021/08/09/crispr-in-space/>). Die Begeisterung der jungen Wissenschaftler/-innen, ihr Ideenreichtum und ihre hohe Motivation habe ich im Interview mit Rebecca und Aarthi



Foto: SpaceX.



Wolfgang Nellen war bis 2015 Professor für Genetik an der Universität Kassel und arbeitete an Regulationsmechanismen durch kleine RNAs. Heute engagiert er sich im Verein Science Bridge für Wissenschaftskommunikation, insbesondere zu Wirkungsweisen und Anwendungen von CRISPR-Cas, aber auch zu mRNA-Impfstoffen. Er ist Editor-in-Chief der *BiuZ*.

Science Bridge e.V. kooperiert bei der Entwicklung von Schulversuchen mit miniPCR-Bio. Die Firma hatte jedoch keinerlei Einfluss bei der Verfassung dieses Artikels.

deutlich gespürt. Viele der GiS-Teilnehmer/-innen haben erfolgreich einen Studienplatz an renommierten Universitäten ergattert, und sie werden voraussichtlich auch in Zukunft einen wichtigen Beitrag zu Wissenschaft und Forschung leisten.

Führt ein solcher Wettbewerb zur Entdeckung und Förderung junger Talente und ist das Konzept auf Deutschland übertragbar? Ich habe dazu mit Andreas Rienow von ESERO Germany gesprochen (ESERO ist das bildungspolitische Büro der Europäischen Raumfahrtbehörde ESA). Er sagt, dass die Biowissenschaften zweifellos eine prädominante Rolle in der Raumfahrt spielen und zurzeit im Programm von ESERO Germany etwas unterrepräsentiert sind. Er hat aber auch Zweifel, ob ein Wettbewerb wie „Genes in Space“ in Deutschland erfolgreich wäre und auf ausreichend Resonanz stoßen würde. Es stelle sich auch die Frage, ob wir nicht schon eine Sättigung an Schülerwettbewerben erreicht haben und die Betreuungskapazitäten der Schulen erschöpft seien.

Seit 1965 gibt es in Deutschland die sehr erfolgreiche Initiative „Jugend forscht“. Von den jährlich eingereichten etwa 5.000 Projekten entfällt eine Vielzahl auf die Biowissenschaften. Könnte daneben ein „Genes in Space – Deutschland“ bestehen? Die Faszination für die Themen Raumfahrt und Biologie sprechen dafür. Zudem bietet sich die Möglichkeit an, einen solchen Wettbewerb zu internationalisieren. Bei der Raumfahrt ist das offensichtlich: Immerhin sind wir an einer internationalen Raumstation beteiligt. Dass die Biologie international arbeitet, ist nicht jedem geläufig. Jörn Rittweger vom DLR (Deutsches Zentrum für Luft- und Raumfahrt) sieht gewisse Grenzen bei der Machbarkeit in Deutschland, weil die Möglichkeiten, Versuche auf die ISS zu bringen, eingeschränkt (und teuer!) sind. Dennoch hält er es für lohnend, ein deutsches GiS-Äquivalent anzustreben.

Reichen die Betreuungskapazitäten an deutschen Schulen aus? Nicht alle Lehrenden haben die Kraft und die Zeit sich für die über den reinen Schulunterricht hinausgehende Motivation ihrer Schüler/-innen zu engagieren und aufwändige Betreuungsarbeit zu leisten. Zudem müs-

sen Lehrende für anspruchsvolle, extracurriculare Projekte mit dem aktuellen Stand der Forschung vertraut sein – dafür fehlen je nach Forschungsgebiet oft die Möglichkeiten der externen Fort- und Weiterbildung. So stehen oft nur die Lehrkräfte zur Verfügung, die sich mit dem neuen Forschungsgebiet autodidaktisch auseinandersetzen.

Zudem sind Schulen im Bereich molekularbiologischer Experimente sehr eingeschränkt. Vieles, was in den USA als selbstverständlich gilt, ist in Deutschland verboten bzw. mit gewaltigen bürokratischen und finanziellen Hürden belegt. Man könnte Schülerlabore mit entsprechender Ausstattung auf solche Wettbewerbe ansetzen. Aber welches Schülerlabor hat die finanziellen und personellen Mittel, sich auf einen solchen Wettbewerb einzulassen? Mit entsprechenden Fördermitteln würde man jedoch gewiss einige Akteure finden.

Für Physik, Mathematik und Informatik geht es offensichtlich besser. Ich frage mich deshalb, ob die Biowissenschaften es versäumt haben, sich zu positionieren und das Feld weitgehend den anderen MINT-Fächern überlassen haben. Oder fehlt es der Biologie an Innovations- und Motivationskraft, Schüler/-innen für solche Aktivitäten zu gewinnen? Ohne industrielle Sponsoren wird es ohnehin nicht gehen. In USA sind es Boeing und miniPCR (<https://www.minipcr.com/>), die das Projekt gemeinsam mit der NASA tragen. Dabei bringt miniPCR neben geeigneten technischen Geräten und molekularbiologischer Expertise, umfangreiche Erfahrungen mit Schulexperimenten ein. Es wäre eine Herausforderung, hier ähnlich engagierte Sponsoren zu finden und zu überzeugen.

Mich hat die Begegnung mit „Genes in Space“ begeistert. Ob es sich lohnt, wenn sich der VBIO für ein „Genes in Space Deutschland“ einsetzt? Sagen Sie uns Ihre Meinung (redaktion@biuz.de oder nellen@uni-kassel.de)!

Ihr Wolfgang Nellen



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
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

Beilagenhinweis:

Dieser Auflage liegt eine Beilage der Wiley-VCH GmbH, Weinheim, bei.

BIOLOGIE

4 | 2021 IN UNSERER ZEIT
www.biuz.de



Ein Fischschwarm wirkt manchmal wie ein einziger großer Organismus: Seine Bewegungen sind geschmeidig, seine Reaktionen prompt und sein Verhalten scheint zielgerichtet zu sein. Anders als das Titelbild suggeriert, entspricht seine Form so gut wie nie dem eines großen Fisches. Aber wie die Zellen eines Organismus kommunizieren die Individuen im Schwarm ständig miteinander. Bei Schwarmfischen ist es vor allem die Seitenlinie, die Bewegungsrichtung und Geschwindigkeit der Nachbarn misst und die Einzeltiere individuell zueinander aufschließen lässt. Welche weiteren Eigenschaften Schwärme haben und wie diese die Technik inspirieren, lesen Sie in unserem Artikel auf Seite 330. Grafik verändert nach www.pixabay.com.

MELDUNGEN

306 Forschung & Entwicklung, Digitale Welt, Ausstellung

POLITIK UND GESELLSCHAFT

311 Die Stimme der Biologie in der Debatte zur Nachhaltigkeit

316 Was Lehrkräfteausbildung mit Wissenschaftskommunikation zu tun hat

TREFFPUNKT FORSCHUNG

320 Die Krause Minze – ein stiller Killer

321 Eine neue Partnerschaft mit Vögeln in der Neuen Welt

323 Der Hitler-Käfer aus Jugoslawien

324 Invasive tropische Landplanarie *Obama nungara* in Deutschland: Verhalten und Beutespektrum

326 Waldschutz versus Artenschutz

327 Europäische ScienceOlympiade 2021: Digitale Qualifikationsrunde abgeschlossen

329 Aus sauer mach süß – die Wunderbeere aus Westafrika

MAGAZIN

387 Mikroben verstehen: Mikrobielle Zwerge und Riesen

389 Bücher und Medien

392 Außerschulische Lernorte: Tiergarten Weilburg – „Heimische“ Wildtiere in Mittelhessen

394 Außerschulische Lernorte: Arche-Tierpark in Warder

395 Partner des Menschen: Brotweizen: vom Wildgras zur bedeutendsten Ackerpflanze weltweit

398 Kolumne: Verlustaversion

IM FOKUS

- 330** Schwarmintelligenz
Pascal Eitner
- 337** Mehr Nachhaltigkeit durch Genomeditierung
Stephan Clemens
- 346** Die Methanbildung bescherte revolutionäre Entdeckungen
Georg Fuchs
- 353** Spannende Insektenvielfalt im Totholz
Jörn Buse | Michael-Andreas Fritze | Nikolai Wollik
- 360** Terra Preta – Fakten und Mythen
Bruno Glaser
- 368** Eine neue Ära in der funktionellen Genetik
Gregor Bucher
- 376** Alanins Wunderlampe
Jens Rudat | Ulrike Engel

330 Schwarmintelligenz



Ein Zusammenschluss vieler Individuen zu einer Gemeinschaft ruft neue und ungeahnte Phänomene hervor. Dieser aus der Vernetzung vieler

Einzelorganismen geborenen Eigenschaft spüren auch Informatiker nach – und das mit Erfolg!

337 Mehr Nachhaltigkeit durch Genomeditierung

Die Produktion von Nahrungsmitteln droht schon heute, die Belastungsgrenzen unseres Planeten zu übersteigen. Um auch in Zukunft eine wachsende Weltbevölkerung mit gesunden Lebensmitteln versorgen zu können, müssen wir das Innovationspotenzial neuer Züchtungsmethoden nutzen.



360 Terra Preta – Fakten und Mythen

Die mythenumwobene Indianerschwarzerde Amazoniens – Terra Preta – ist seit mehr als 40 Jahren Gegenstand intensiver Forschung. Die Erkenntnisse bieten neue Impulse für den Aufbau einer bio-basierten Kreislaufwirtschaft.



353 Spannende Insektenvielfalt im Totholz

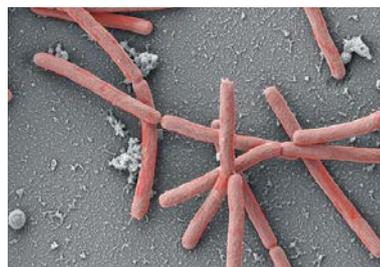
Viele Insekten wie Laufkäfer, Hummeln, Hornissen und Blattwespen sind für ihre Überwinterung auf Totholz angewiesen. Doch wie wichtig ein vielfältiges Totholzangebot für den Erhalt der Biodiversität ist, verstehen wir erst langsam.



368 Eine neue Ära in der funktionellen Genetik

Lange Zeit konnten Genfunktionen nur an wenigen Tierarten untersucht werden. Neue Technologien ermöglichen es nun, auch andere genetische Modellsysteme zu etablieren. Welche Chancen sich dadurch eröffnen, beschreibt unser Autor am Beispiel der Insekten.

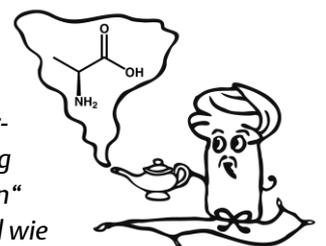
346 Die Methanbildung bescherte revolutionäre Entdeckungen



Die Entdeckung von Methanothermobacter offenbarte, dass neben Bakterien eine zweite Gruppe von Prokaryoten existiert – die Archaea. Viele ihrer ungewöhnlichen Eigenschaften wurden an dem als Mikrobe des Jahres 2021 ausgezeichneten Methanproduzenten entdeckt.

376 Alanins Wunderlampe

Es gibt viel mehr Aminosäuren als in Proteinen zu finden sind. Welche physiologische und pharmakologische Bedeutung diese „nicht-kanonischen“ Aminosäuren haben und wie sie hergestellt werden können, fasst unser Übersichtsartikel zusammen.



In den Tropen Südamerikas ist die Artenvielfalt viel größer als im tropischen Afrika. Das Bild zeigt einen nach dem englischen Ornithologen William Swainson benannten Swainson-Tukan (*Ramphastos swainsonii*). Der auch unter dem Namen Braunrückentukan bekannte Spechtvogel kann rund einen halben Meter groß werden und lebt in Mittel- und Südamerika.
Foto: Andy Morffew über www.pxhere.com.



FORSCHUNG & ENTWICKLUNG

Tropische Regenwälder sind die artenreichsten Lebensräume der Erde. Sie liegen mehrheitlich auf drei Kontinenten, darunter das Amazonasbecken in Südamerika, das Kongobecken in Zentralafrika und das riesige Inselarchipel Südostasiens. Verglichen mit Südamerika und Südostasien ist die Artenzahl in feuchten Tropenwäldern Afrikas bei vielen Organismengruppen jedoch deutlich kleiner. Weshalb dem so ist, ist unter Biodiversitätsforschenden umstritten. Einige Indizien sprechen dafür, dass das gegenwärtige trockenere und kühlere Klima für die geringere Artenvielfalt in Afrikas Tropenwäldern die Ursache ist. Andere Hinweise sprechen eher dafür, dass eine unterschiedliche Entwicklung der Umwelt und der Plattentektonik der drei Tropenwaldzonen über Dutzende Millionen von Jahren dafür verantwortlich ist. Forschende der ETH Zürich unter der Federführung von Loïc Pellissier, Professor für Landschaftsökologie, sind nun dieser Frage mithilfe eines neuen Computermodells nachgegangen, das ihnen erlaubt, die Evolution und Diversifizierung der Arten über viele Millionen von Jahren hinweg zu simulieren. Die Forschenden kommen zum Schluss, dass nicht das gegenwärtige Klima der Hauptgrund für die geringere Artenvielfalt der Regenwälder Afrikas sei, sondern vielmehr die Dynamik der Gebirgsbildung und Klimaveränderungen. Aktive Plattentektonik fördert die Bildung von Gebirgen wie den Anden in Südamerika oder die Entstehung von Insel-Archipelen wie in Südostasien. **Beide Prozesse führen dazu, dass sich viele neue ökologische Nischen bilden**, in denen wiederum zahlreiche neue Arten entstehen. Der Regenwaldgürtel Afrikas hingegen war in den vergangenen 110 Millionen Jahren tektonisch weniger aktiv. Pellissier und sein Team wollen ihre Simulationen nun auf weitere artenreiche Regionen ausweiten. Der Modellcode ist



Diese „Landkarte der Neuronentypen“ zeigt symbolisch die Ordnung der Nervenzellen im motorischen Kortex der Maus: Die großen genetischen Familien sind klar voneinander zu unterscheiden, wie Länder auf einer Karte. Innerhalb jeder Familie zeigen die Neuronen – hier abgebildet als weiße Punkte – mit Blick auf ihre wichtigsten Eigenschaften fortlaufende Veränderungen. Grafik: Franz-Georg Stämmele und Dmitry Kobak (Universität Tübingen).

queltoffen und kann von allen interessierten Evolutions- und Biodiversitätsforschenden genutzt werden.

www.etbz.ch

■ Schon seit mehr als 100 Jahren erforschen Neurowissenschaftlerinnen und -wissenschaftler die Eigenschaften der Neuronen im Gehirn. Eine der zentralen Fragen dabei ist, inwiefern sich die verschiedenen Nervenzelltypen voneinander unterscheiden und welchen Einfluss das auf die Hirnaktivität hat. Dem BRAIN Initiative Cell Census Network (BICCN), einer internationalen Forschungskollaboration, an der auch Forscher der Universität Tübingen beteiligt sind, ist jetzt ein Durchbruch gelungen: Sie haben einen Zellatlas erstellt, der einen **einzigartigen Überblick über die verschiedenen Neuronentypen** und ihre jeweiligen Eigenschaften im motorischen Kortex liefert, der Hirnregion, die unsere Bewegungsabläufe steuert – und zwar im Gehirn von Mäusen, Affen und Menschen. Der Atlas wurde am Mittwoch in einer Sonderausgabe von Nature veröffentlicht. „Die Daten aus dem neuen Zellatlas unserer Forschungskollaboration werden für die Neurowissenschaft eine unschätzbare wertvolle Ressource sein“, sagt

der Leiter des Projekts Philipp Berens, Professor am Forschungsinstitut für Augenheilkunde der Universität Tübingen und Sprecher des Exzellenzclusters „Maschinelles Lernen“. „Indem wir unser Wissen aus dem maschinellen Lernen einbringen, stellen wir die Verbindung von der Genetik zur Physiologie und zur Anatomie der Neuronen her. Das kann entscheidend sein, wenn es darum geht, Krankheiten, die das Gehirn betreffen, auf Ebene der Zellen zu verstehen.“ www.uni-tuebingen.de

■ Moore speichern doppelt so viel Kohlenstoff wie die gesamte Biomasse der Wälder der Welt. Viele Moorflächen weltweit wurden jedoch für Land- und Forstwirtschaft oder Torfabbau entwässert und dadurch in CO₂-Quellen verwandelt. Ihre Wiedervernässung ist für die Verringerung der CO₂-Emissionen unerlässlich. Wie allerdings die wiedervernässten Moore konkret aussehen, welche Vegetation sich einstellt und ob sie funktionell wieder ihrem natürlichen Zustand ähneln, ist bisher wenig erforscht. Unter Federführung von Wissenschaftler/-innen der Universitäten Greifswald und Rostock hat eine große Gruppe von Moorkundigen aus Europa Daten von hunderten

Für die Richtigkeit der Informationen sind die jeweils genannten Institutionen verantwortlich.



Wiedervernässte Moore im Peenetal in Mecklenburg-Vorpommern.

Foto: Stephan Busse.

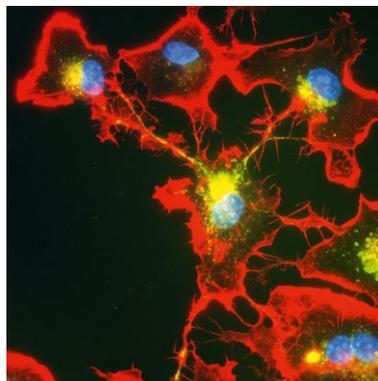
naturnahen und wiedervernässten Niedermooren in gemäßigten Zonen Europas miteinander verglichen. Ein besonderer „Datenschatz“ waren dabei die Daten aus Mecklenburg-Vorpommern, wo mehr als 30.000 ha der insgesamt in Deutschland bisher wiedervernässten Moorfläche von ca. 70.000 ha liegen. Die Ergebnisse der Studie deuten darauf hin, dass die Wiedervernäsung von entwässerten Niedermooren die Etablierung von hohen, grasartigen Feuchtgebietspflanzen wie Schilf und Rohrkolben begünstigt. Neben der veränderten Biodiversität zeigen die wiedervernässten Moore im Vergleich zu naturnahen Mooren stärkere Schwankungen im Wasserstand und verdichtete Torfe. Überraschenderweise bleiben die Unterschiede zwischen wiedervernässten und naturnahen Mooren langfristig erhalten. Diese neuartigen Ökosysteme müssen funktional anders bewertet werden als naturnahe Moore, d. h. die Übertragung von Wissen ist nur eingeschränkt möglich.

www.uni-greifswald.de

Das Protein Alpha-Synuclein (abgekürzt aSyn) erfüllt in den Nervenzellen des Gehirns wichtige Aufgaben. Unter bestimmten Umständen können aSyn-Moleküle jedoch miteinander verklumpen und unlösliche Aggregate bilden. Diese schädigen die Neuronen; man findet sie zum Bei-

spiel im Gehirn von Parkinson-Erkrankten oder von Betroffenen mit Lewy-Körperchen-Demenz. Die Immunzellen des Gehirns, **die Mikrogliazellen, versuchen daher, die aSyn-Aggregate abzubauen und zu entsorgen.** Dieser Prozess ist nicht nur zeitaufwändig; er kann auch dazu führen, dass die Mikrogliazellen selbst zugrunde gehen. „Wir haben nun einen Mechanismus identifiziert, der beide Probleme adressiert“, erklärt Prof. Dr. Michael Heneka, Direktor der Klinik für Neurodegenerative Erkrankungen und Gerontopsychiatrie am Universitätsklinikum Bonn.

Demnach können sich die Mikrogliazellen spontan zusammenschlie-



Mikroglia-Zellen (blau: die Zellkerne) können sich durch schlauchartige Fortsätze (rot) zusammenschließen und so gefährliche Proteine in Arbeitsteilung abbauen. Foto: AG Heneka (Universität Bonn).

ßen, um der Gefahr besser Herr zu werden. Sie bilden dazu schlauchähnliche Fortsätze, die an benachbarte Mikrogliazellen andocken. Durch diese Verbindungen werden die aSyn-Aggregate dann unter den Partnern des Netzwerks verteilt. Außerdem können über diese Verbindungsschläuche Mitochondrien an mit dem Abbau der Aggregate beschäftigte Nachbarzellen geschickt werden, um deren Energieversorgung zu verbessern. Möglicherweise eröffnen die neuen Ergebnisse mittelfristig auch neue therapeutische Perspektiven für neurologische Störungen wie Parkinson oder auch Demenz-Erkrankungen. www.uni-bonn.de

Milzbrand ist eine vom Bakterium *Bacillus anthracis* verursachte Infektionskrankheit, die in einigen Teilen Afrikas endemisch ist. Sie befällt Menschen, Nutztiere und Wildtiere. Ein Team des Gepardenforschungsprojekts des Leibniz-IZW rekonstruierte nun anhand von GPS-Telemetriedaten einen besonderen Fall in Namibia: Drei Geparde in der Namib-Wüste starben innerhalb von 24 Stunden, nachdem sie ein Bergzebra gefressen hatten, das später positiv auf den Erreger getestet wurde. Bei dem Bergzebra handelt es sich um den **ersten beschriebenen Fall eines mit Milzbrand infizierten Wildtieres in dieser Wüstenregion.** Er zeigt, dass es bisher unbekannte Risiken für die Geparden in der Wüste geben könnte. Raubtiere sind in der Regel weniger anfällig für Milzbrand als Pflanzenfresser. Insbesondere Geparde haben eine starke angeborene Immunität, die ihnen eine schnelle erste Abwehr gegenüber Krankheitserregern wie *Bacillus anthracis* bietet. „Nehmen Geparde jedoch eine große Menge an Bakterien auf, zum Beispiel mit dem Fleisch eines kontaminierten Kadavers, kann ihre angeborene Immunität überlastet werden“, erklärt Projektleiterin Bettina Wachter. „Geparde fressen kaum Aas, weshalb sie nur selten Beutetieren ausgesetzt sind, die mit Milzbrand infiziert sind. Infolgedessen



Besonderer Gepard in der Namib-Wüste. Foto: Ruben Portas (Leibniz-IZW).

bilden sie nur wenige Antikörper aus, die eine weitere Abwehrlinie darstellen würden. Geparde sterben daher sehr schnell, wenn sie mit Milzbrand infiziert sind, wie Untersuchungen im Etosha-Nationalpark im Norden Namibias zeigten.“ Dieser erste bestätigte Fall von Milzbrand in der Namib-Wüste bei Wildtieren zeigt, dass die Krankheit dort seit langem etabliert sein könnte. Der größte Teil der Namib-Wüste besteht aus Schutzgebieten, in denen Geparde und andere Arten einen wichtigen Zufluchtsort vor Konflikten mit Menschen finden. Die neuen Erkenntnisse können daher wichtig sein, um die Risiken für Geparden zu bewerten.

www.izw-berlin.de

DIGITALE WELT

Die meisten Menschen kennen Honigbienen. Wie viele unterschiedliche Wildbienenarten es gibt, wissen aber die Wenigsten. Eine neue Smartphone-App soll die Bestimmung der unterschiedlichen Arten erleichtern und so zum Schutz der bedrohten Bestäuber beitragen. Mit „Wildbienen Id BienABest“ können Interessierte rund einhundert der häufigsten und auffälligsten Wildbienen in Deutschland identifizieren. Die mobile Anwendung erlaubt eine bestandsschonende Bestimmung von Wildbienen im Feld, bei der die Bienen lebend

und vor Ort taxonomisch zugeordnet werden können. Durch die **einfache Handhabung und den verständlichen Aufbau** ist die App für Laien und Profis gleichermaßen geeignet. Die Wildbienenexperten Hans Schwenninger und Erwin Scheuchl haben für die App so genannte Stackingaufnahmen erstellt, die alle wichtigen Bestimmungsmerkmale wie Körperform, Farbe des Hinterleibs und Behaarung der Biene gut erkennen lassen. Entstanden ist die App „Wildbienen Id BienABest“ innerhalb des gleichnamigen Verbundprojekts des VDI e. V. und der Universität Ulm. Ziele von „BienABest“ sind es, den Rückgang der Wildbienen zu stoppen und den Nutzen der



Screenshot aus der App „Wildbienen Id BienABest“. Abb.: H. Schwenninger.

Bestäuber für Mensch und Natur aufzuzeigen. Die App „Wildbienen Id BienABest“ kann im GooglePlayStore (Android-Version) und im AppleStore (IOS-Version) kostenlos heruntergeladen werden.

www.uni-ulm.de

■ **ERDFREQUENZ**, der neue Podcast der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung, informiert über unser System Erde in all seinen Facetten: von den Tiefen der Meere bis in den Himalaya, von der Zeit der Dinosaurier bis zu Modellen für die Zukunft, von heimischen Wölfen und exotischen Spinnen, vom Verlust der Arten und dem globalen Klimawandel. Forscher/innen aus so unterschiedlichen Disziplinen wie Ökologie, Genomik, Meeresforschung oder Geologie erzählen unterhaltsam, aber dennoch mit thematischer Tiefe von abenteuerlichen Expeditionen und erläutern anschaulich, mit welchen Instrumenten und Methoden sie zu ihren Forschungsergebnissen kommen.



Den Auftakt des neuen Podcasts macht der Generaldirektor der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung Prof. Dr. Klement Tockner. Der international renommierte Gewässerökologe zeigt auf, wie wir Menschen uns die Erde zunutze gemacht und sie ins „Anthropozän“, das Zeitalter des Menschen, überführt haben. In Folge 2 des – auf allen bekannten Plattformen abrufbaren – Podcasts beantwortet die diesjährige Trägerin des Deutschen Umweltpreises Prof. Dr. Katrin Böhning-Gaese die Frage, ob die Vögel in Deutschland bald verstummen. Die nächsten, monatlich erscheinenden Folgen des

Podcasts drehen sich um Spinnen, Tiefseeforschung, Erdgeschichte und werfen einen Blick in die Zukunft unseres Planeten. Abrufbar ist ERDFREQUENZ auf Spotify, Amazon Music, iTunes und überall, wo es Podcasts gibt, sowie auf den Portalen von GMX und WEB.DE. Weitere Informationen finden Sie unter www.senckenberg.de/erdfrequenz.

AUSSTELLUNG

Dinosaurier sind seit 66 Millionen Jahren ausgestorben, und doch haben wir alle ein Bild von ihrer Existenz. Woher kommt dieses Wissen, wie sind die Bilder entstanden? Wie wurden die Saurier in Filmproduktionen dargestellt und sind diese Darstellungen auch wissenschaftlich korrekt? Die neue Ausstellung „**KinoSaurier. Fantasie und Forschung**“ im **Naturhistorischen Museum Wien** geht diese Fragen vom 20. Oktober 2021



Tyrannosaurus rex ist der Star von KinoSaurier. Foto: Günter Nikodim (NHM Wien).

bis zum 18. April 2022 nach – mit einer Reise durch die Filmgeschichte von den ersten plumpen Modellen des 19. Jahrhunderts bis zu den

agilen, computeranimierten Dinos des modernen Kinos. Zwischen Skeletten (wie etwa dem neu präparierten, 210 Millionen Jahre alten *Plateosaurus*-Skelett) und lebensgroßen Modellen werden die großen Wendepunkte in der wissenschaftlichen Rekonstruktion der Dinos und die rasch fortschreitende Entwicklung der Tricktechnik durch zahlreiche Filmsequenzen, Plakate und Werke der „Paläo-Art“ veranschaulicht. Dabei wird deutlich, dass bei der Entstehung der „KinoSaurier“ immer drei Faktoren zusammenspielen: die technischen Möglichkeiten bei Spezialeffekten, der jeweils aktuelle Stand der Forschung – und ein gewaltiger Schuss Fantasie. Die Ausstellung ist in den zwei Sonderschauläden und vier Kabinetten im Hochparterre zu sehen und ist in Kooperation mit dem Landesmuseum Hannover entstanden.

www.nbm-wien.ac.at

ROEMER- UND PELIZAEUS-MUSEUM IN HILDESHEIM

Seuchen stellen die größte Bedrohung der Menschheit neben dem Klimawandel dar, mit dem sie eng verbunden sind. Sie haben mehr Menschenleben gefordert als alle Kriege und Naturkatastrophen der Geschichte zusammen. Dem großen Pestausbruch des 14. Jahrhunderts, der Cholera-Pandemie im 19. Jahrhundert oder der Spanischen Grippe zu Beginn des 20. Jahrhunderts sind viele Millionen Menschen zum Opfer gefallen. Trotz großer Erfolge in der Medizin fordern Infektionskrankheiten auch heute noch Millionen Todesopfer. Der Ausbruch von COVID-19 hat der Menschheit vor Augen geführt, wie schnell ein Virus das Leben in der modernen vernetzten Welt zum Stillstand bringen und die Existenz von Millionen von Menschen bedrohen kann. Die **Sonderausstellung „Seuchen – Fluch der Vergangenheit, Bedrohung der Zukunft“**, die bis zum 01. Mai 2022 im Roemer- und Pelizaeus-Museum in Hildesheim gezeigt wird, zeichnet die Geschichte der Seuchen durch die Jahrhunderte nach und gibt einen Ausblick auf die Zukunft. Dabei werden sowohl großartige Kunstwerke und historische Objekte gezeigt als auch modernste Präsentationsformen wie Walk-In-Areas und Hologramme genutzt, um die Besucher in die Vergangenheit zu entführen oder Zeuge modernster Entwicklungen werden zu lassen. Die Ausstellung ist ein Kooperationsprojekt mit führenden medizinischen Einrichtungen wie der Medizinischen Hochschule Hannover und dem Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung.

www.rpmuseum.de

ROEMER- UND PELIZAEUS-MUSEUM HILDESHEIM

02.10.2021 – 01.05.2022

SEUCHEN

Fluch der Vergangenheit
Bedrohung der Zukunft

MHH
Medizinische Hochschule Hannover

AstraZeneca, BfArM, DGP, DFG, ERS, etc.

AUS DEM VBIO

Die Stimme der Biologie in der Debatte zur Nachhaltigkeit

Die Zahl der Akteure, die sich für nachhaltige Lebensweisen einsetzen, ist ebenso groß wie die Meinungs- und Lösungsvielfalt. Zentrale Messlatte jeglichen nachhaltigen Handelns ist die Intaktheit der Ökosysteme und die Gesundheit aller Lebewesen inklusive des Menschen. Hierfür setzt sich der VBIO seit seiner Gründung ein. Er wird zukünftig noch stärker ein Streiter für den Erhalt und die Erforschung der Biodiversität sein, eine Dialogplattform für die teils kontroversen Themen anbieten und als Katalysator für biologische Bildung und Outreach wirken. Zur Umsetzung wurde eine Projektgruppe „Biodiversität und Nachhaltigkeit“ gegründet, die auch weitere VBIO-Mitglieder mit ihren vielfältigen Expertisen zur Mitarbeit einlädt.

Erschreckend ist der Kontrast zwischen einerseits der anthropogenen Einflussnahme auf globale und lokale Prozesse in der Natur und andererseits der mangelnden Kenntnistiefe von deren Konsequenzen für Natur und Gesundheit. In gleichem Maße ist grundsätzlich klar, dass die menschliche Umgestaltung und Ausbeutung der terrestrischen und aquatischen Räume die Artenvielfalt und die groß- und kleinräumigen Muster der Biodiversität dramatisch verändern. Demgegenüber stehen unsere häufig begrenzten Kenntnisse des Artenreichtums – ein Großteil blieb bisher unentdeckt – sowie der physiologischen Fähigkeiten und ökologischen Funktionen der meisten Arten auf unserer Erde. Selbst die Abschätzung des Artenreichtums in spezifischen Biotopen und Regionen oder in taxonomischen Gruppen ist mit riesigen Fehlern behaftet, obwohl diese Kenntnis für Naturschutz, die Ökologie- und Evolutionsforschung und die angewandte Biologie von höchster Bedeutung ist [1] (Abbildung 1).

Hinzu kommt, dass die vorhandenen Datenbanken vielfach einen engen Fokus auf bestimmte Arten und Regionen aufweisen. Zum Beispiel wurde für Landpflanzen gezeigt [2], dass nur 17,7 Prozent der beschriebenen Arten in allen der drei wichtigsten Datenbanken enthalten waren. Es gibt daher einen dringen-

den Bedarf zur Vereinheitlichung und Zusammenführung der Big Data der Biodiversitätsforschung. Dies ist übrigens ein Anliegen der *International Union of Biological Sciences* [3].

Neben der tiefen Lücke im Erfassen und Verstehen der Biodiversität steht zusätzlich eine nur unzureichend vorhandene *Scientific Literacy*. Wir gehen davon aus, dass ein breites Verständnis naturwissenschaftlicher Vorgänge in der Bevölkerung auch ein besseres Verständnis der Zusammenhänge zwischen fehlender Nachhaltigkeit, Klimawandel, Biodiversität, Habitatfragmentierung, Zoonosen u.s.w. vermittelt.

Nachhaltigkeit und die Rolle der Biologie

Vor diesem Hintergrund ergeben sich vier grundsätzliche Forderungen:

(1) Stärkung der biologischen Forschung, um die Biodiversität – un-

ser Weltnaturerbe – besser zu verstehen und die Konsequenzen menschlichen Handelns für die biologische Vielfalt klarer zu definieren. Wir müssen möglichst viele Arten beschreiben, um sie vor dem Aussterben schützen zu können.

(2) Vertiefen der Kenntnisse über die mechanistischen Zusammenhänge in der Biologie auf den verschiedenen Kausalitätsebenen von Ökologie bis zur molekularen Zellbiologie und Genetik, um dem Klimawandel biologische Lösungen im Naturschutz, in der Agrar- und Forstwirtschaft und im Klimamanagement entgegenzusetzen.

(3) Biologische Systeme und ihre Funktionalität sind von unschätzbarem Wert und liefern wichtige Anhaltspunkte für Verhaltensänderungen im Sinne der ökologischen Nachhaltigkeit. Daher müssen sie stärker gewürdigt und in unser Handeln auf allen Ebenen einbezogen werden.

(4) *Scientific Literacy* und Beteiligungschancen müssen für die Gesamtbevölkerung deutlich gestärkt werden, damit die Zusammenhänge in der Natur und die Konsequenzen unseres Handelns für die Umwelt, Biodiversität und Gesundheit jedes Einzelnen systemisch besser verstanden werden.

Was kann und soll der VBIO zu diesem Diskurs beitragen? Seit seiner Gründung im Jahr 2007 gehören Biodiversität und Umwelt zu den Hauptthemen des VBIO [4]. National und international adressierte Stellungnahmen und Positionspapiere wurden insbesondere zum Nagoya-Protokoll und dem Access and Benefit Sharing



ABB. 1 Unentbehrliche Teile eines Systems – Zahnrad versus Mycorrhizapilz.

ABB. 2 Zusammenfügen der Teile: Transmissionsriemen – Rhizosphäre.



(ABS) verfasst. Die Zuspitzung der Klimakrise, Ressourcenübernutzung und der Nachhaltigkeitsproblematik allgemein ruft nach Ausweitung dieser Aktivitäten des VBIO. Zu diesem Zweck hat das Präsidium eine Projektgruppe „Biodiversität und Nachhaltigkeit“ unter Vorsitz von Dr. Sven Bradler (siehe Kasten „Einsichten eines Biodiversitätsforschers“) eingerichtet. Im ersten Schritt war die Weite des Themenfelds einzugrenzen und die Frage zu beantworten, mit welchem Ziel der VBIO aktiv werden soll.

Eine Rahmenbedingung erschließt sich aus dem Auftrag des VBIO als Verband der Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin, sich für die belebte Umwelt, die Gesundheit und die sich damit befassenden Wissenschaften einzusetzen. Mittlerweile wurden drei Aktivitätsfelder identifiziert, die auf den Stärken des VBIO aufbauen und die wir im Folgenden zur Diskussion stellen wollen: Wir wollen (1) für den Erhalt und die Erforschung der Biodiversität auf allen Ebenen eintreten. Als wissenschaftliche Organisation suchen wir den wissenschaftlichen Dialog. In wenigen Fällen gibt es genau die eine

richtige Lösung; in vielen Fällen benötigen wir den fairen und faktenbasierten Austausch von Meinungen, um den optimalen Weg zu finden. Dafür will der VBIO (2) eine Dialogplattform bereitstellen. Durch die Expertisen in den Fachgesellschaften, der Fachsektion Didaktik der Biologie (FDdB) und seine Arbeitskreise kann der VBIO maßgeblich als (3) Katalysator für biologische Bildung und *Outreach* wirken.

Der VBIO als Streiter für die Biodiversitätsforschung

Vermutlich steht die Welt derzeit am Beginn eines massenhaften Artensterbens, wie es erdgeschichtlich zuletzt mit dem Verschwinden der Dinosaurier vor gut 65 Millionen Jahren auftrat. Knapp 30.000 Landwirbeltierarten finden sich derzeit als gefährdet auf der Roten Liste der bedrohten Arten und von etwa 500 dieser Spezies sind Populationsgrößen von weniger als 1000 Individuen dokumentiert, womit ein Aussterben in den nächsten zwei Dekaden als wahrscheinlich gilt [5]. Für Wirbellose zeichnet sich ein anderes Bild: Es mangelt insbesondere an verlässlichem Monitoring, denn die meisten

Arten sind nicht einmal wissenschaftlich beschrieben, finden sich folglich auf keinen Roten Listen und entziehen sich weitgehend unserer Betrachtung. Von über einer Million beschriebenen Insektenarten weist die IUCN (*International Union for Conservation of Nature and Natural Resources*) weniger als 12.000 als gefährdet und gerade einmal 63 als ausgestorben aus [6]. Diese Zahlen spiegeln den tatsächlichen Sachstand nicht wider.

Um das Defizit zu beheben, mangelt es jedoch an Expertise. Die Anzahl der taxonomisch Forschenden geht in unserem Land seit Jahren zurück und entsprechende Lehrstühle sind an deutschen Hochschulen weitgehend verschwunden. Biodiversitätsforschung jenseits der Ökologie findet fast ausschließlich an Forschungsmuseen statt. 2007 forderten zahlreiche Fachverbände gemeinsam mit dem VBIO (damals vdbiol) eine „Nationale Ausbildungsinitiative Taxonomie“ und die Einrichtung entsprechender Stiftungsprofessuren [7]. Einzelne Taxonomie-Professuren wurden in den Folgejahren etabliert, jedoch nicht im notwendigen Umfang, um die Ausbildung des wissenschaftlichen Nachwuchses in der erforderlichen Breite sicherzustellen.

Der VBIO setzt sich dafür ein, die Lehrangebote im Bereich Biodiversität und Naturschutz auszubauen. Nur so wird es möglich sein, ausreichenden Nachwuchs auszubilden, der für die Herausforderungen der Zukunft nötig ist. Integrative moderne Biodiversitätsforschung verbindet automatisierte molekularbiologische, morphometrische und bildgebende

DER VBIO ALS STREITER FÜR DIE BIODIVERSITÄTSFORSCHUNG

- **Biodiversitätsforschung braucht moderne Methoden und Artenkennner.** Es reicht nicht aus, Arten mit einem Namen zu benennen. Es braucht auch Informationen zur Biologie und Funktion der Art.
- **Biodiversität in der Hochschullehre ausbauen.** Bei aller Autonomie der Hochschulen setzt sich der VBIO dafür ein, die Lehrangebote im Bereich Biodiversität und Nachhaltigkeit auszubauen.
- **Notwendigkeit von Langfristuntersuchungen.** Biodiversität ist nicht statisch, sondern wandelt sich in Raum und Zeit. Daher bedarf es langfristiger Untersuchungen in repräsentativen Einzelgebieten.
- **Verantwortungsvolle Biodiversitätsforschung gestalten.** Biodiversitätsforschung findet in einem Umfeld statt, das nicht allein wissenschaftlichen Erfordernissen unterliegt. Regulierungen dürfen Biodiversitätsforschung nicht behindern oder gar unterbinden.

Methoden und kann auf klassische Artenkenntnis nicht verzichten. Neben der Beschreibung der taxonomischen Vielfalt benötigen wir Informationen zur Ökologie und zur Funktion der Art im System (Abbildung 2). Der Biodiversitätswandel muss in langfristigen Projekten untersucht werden, was jedoch den eher kurzfristig angelegten Förderstrategien der meisten Drittmittelgeber entgegensteht. Die wenigen bestehenden, langfristig orientierten Biodiversitätsobservatorien gilt es zu sichern und auszubauen und neue zu implementieren. Nur so lassen sich ausreichend Daten über repräsentative Einzelgebiete gewinnen, aus denen sich wiederum Aussagen für die Gesamtfläche und Abschätzungen für die Zukunft ableiten lassen.

Gerade weil die Biodiversität und ihr Erhalt eine globale Zukunftsaufgabe ist, findet die Biodiversitätsforschung in einem gesellschaftlichen und politischen Umfeld statt, das nicht allein wissenschaftlichen Erfordernissen unterliegt. Der VBIO setzt sich vor diesem Hintergrund seit Jahren für faire Regelungen bei Zugang und gerechtem Vorteilsausgleich im Rahmen von ABS ein. Entsprechende Regulierungen müssen aber so ausgestaltet werden, dass sie die Biodiversitätsforschung nicht behindern oder gar unterbinden. Verantwortungsvolle Biodiversitätsforschung muss im eigenen Interesse sensibel mit diesen Aspekten umgehen.

Der VBIO als Dialogplattform

Die bisher beispielhaft erörterten Themenfelder machen die Notwendigkeit von wissenschaftlichem Dialog und Wettstreit der Ideen deutlich, die dringend erforderlich sind, um die negativen Folgen der Ressourcenübernutzung abzumildern bzw. abzuwenden. Dies ist umso nötiger, als die verfügbaren Ressourcen und Kapazitäten sowohl auf der Seite der Natur als auch auf der Seite der Akteure und Finanzmittel begrenzt sind. Zu erreichen ist ein stabiles und naturverträgliches Gleichgewicht zwischen Entnahme und Rückgabe

als austariertes Kreislaufsystem. Allerdings gibt es den zusätzlichen entscheidenden Aspekt des ökologischen, ökonomischen und sozialen Ausgleichs auf regionaler und globaler Skala. Diese herausfordernde Komplexität wurde in den Nachhaltigkeitszielen *Sustainable Development Goals* (SDG) der Vereinten Nationen (UN) abgebildet, die insgesamt 17 Ziele umfassen [8]. Die ersten Ziele betonen den sozialen und ökonomischen Ausgleich, beispielsweise SDG 1 „Keine Armut“. Allerdings ist bereits SDG 2 „Kein Hunger“ untrennbar mit der Funktionalität biologischer Systeme verbunden. Dreizehn der 17 SDGs fokussieren auf die belebte Umwelt und Gesundheit oder hängen von Beiträgen der Biologie und Biomedizin ab.

Wenn der Beitrag der Biologie so klar ist, bedarf es dann einer Dialogplattform? Die Komplexität der belebten Umwelt, der Analyseansätze in den Fachdisziplinen und der abgeleiteten Lösungsvorschläge fordert zwingend den disziplinären und interdisziplinären Austausch. Lösungsansätze, die zum Erreichen einzelner SDGs optimal wären, kollidieren diametral mit anderen. Intensive Landwirtschaft zum Erwirtschaften maximaler Erträge übernutzt ggf. die Böden, gefährdet die Gewässer und dezimiert die Biodiversität. Maximaler Naturschutz von Gebieten mit umfassenden Betretungs- und Bewirtschaftungsverboten entzieht diese Gebiete der Nutzung zu Zwecken anderer Ökosystem-Services wie Weidewirtschaft und Naturerfahrung. Bedeutsam ist, dass hier sehr differenziert argumentiert wird.

Der VBIO beabsichtigt, Zielkonflikte und unterschiedliche Sichtweisen im Dialog zu besprechen. Dazu bieten sich verschiedene Formate an, beispielsweise in unserer Zeitschrift *Biologie in unserer Zeit* (BiuZ) und in moderierten Formaten. Ziel ist es, zu informieren und zu sensibilisieren sowie die faktenbasierte Meinungsbildung und den -austausch zu unterstützen – sachlich, tolerant und respektvoll.

VBIO in der biologischen Bildung zu Nachhaltigkeit und Biodiversität

Auch aus der Perspektive der Bildung stellen die Herausforderungen der Nachhaltigkeit und Biodiversität eine gewaltige Aufgabe dar, die sich auf den Biologieunterricht, aber auch auf die Kommunikation in eine breite Öffentlichkeit im Sinne lebenslangen Lernens bezieht [9]. Bildung ist „die bedeutendste transformative Kraft für eine zukunftsfähige Entwicklung“ [10]. Die UNESCO [9] proklamiert, dass „Bildung für nachhaltige Entwicklung den Lernenden aller Altersgruppen mit Kenntnissen, Fähigkeiten, Wertemaßstäben und Einstellungen ausstattet, um die vernetzten globalen Herausforderungen zu adressieren. Dies schließt insbesondere den Klimawandel, Umweltschädigung, Biodiversitätsverlust, Armut und ungleiche Lebensbedingungen ein.“ Damit wird deutlich, dass neben Sachkenntnis auch Bewertungskompetenz zu erlernen ist, die zu einem sachbezogenen und ethisch reflektierten Entscheidungsvermögen führen.

Bildung für nachhaltige Entwicklung orientiert sich genau wie die Forschung zur Nachhaltigkeit an den *Sustainable Development Goals* (SDGs) der UNESCO [11], womit eine Klammer zwischen fachlichen und bildungsbezogenen Zielen des VBIO gegeben ist. Auch die *International Union of Biological Sciences* weist Bildung zu den SDGs als zentrale Herausforderung aus. Hochwertige Bildung ist selbst als Ziel 4 Bestandteil der SDGs [8]. Der Einsatz des VBIO zielt hier basierend auf der Kommunikation biowissenschaftlicher und biomedizinischer Erkenntnisse auf „Bildung für nachhaltige Entwicklung und nachhaltige Lebensweisen“ und „Kultur zur nachhaltigen Entwicklung“ (Unterziel 4.7) ab. Qualitativ hochwertige Bildungsangebote müssen den aktuellen wissenschaftlichen Erkenntnissen und Herausforderungen Rechnung tragen sowie durch Evaluation zielorientiert weiterentwickelt werden, was fach-



ABB. 3 Systeme – Basaltfabrik Stöckelpark versus Dreifelderweiher (Westerwald).

kundige Kommunikator/-innen und Bildungsexpert/-innen erfordert. Wenn Bildung derart gelingen soll, bedarf es Partnerschaften, die sich neben Schulen auf vielfältige Akteure im außerschulischen Bildungsbereich (z. B. Volkshochschulen, Museen) bis hin zum Freizeitbereich erstrecken. Diese breite Verankerung unterstützt der VBIO im Einklang mit den Zielen der UN-Dekade „Bildung für eine nachhaltige Entwicklung“ [12] und des nationalen Aktionsplans zur Roadmap „BNE 2030“ [13]. Die Vielfalt der Bildungsangebote erscheint uns essentiell, um die Komplexität des Themas in seiner weitreichenden Bedeutung begreifbar werden zu lassen.

Schulische Bildung für nachhaltige Entwicklung fußt auf Steuerungsdokumenten (Bildungsstandards und Orientierungsrahmen), für deren fundierte und zukunftsweisende Ausgestaltung sich der VBIO seit jeher einsetzt. So unterstützt der VBIO die aktuelle Erweiterung des Orientierungsrahmens zum Globalen Lernen von KMK und BMZ für die Gymnasiale Oberstufe und plädiert hier für eine vertiefte Vermittlung der fachbezogenen Komplexität von Nachhaltigkeitsfragen [14]. Durch die seit 2004 bundesweit geltenden Bildungsstandards der KMK für das Fach Biologie für den Mittleren Schulabschluss [15] wird im Kompetenzbereich „Bewertung“ als Standard eingeführt, dass Lernende die Beeinflussung globaler Kreisläufe und Stoffströme unter dem Aspekt der

nachhaltigen Entwicklung bewerten und Handlungsoptionen einer umwelt- und naturverträglichen Teilhabe im Sinne der Nachhaltigkeit erörtern können sollen. Ferner wird als Standard gefordert, dass in Entscheidungssituationen bekannte Bewertungskriterien zu Gesundheit, Menschenwürde, intakte Umwelt und Nachhaltigkeit herangezogen, in Beziehung gesetzt, auf ihre gesellschaftliche Relevanz überprüft werden und Fremdperspektiven eingenommen werden können. Mit Beschluss der KMK vom 18.06.2020 sind auch Bildungsstandards im Fach Biologie für die Allgemeine Hochschulreife erschienen [16]. In diesen sind sowohl Nachhaltigkeit als auch Biodiversität mit hohem Stellenwert verortet. Hier wird gefordert, dass Zusammenhänge sowie Vernetzungen zwischen Systemebenen von der molekularen Ebene bis hin zur Ebene der Biosphäre berücksichtigt werden müssen (Abbildung 3). Sie weisen ferner darauf hin, dass Systemebenen häufig Eigenschaften aufweisen, die in den darunter oder darüber liegenden Ebenen nicht erkennbar sind. Deshalb verlangen sie mit Blick auf den Erwerb einer grundlegenden Sachkompetenz, Biodiversität auf der genetischen, organismischen und ökologischen Ebene zu betrachten, d. h. Biodiversität nicht nur mit Artenvielfalt gleichzusetzen, sondern als Gesamtheit des Lebens auf der Erde (Gene, Arten, Lebensräume) zu sehen.

Die Verankerung von Inhalten und Kompetenzen für nachhaltige Entwicklung von der frühen Bildung bis in den Fachunterricht verlangt gut ausgebildete Lehrkräfte, die sich dieser Herausforderung kompetent stellen können. Hier will der VBIO unterstützen durch Informationsangebote und eine Dialogplattform, aber auch durch Fortbildungsangebote zu neuesten Erkenntnissen und Forschungsergebnissen in Partnerschaft mit Wissenschaftler/-innen, Fachgesellschaften, Landesverbänden sowie der FDdB und den Arbeitskreisen des VBIO.

Der VBIO tritt nicht nur für Schul- oder Hochschulbildung ein, sondern auch für lebenslanges Lernen und Wissenschaftskommunikation mit dem Ziel eines Beitrags zur *Scientific Literacy* aller Bürger/-innen [17]. Diese Notwendigkeit richtet sich besonders auf die Biologie mit ihrer hohen Dynamik an fundamentalen neuen Erkenntnissen und ihrer großen gesellschaftlichen, wirtschaftlichen und politischen Bedeutung. Der VBIO ist hier ein starker Partner; er versteht *Scientific Literacy* dahingehend, dass sie die notwendigen Grundkenntnisse und Kompetenzen, aber auch die konstruktive Beteiligungsbereitschaft zur Bewertung, zum Entscheiden und Handeln individuell und gesellschaftlich beinhaltet.

Perspektiven

Das zentrale Handlungsprinzip Nachhaltigkeit in seiner Mehrdimensionalität stellt einen hohen Anspruch an verantwortungsvolles menschliches Tun. Der VBIO möchte hier achtsam sein und aus der biologiewissenschaftlichen, biomedizinischen sowie fachdidaktischen Perspektive Informations- und Aufklärungsarbeit leisten. Die Themen der Nachhaltigkeit und Biodiversität, wie sie in der neu gegründeten Projektgruppe angegangen werden, begründen vielfach die Faszination und breite Motivation, sich für Biologie zu interessieren und einzusetzen. Der *One Health*-Ansatz baut

auf der Erkenntnis auf, dass die Gesundheit des Menschen, der Tiere und Pflanzen und der Natur eng miteinander verknüpft sind. Dieser Artikel wurde in der Woche der Veröffentlichung der Sao Paulo-Erklärung zur planetaren Gesundheit fertiggestellt [18], die der VBIO unterstützt. Mit den drei definierten Handlungsebenen des Aufgreifens spezifischer Themen, des Katalysierens faktenbasierter Dialoge und des Eintretens für und Anbietens von Bildung eröffnen sich u. E. wichtige Aktivitätsfelder für den VBIO. Wir wollen hier unseren Beitrag leisten und sind uns sicher, dass Sie dazu in Kürze mehr von uns hören und bei Interesse Ihr Engagement integriert werden kann.

Literatur

- [1] S. M. Edie et al. (2017). Probabilistic models of species discovery and biodiversity comparisons. PNAS 114, 3666–3671.
- [2] W. K. Cornwell et al. (2019) What we (don't) know about global plant diversity. *Ecography* 42, 1819–1831.
- [3] www.iubs.org/iubs-activities/scientific-programmes/governance-of-global-taxonomic-lists.html
- [4] www.vbio.de/biodiversitaet
- [5] G. Ceballos et al. (2020). Vertebrates on the brink as indicators of biological annihilation and the sixth mass extinction. PNAS 117, 13596–13602.
- [6] IUCN Red List of Threatened Species, www.iucnredlist.org
- [7] www.vbio.de/themenspektrum/biodiversitaet/taxonomie
- [8] United Nations Resolution (2015) 70/1. Transforming our world: the 2030 Agenda for Sustainable Development. www.un.org/ga/search/view_doc.asp?symbol=A/RES/70/1&Lang=E
- [9] <https://en.unesco.org/themes/education-sustainable-development>
- [10] BMZ (2016). Orientierungsrahmen für den Lernbereich Globale Entwicklung. Cornelsen Verlag, S. 21.
- [11] https://www.unesco.de/sites/default/files/2018-08/unesco_education_for_sustainable_development_goals.pdf
- [12] www.bne-portal.de/.../nationaler-aktionsplan/bildung-fuer-nachhaltige-entwicklung-bis-2030
- [13] Deutsche UNESCO-Kommission (2011). UN-Dekade „Bildung für nachhaltige Entwicklung“ 2005–2014. BMBF.
- [14] <https://ges.engagement-global.de/erweiterung-gymnasiale-oberstufe.html>
- [15] Kultusministerkonferenz (2004). Bildungsstandards im Fach Biologie für den Mittleren Schulabschluss. Luchterhand, S. 15
- [16] Kultusministerkonferenz (2020). Bildungsstandards im Fach Biologie für den Mittleren Schulabschluss. Carl Link.
- [17] https://www.vbio.de/fileadmin/user_upload/Schule/pdf/2021_nicht-formale_Bildung_A.pdf
- [18] www.planetaryhealthalliance.org/sao-paulo-declaration

Sven Bradler, Göttingen
Marga Radermacher, Odenthal
Robert Hänsch, Braunschweig
Kerstin Elbing, Berlin
Kerstin Kremer, Gießen
Karl-Josef Dietz, Bielefeld

EINSICHTEN EINES BIODIVERSITÄTSFORSCHERS



Der Sprecher der Projektgruppe Nachhaltigkeit und Biodiversität des VBIO ist der Biodiversitätsforscher Dr. Sven Bradler. Er studierte nach dem Abitur 1991 an der TU Hannover und der Universität Göttingen. Herr Bradler widmet sich der Biologie mit Schwerpunkt Zoologie, wobei er in seiner Forschung morphologische und molekularbiologische Methoden verknüpft. In seiner Dissertation 2006 rekonstruierte er die Phylogenie der Stabschrecken. Nach der Habilitation 2015 setzte er seine Arbeit in Göttingen mit

eigener Arbeitsgruppe fort. Herr Bradler ist Mitherausgeber zahlreicher Fachjournale, Senator seiner Universität, stellvertretender Vorsitzender der Deutschen Zoologischen Gesellschaft und Deutschen Gesellschaft für allgemeine und angewandte Entomologie und seit 2020 Mitglied des Präsidiums der VBIO. Aktuell hält Herr Bradler ein renommiertes Heisenberg-Stipendium der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG).

VBIO: Sie forschen an Insekten, insbesondere an Stab- und Gespenstschrecken. Wie sind Sie zur Biodiversitätsforschung und zu den Insekten gekommen?

Bradler: Insekten hatten mich schon als junger Schüler fasziniert. Im Kinderzimmer beobachtete ich Ameisen beim Bauen von Gängen oder Grashüpfer beim Werbegesang. Die ersten Stabschrecken erhielt ich von meinem Biologielehrer. Im Studium lernte ich, dass diese Insekten evolutionärsbiologisch kaum erforscht sind und erkannte eine Nische für meine Forschungstätigkeit.

VBIO: In verschiedenen Funktionen, so jetzt auch als Vorsitzender der Projektgruppe Biodiversität und Nachhaltigkeit im VBIO, setzen Sie sich

für nachhaltiges Wirtschaften ein. Warum brennen Sie für dieses Thema und was wollen Sie erreichen?

Bradler: Während meiner Forschungsreisen zu Hotspots der tropischen Biodiversität habe ich die bis zum Horizont reichenden geschlossenen Regenwälder Neuguineas und die spärlichen Regenwaldreste Madagaskars kennengelernt. An beiden Orten war die Mehrzahl der aufgefundenen Insekten wissenschaftlich unbekannt. Die Gefahr, dass diese faszinierenden Biotop mit ihrer Artenvielfalt unwiederbringlich verloren gehen, bedrückt mich. Mit dem Insektensterben vor unserer Haustür ist uns diese Bedrohung besorgniserregend nahegekommen. Ich möchte das Bewusstsein für den Wert von Biodiversität in der Hoffnung vergrößern, dass verstärkt Schutzmaßnahmen zu deren Bewahrung lokal sowie global ergriffen werden.

VBIO: Wie sähen zwei Wünsche an die Politik oder Forschungsförderung aus?

Bradler: Der Verlust artenreicher Lebensräume wie etwa der Regenwälder Südamerikas, aber auch mariner Habitats, deren Zustand gewaltigen Einfluss auf das Klima hat, liegt bislang nicht ausreichend im Fokus der Politik. Ich wünsche mir, dass dem Schutz dieser bedrohten Räume höhere Priorität eingeräumt wird und zukünftiges außenpolitisches Handeln stärker bestimmt. Zugleich können wir kaum schützen, was wir nicht kennen. Biodiversitätsforschung wird durch die gesetzlichen nationalen und internationalen Rahmenbedingungen und Gesetze zunehmend erschwert. Die Förderorganisationen müssen sich deshalb massiv dafür einsetzen, dass uns Forschenden die Biodiversität wissenschaftlich zugänglich bleibt, und die erforderlichen Mittel dafür bereitstellen.

AUS DEM VBIO

Was Lehrkräfteausbildung mit Wissenschaftskommunikation zu tun hat

Eine gute und vor allem anschlussfähige biologische Grundbildung ist wichtiger denn je. Deren Basis wird in der Schule gelegt und muss dann durch Angebote der nicht-formalen Bildung lebenslang weiterentwickelt werden. Zu diesen Punkten hat sich der VBIO verschiedentlich positioniert. Dreh- und Angelpunkte sind dabei neben strukturellen Rahmenbedingungen auch qualifizierte und begeisterte Vermittlerinnen und Vermittler – sei es im Biologieunterricht oder bei der Wissenschaftskommunikation. Naturwissenschaftliches Grundverständnis, Fachwissenschaft und Fachdidaktik müssen dazu beitragen, entsprechende Kompetenzen an Biologie-Studierende zu vermitteln. Trotzdem scheint es manchmal, als wäre eine gehörige Portion Sand im Getriebe, wenn es um die Zusammenarbeit der jeweiligen Akteurinnen und Akteure geht. Vor diesem Hintergrund hat Kerstin Elbing kürzlich mit zwei von ihnen ein Gespräch geführt (Abbildung 1): mit Prof. Dr. Kerstin Kremer, Biologiedidaktikerin und Präsidiumsmitglied des VBIO, und Prof. Dr. Wolfgang Nellen, Genetiker und Alt-Präsident des VBIO.



ABB. 1 Im Gespräch: Kerstin Elbing, Wolfgang Nellen und Kerstin Kremer

Elbing: Was muss eine gute Biologielehrkraft eigentlich können?

Nellen: Biologielehrkräfte brauchen zunächst einmal eine breite biologische Ausbildung. Diese muss sie in die Lage versetzen, sich selber auf den aktuellen Stand der Wissenschaft bringen zu können. Auch Lehramtsstudierende sollten zumindest einen Einblick in die fachwissenschaftliche Forschung bekommen haben um *Nature of Science* zu begreifen – also verstehen, wie die

Wissenschaft und der Wissenschaftsbetrieb funktionieren. Und natürlich brauchen sie auch die Fähigkeit, Wissen zu vermitteln – ihnen diese Fähigkeit beizubringen ist Aufgabe der Fachdidaktik.

Kremer: Ein breites biologisches Fachwissen und Wissen über *Nature of Science* stellt zweifelsohne eine bedeutende Facette des Professionswissens einer erfolgreichen Biologielehrkraft dar. Dies gilt vor allem für das gymnasiale Lehramt mit seinem Anspruch in der

Oberstufe auch Wissenschaftsprädeutik zu leisten. Hierfür ist das fachwissenschaftliche Hochschulstudium die prägende Ausbildungszeit – auch wenn man dann später in der Schulpraxis nicht alles im gleichen Umfang anwendet. Als absolut gleichwertig kommen für mich aber die Ausbildung der fachdidaktischen Kompetenz sowie grundlegende Vermittlungskompetenzen im Bereich der Wissenschaftskommunikation hinzu, die vielfach mit der Fachausbildung noch besser verzahnt sein könnten. Letzteres gilt übrigens nicht nur für Lehramtsstudierende, sondern in Hinblick auf die zunehmende Bedeutung der Wissenschaftskommunikation auch für angehende Biologinnen und Biologen.

Elbing: In den Erwartungen an Biologielehrkräfte herrscht weitgehend Einigkeit. Aber werden die Studiengänge diesen Erwartungen auch gerecht? Wo sehen Sie Defizite?

Nellen: Bei den Fachwissenschaftlerinnen und Fachwissenschaftlern nehme ich manchmal geradezu ein Desinteresse an Lehramtsstudierenden wahr. Die Frage ist doch: Woher kommt das Desinteresse? Ich habe oft genug Lehramtsstudierende erlebt, die sich mit der Begründung „Ich muss das nicht wissen, ich bin ja nur Lehramt“ fachlich selbst disqualifiziert haben. So entsteht bei vielen Kolleginnen und Kollegen der Eindruck „Lehramtsstudierende bohren gerne das dünnste der möglichen Bretter“ und meiden vermeintlich anstrengende Fächer wie zum Beispiel Biochemie. Das kann einer Fachwissenschaftlerin oder einem Fachwissenschaftler nicht gefallen – denn die bzw. der will (und muss) Studierende ausbilden, die ihre bzw. seine Forschung später durch gute Abschlussarbeiten unterstützen.

Kremer: Wenn diese Haltung so wahrgenommen wird, dann ist das alarmierend für die Biologie-Lehramtsausbildung. Ich stimme zu, dass

es während des Studiums auch und gerade für Lehramtsstudierende eine große Vielfalt von Lerngelegenheiten in allen biologischen Teildisziplinen inklusive Forschungserfahrung geben muss. Die gewollte Profilierung biologischer Fachbereiche hat leider aber auch dazu geführt, dass die Fachgebiete, welche die für den Unterricht wichtigen Grundlagen bilden, nicht mehr an allen Lehrkräfte ausbildenden Hochschulen breit aufgestellt sind. Das gilt zum Beispiel für Themen der Humanbiologie oder für Artenkenntnis, die an manchen Hochschulen in Lehramtsstudiengängen nicht mehr in der Tiefe vermittelt werden, wie es aus Sicht der Praxis notwendig wäre.

Elbing: Könnte die Wahl des Fachgebietes nicht auch die potenzielle Verwertbarkeit im späteren Unterricht widerspiegeln, die eben nicht für alle biologischen Fachgebiete gleich ist?

Kremer: Ja, die Verwertbarkeit spielt sicher eine Rolle. Der entscheidende Unterschied ist aber, dass die Lehramtsstudierenden (im Gegensatz zu vielen Studierenden der Fachstudiengänge) mit einem klar vorgezeichneten Berufsweg in das Studium gehen: Auf das Studium folgt das Referendariat und dann die Festanstellung. Um aber an seiner Wunschschule am Wunschort verbeamtet zu werden, kommt es vor allem auf die Note an. Nicht selten beobachtet man leider, dass Prüfende und Fächer nicht aus Interesse, sondern in Hinblick auf die optimierte Note gewählt werden. Das ist in den fachwissenschaftlichen Studiengängen ganz anders – da kommt es darauf an, eine möglichst gute, innovative Abschlussarbeit in einem zukunftsweisenden Forschungsfeld vorzulegen.

Nellen: Die Frage ist, wie kann man Lehramtsstudierende interessanter machen für Fachwissenschaftlerinnen und Fachwissenschaftler (und umgekehrt). Da ist schon heute auf der persönlichen Ebene vieles möglich. Aber es bedarf auch struk-

tureller Änderungen im System, damit fachspezifische Examensarbeiten – hier denke ich insbesondere an künftige Gymnasiallehrkräfte – für beide Seiten attraktiver werden. Ich würde ja darauf bestehen wollen, dass Lehrkräfte auch mal in der biowissenschaftlichen Forschung tätig waren. Das muss trotz knapper Ressourcen doch irgendwie möglich sein?

Kremer: Das wäre durchaus wünschenswert und ist auch für die fachdidaktische Ausbildung eine Bereicherung. Mit der Bologna-Reform sind aber die individuellen Spielräume, über den Studiengang hinaus in andere Bereiche hinein zu schnuppern, deutlich geringer geworden. Die Universitäten ermöglichen das nicht und viele Studierende sehen vor dem Hintergrund der Laufbahnorientierung leider auch keine Notwendigkeit dafür.

Elbing: Die unterschiedlichen Herangehensweisen sind durchaus nachvollziehbar. Was bedeutet dies für die Fachdidaktik?

Kremer: Fachdidaktikerinnen und -didaktiker an der Universität unterstehen dem gleichen Belohnungssystem wie die Kolleginnen und Kollegen aus der Fachwissenschaft. Sie müssen Drittmittel einwerben, ihre Ressourcen regelmäßig legitimieren etc. In dieser Logik steht auch eine Fachdidaktikerin oder ein Fachdidaktiker vor dem Problem, dass die Mehrzahl der Studierenden in die Schule strebt und nicht in die Forschung und Arbeit an der Universität. Die wenigsten Studierenden, die eine Fachdidaktikerin bzw. ein Fachdidaktiker ausbildet, unterstützen sie bzw. ihn später in der eigenen Forschung und Entwicklung.

Nellen: Das ist sicher richtig. Aber ist es auch gut? Ich nehme da eine gewissen Diskrepanz wahr: Aus der praktischen Lehrkraftausbildung ist ein Forschungsgebiet geworden, dessen Ergebnisse mit der Schulpraxis ebenso wenig zu tun hat wie ein sehr spezieller For-

schungsgegenstand in den Fachwissenschaften – beispielsweise – in der Biophysik.

Kremer: Die biologische Fachdidaktik versteht sich als wissenschaftliche Metadisziplin für das Lernen und Lehren von Biologie. Sie stellt allgemeine bildungswissenschaftliche und bildungspolitische Strömungen in eine Beziehung zum Unterrichtsfach Biologie. Dazu gehören nach meinem Verständnis auch Grundkenntnisse, wie die Lehr-Lern- und Unterrichtsforschung zu wissenschaftlichen Aussagen über das Lernen im Fach Biologie kommt. Damit liefert sie angehenden Lehrkräften einen akademischen Hintergrund; und der gehört nun mal zu einem professionellen Berufsverständnis. Diese Rolle und ihr Potenzial muss sie wohl zukünftig noch vehementer auch nach außen kommunizieren und in einem naturwissenschaftlichen Fachbereich gestaltend mit einbringen (Abbildung 2).

Nellen: Ich versuche mal eine Übertragung aus der Medikamentenentwicklung. Da ist es ein weiter Weg von der Grundlagenforschung zum Wirkstoff über die Präklinik bis



ABB. 2 In Aktion: Hands-on-Erfahrungen sind ein wichtiges Element der Wissenschaftskommunikation.

Foto: Science Bridge.



ABB. 3 In Bewegung: „Mein mobiles Küstenlabor“ – Veranstaltung zum Wissenschaftsjahr Meere und Ozeane in Wilhelmshaven. Foto: BMBF/Wissenschaftsjahr 2016/17.

hin zu klinischen Studien. Lehrkräfte sind die, die quasi in der klinischen Phase IV „an den Patienten“ tätig sind – aber deshalb sollten sie schon einen Einblick in die „Präklinik“, die fachwissenschaftlichen Grundlagen (z. B. Biophysik, Biochemie) haben und einen Einblick in die Entwicklungskette. Oder anders ausgedrückt: Viele Fachdidaktikerinnen und Fachdidaktiker, mit denen ich spreche, haben bei Forschung die Lehr-Lernforschung im Hinterkopf – und nicht die biowissenschaftliche Forschung. Das kann einer, darf aber nicht der weitaus überwiegende Forschungseinblick für Lehramtsstudierende sein. Diese Einengung finde ich nicht zielführend.

Elbing: Ich unterstelle mal, dass alle Akteure ein Interesse an gut ausgebildeten Lehrkräften (oder allgemeiner: Vermittlerinnen und Vermittlern) haben. Welche Lösungsansätze sehen Sie, die Akteurinnen und Akteure mit Ihrer jeweiligen Eigenlogik zusammzubringen um das gemeinsame Ziel möglichst voranzubringen?

Nellen: Warum trennen wir die „forschende Fachdidaktik“ mit all ihren akademischen Zwängen nicht als eigenständiges Forschungsgebiet ab und schaffen das separate Ausbildungsgebiet „praktische Schulbiologie“, in dem die praxisrelevanten Anteile aus Fachwissenschaft und Fachdidaktik integriert werden?

Kremer: Den Vergleich mit der Medizin finde ich gut und wir können daraus sicher lernen. Die Einheit von Forschung und Lehre darf dabei aber nicht verloren gehen. Denn gerade die Integrationsleistung dieser beiden Bereiche ist ein hohes Gut und als ein großer Fortschritt in der akademischen Biologiedidaktik zu werten, der durch die Integration der pädagogischen Hochschulen in die Universitäten in den letzten Jahrzehnten etabliert wurde. Da sind wir eigentlich auf einem guten Weg. Bei dieser Integration – meist in naturwissenschaftlichen Fakultäten – wurden die Stellenkontingente der Fachdidaktiken oder generell von Schnittstellenpositionen zwischen Fach und Fachdidaktik jedoch im Laufe der Jahre häufig reduziert, während die Anfor-

derungen an die Fachvermittlung gestiegen sind. Das halte ich auch für problematisch.

Nellen: Aber wäre es dann nicht gut, wenn alle Studierenden mit einem fachwissenschaftlichen Bachelor beginnen und sich erst anschließend entscheiden müssten, ob sie einen fachwissenschaftlichen oder einen erziehungswissenschaftlichen Master anschließen? Dann könnten die Studierenden erst einmal testen, was ihnen besser liegt – so frisch von der Schule bringen sie ja manchmal recht unklare Vorstellungen mit. Das ging mir übrigens ganz genauso. Ich habe zunächst gleichzeitig auf Diplom und Lehramt studiert und habe sogar ein paar Jahre in der Schule unterrichtet, bevor ich dann doch in der Fachwissenschaft gelandet bin.

Kremer: Das ist die grundsätzliche Idee eines polyvalenten *Bachelor of Science*, wie wir ihn beispielsweise in Niedersachsen antreffen. Andererseits kann man im Zweifach-Bachelor auch eine Ursache für die immer unrealistischer werdende Überfrachtung aus allen

Perspektiven der Ausbildungspläne und die mangelnde Flexibilität in Hinblick auf Vertiefungsmöglichkeiten und Quereinstiege sehen.

Elbing: Die bisherige „Zwei-Fach-Lehrkraft“ macht es nicht gerade realistischer, dass sich hier grundlegendes ändert ...

Nellen: Aber mal als Gedankenexperiment: Wenn eine Entscheidung, ob ich mich in Richtung Fachwissenschaft oder Wissensvermittlung spezialisiere, erst nach dem Bachelor erfolgt, dann gäbe es die Notwendigkeit, bereits im grundständigen Bachelor-Studium auch stärker auf Wissenschaftskommunikation zu setzen. Schließlich müssen auch Fachwissenschaftlerinnen und -wissenschaftler in der Lage sein, Fachwissen verständlich zu vermitteln! So gesehen ist der Biologieunterricht – auf den die Lehramtsstudierenden vorbereitet werden – der Spezialfall einer Wissenschaftskommunikation. Vermittlungskompetenz auch in das Fachstudium zu integrieren könnte Fachdidaktik und Fachwissenschaft enger zusammenführen und in den Dialog bringen.

Kremer: Die Fachdidaktik kann für die aktuelle Debatte um mehr

Wissenschaftskommunikation im Fach sicher wertvolle Impulse setzen, die aktuell noch zu wenig gehört werden. Ein weiterer Vorteil für die Studierenden wäre, dass sie länger zusammenbleiben, Bildungswege flexibler wären und damit auch diejenigen, die später Lehrkräfte werden, immer wieder auf ihre Kolleginnen und Kollegen zurückgreifen könnten, die in Wissenschaft oder Industrie tätig sind (Abbildung 3).

Nellen: Ich bin überzeugt, dass nur ein Ansatz wie dieser, der beiden Seiten Vorteile liefert, das Problem lösen kann. Aber der alleinige Appell an Zusammenarbeit und Idealismus funktioniert nicht. Oder man muss andere Anreize bieten, damit Fachwissenschaftlerinnen und Fachwissenschaftler sich mehr für Lehramtsstudierende einsetzen.

Kremer: Die „Ein-Fach-Lehrkraft“ ist ein lohnendes Modell weiter zu denken. Wenn man die notwendigen Standards einerseits und die Wissensexplosion in den Naturwissenschaften andererseits anschaut, wird man wohl zu dem Schluss kommen müssen, dass eine fundierte Ausbildung in zwei Fächern vor

allem in den Naturwissenschaften parallel nicht mehr realistisch machbar ist. Die Forderung des Ein-Fach-Bachelors ist also eigentlich eine Handlungsnotwendigkeit. Wie dieser im Detail aussehen könnte, darüber gilt es freilich noch zu diskutieren.

Nellen: Ja, so sehe ich das auch. Wichtig ist mir dabei die Verknüpfung mit Elementen der Wissenschaftskommunikation für alle – gerade auch für Fach-Bachelor-Studierende.

Elbing: Vielen Dank für das offene Gespräch. Da sind mit der „Ein-Fach-Lehrkraft“ und dem frühzeitigen Erwerb grundlegender Vermittlungskompetenzen für alle Studierenden ja gleich zwei Ideen auf den Tisch gekommen, die nicht nur den Fachwissenschaftlerinnen bzw. Fachwissenschaftlern und den Fachdidaktikerinnen bzw. Fachdidaktikern, sondern auch die Studiengangverantwortlichen und Bildungsbehörden Stoff zum Nachdenken liefern. Auch der VBIO sollte sich diese Ansätze noch einmal genauer ansehen – Fortsetzung folgt hoffentlich!

JETZT BEWERBEN FÜR DEN ARS LEGENDI-FAKULTÄTENPREIS MATHEMATIK UND NATURWISSENSCHAFTEN 2022

Zum nunmehr neunten Mal loben der VBIO, die Gesellschaft Deutscher Chemiker, die Deutsche Mathematiker-Vereinigung, die Deutsche Physikalische Gesellschaft und der Stifterverband den mit 5000 Euro dotierten Ars legendi-Fakultätenpreis für Mathematik und Naturwissenschaften aus. Der Preis wird in den vier Kategorien Biologie, Chemie, Mathematik und Physik vergeben und zeichnet herausragende, innovative und beispielgebende Leistungen in Lehre, Beratung und Betreuung aus. Die Auszeichnung soll die Bedeutung der Hochschullehre für die Ausbildung in der Mathematik und den Naturwissenschaften sichtbar machen und zugleich einen karrierewirksamen Anreiz schaffen, sich in der Hochschullehre zu engagieren. Gleichzeitig soll die Qualität der Lehre als zentrales Gütekriterium für Hochschulen und strategisches Ziel des Qualitätsmanagements der Hochschulen stärker verankert werden.

Gesucht werden Lehrende, deren Lehrveranstaltungen den Lernprozess der Studierenden in herausragender Weise unterstützen – durch eine hohe Professionalität der Lehre sowie wesentliche Beiträge zur Gestaltung hervorragender Studien-

gänge. Die Preisträger sollten innovative Lehrkonzepte oder auch Prüfungsmethoden in der Hochschule und im jeweiligen Fach entwickelt und umgesetzt haben und in ihrer Person mathematische oder naturwissenschaftliche Forschung und Lehre verbinden.

Bis zum 14. Januar 2022 können Fachbereiche und Fakultäten, Fachschaften sowie lokale Vertretungen der Fachgesellschaften Kandidatinnen und Kandidaten vorschlagen. Eigenbewerbungen sind ebenfalls möglich. Über die Vergabe des Preises entscheidet eine Jury aus Hochschullehrerinnen und -lehrern, Hochschuldidaktikerinnen und -didaktikern sowie Studierenden.

Details zur Bewerbung sowie alle entsprechenden Formulare finden Sie unter <https://www.stifterverband.org/ars-legendi-mn>



CHEMISCHE ÖKOLOGIE

Die Krause Minze – ein stiller Killer

Die Krause Minze (*Mentha spicata* cv. *crispa*, Abbildung 1) kommt ursprünglich aus Westasien, ist aber ebenfalls im mediterranen Raum weitverbreitet. Man findet sie aufgrund ihres süßen und erfrischenden Geschmacks in vielen Küchen als Gewürz oder Teegetränk. Doch nicht nur zum Verzehr eignet sie sich, auch im Pflanzenreich ist diese Pflanze ein Phänomen. Denn die Krause Minze ist ihr eigener Bodyguard.



ABB. 1 Krause Minze (*Mentha spicata* cv. *crispa*) im Botanischen Garten des KITs in Karlsruhe. Foto: Nathalie Hering.

Als sessile Lebewesen verständigen und verteidigen sich Pflanzen durch chemische Interaktion. Dieses Phänomen wird als Allelopathie bezeichnet. So besitzt die Krause Minze Sekundärmetabolite, welche sie selbst nicht zwingend zum Überleben benötigt, aber durch die sie sich dennoch einen entscheidenden Vorteil gegenüber Konkurrenten verschaffen kann. Im ersten Schritt produziert sie aus Isopreneinheiten Monoterpe, die dann die Basis für ihr Waffenarsenal sind.

Ein Monoterpen-Keton, genannt Carvon (Abbildung 2a), ist der Hauptbestandteil des ätherischen Öls der Krause Minze [1]. Diese Verbindung wurde im Botanischen Institut I des Karlsruher Institut für Technologie, geleitet von Prof. Dr. Peter Nick, unter die Lupe genommen. Zuerst wurde der Einfluss von Carvon auf das Wachstum verschiedener Unkräuter nach drei und

sechs Tagen untersucht. Es zeigte sich, dass Carvon eine starke Hemmwirkung auf das Wachstum bewirkt (Abbildung 3). In einem Standard-Keimungstest mit Kresse (*Lepidium sativum*) konnte eine Inhibitionsrate von 98 Prozent nach drei und eine von 95 Prozent nach sechs Tagen nachgewiesen werden. Diese blieb bis zu einem Monat konstant. Aber auch Tests mit weiteren bekannten Unkräutern aus unterschiedlichen Gruppen der Angiospermen wie dem Klatschmohn (*Papaver rhoeas*), dem Breitweigerich (*Plantago major*) oder dem Gemeinen Windhalm (*Apera spica-venti*) zeigten, dass das Wachstum der Unkräuter durch Carvon wesentlich eingeschränkt wird.

Abbau der Mikrotubuli

Durch diese Entdeckungen sind Fragen nach der zellulären Wirkungsweise von Carvon aufgekommen. Ein naher Verwandter der Krause Minze ist die Pfefferminze. Für das im ätherischen Öl der Pfefferminze vorkommende Menthon (Abbildung 2b) wurde bereits eine Wirkung auf das Cytoskelett identifiziert. Hier bewirkt Menthon die Degradierung der Mikrotubuli; vermutlich verhindert es den Einbau neuer Mikrotubuli-Bauteile und führt

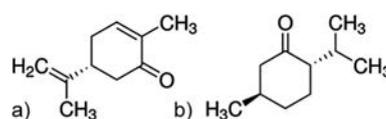


ABB. 2 Strukturformel von natürlich vorkommendem (-)-Carvon (a). Strukturformel von natürlich vorkommendem (-)-Menthon (b). Darstellung: www.sigmaaldrich.com.

damit zum Zerfall der Komplexe [2]. Aufgrund der nahezu identischen chemischen Struktur von Carvon und Menthon wird für Carvon ein ähnlicher Wirkmechanismus angenommen.

Mikrotubuli sind röhrenförmige Proteinkomplexe, die zusammen mit den Aktinfilamenten das Cytoskelett der Pflanzen bilden. Zum einen dienen sie der mechanischen Stabilisierung und der Formgebung der Zelle. Zum anderen sind sie zusammen mit weiteren Proteinen für intrazelluläre Bewegungen und Transporte verantwortlich. Ein Beispiel hierfür ist der Spindelfaserapparat, welcher sich zu Beginn der Mitose mittels der Mikrotubuli aufbaut, um eine korrekte Anordnung der Chromosomen in der Äquatorialebene sowie ihre Aufteilung auf die Tochterzellen zu gewährleisten. Des Weiteren gibt es auch kortikale Mikrotubuli, die sich unter der Membran befinden und dort ebenfalls für die Stabilisierung der Zellform verantwortlich sind [3]. Eine Destabilisierung der Mikrotubuli kann deshalb zu schwerwiegenden Folgen für eine Pflanze führen wie beispielsweise zum Arrest des Zellzyklus gefolgt vom programmierten Zelltod. Genau dieser Dominoeffekt scheint durch den Kontakt mit Carvon induziert zu werden: Die Mitose kann infolge der degradierten Mikrotubuli nicht korrekt ablaufen und daher bleibt das Wachstum aus.

Wirkung als spezifisches Signal

Im Volksmund würde man Carvon wahrscheinlich als Gift deklarieren; doch so ganz stimmt das nicht. Carvon wirkt vermutlich nicht als Toxikum, sondern hemmt selektiv das Wachstum bestimmter Pflanzen. Der Produzent selbst wird dadurch nicht geschädigt. Daher wird vermutet, dass Carvon der Krause Minze als spezifisches Signal wirkt, welches nur von bestimmten Konkurrenten wahrgenommen werden kann. Dies erfolgt höchstwahrscheinlich durch einen Rezeptor, der das Signal weiterleitet und eine Signalkaskade auslöst. Diese wiederum amplifiziert

das Signal, um letzten Endes den Mechanismus für die Degradierung der Mikrotubuli zu aktivieren. Daher sind schon geringe Mengen an Carvon ausreichend, um eine Reaktion hervorzurufen – in diesem Fall eben die Wachstumshemmung von diversen Konkurrenten. Ein weiteres Argument für die Funktion als spezifisches Signal ist die Tatsache, dass chemisch ähnliche Moleküle nicht immer denselben Effekt auslösen, wie ein Gift es tun würde. Dies wurde bereits für Menthon und Menthol, die Hauptkomponenten des Pfefferminzöls, gezeigt. Menthol entsteht durch die Reduktion von Menthon und unterscheidet sich lediglich hinsichtlich einer einzigen Seitengruppe, die von einer Keto- zu einer Hydroxygruppe reduziert wird. Anders als für Menthon wurde für Menthol bisher weder eine Degradierung der Mikrotubuli noch eine Wachstumshemmung von Unkräutern festgestellt. Wären Monoterpene Gifte, so würden alle – auch Menthol – ab einer gewissen Konzentration dieselbe Wirkung aufweisen.

Sollte Carvon tatsächlich als spezifisches Signal wirken, bietet es sich hervorragend als potenzieller

Kandidat für die Anwendung als selektives Bioherbizid an, das spezifisch das Wachstum unerwünschter Unkräuter hemmt, nicht aber das unserer Nutzpflanzen. Durch die Anwendung selektiver Bioherbizide ließe sich deshalb die Biodiversität schützen und erhalten. Des Weiteren wäre denkbar, dass Carvon ebenfalls anthropogene Mikrotubuli degradieren kann und daher auch als Cytostatika in der Krebstherapie Verwendung finden könnte. Zielsetzung muss aber auch hier sein, dass spezifisch nur das Wachstum der Krebszellen und nicht das der gesunden Zellen gestoppt wird. Für eine solche spezifische Anwendung des Carvons bedarf es jedoch noch weiterer, intensiver Forschung.

Literatur

- [1] G. W. Turner, R. Croteau (2004). Organization of Monoterpene Biosynthesis in *Mentha*. Immunocytochemical Localizations of Geranyl Diphosphate Synthase, Limonene-6-Hydroxylase, Isopiperitenol Dehydrogenase, and Pulegone Reductase. *Plant Physiology* 136, 4215–4227.
- [2] M. M. Sarheed et al. (2020). Cellular Base of Mint Allelopathy: Menthone Affects Plant Microtubules. *Front. Plant Sci.* 11, 546345.
- [3] E. H. Newcomb (1969). Plant Microtubules. *Annu. Rev. Plant. Physiol.* 20, 253–288.



ABB. 3 Standard-Keimungstest mit Kresse (*Lepidium sativum*). 50 Samen wurden auf angefeuchtetem Filterpapier ausgelegt. In der Mitte wurde die zu testende Verbindung auf einem Deckglas aufgebracht, damit diese wie in der Natur nur über die Gasphase mit den Samen interagieren kann. Oben: Kontrolle mit Wasser. Unten: Behandlung mit dem Monoterpen Carvon. Fotos: Nina Spohrer.

Nathalie Hering,
Botanisches Institut I, Karlsruher
Institut für Technologie (KIT)

BESTÄUBERBIOLOGIE

Eine neue Partnerschaft mit Vögeln in der Neuen Welt

Der Fingerhut, eine attraktive, auch bei uns heimische Schlagflurpflanze, ist nach seiner Einführung in Mittel- und Südamerika eine neue Partnerschaft mit Vögeln als Bestäuber eingegangen. Innerhalb weniger Jahrzehnte hat dies zu morphologischen Anpassungen geführt.

Viele Blütenpflanzen sind von Bestäubern abhängig. Fehlen diese, etwa weil Bestäuber aussterben oder die Verbreitungsareale von Pflanzen und ihren Bestäubern infolge des Klimawandels nur noch eingeschränkt überlappen, so bekommen die Pflanzen ein Problem. Im günstigsten Fall können sie sich rasch durch Evolut-

ion anpassen (*evolutionary rescue*) oder sie finden andere Bestäuber. Besonders schwierig ist die Situation für Pflanzen, die auf einen einzigen, sehr speziellen Bestäuber angewiesen wird. Oft sind Blüten aber nur auf einen bestimmten Typus von Bestäubern spezialisiert (Bestäubungssyndrom). So unterscheidet

man z. B. zwischen robusten Käferblumen, langröhriigen Falterblumen, flachen Fliegenblumen und bilateral-symmetrischen (zygomorphen) Bienenblumen. Nehmen bestimmte Bestäubergruppen an Zahl ab oder fallen ganz weg, so kann durch Selbstbefruchtung, vegetative Vermehrung oder die rasche Anpassung an andere Bestäubergruppen das Problem umgangen werden. Wenig untersucht wurde aber bisher, was passiert, wenn keine Bestäuber wegfallen, sondern das Spektrum der Bestäuber größer wird.

Christopher Mackin et al. haben diesen Fall jetzt an dem auch bei uns heimischen Fingerhut (*Digitalis purpurea*) untersucht [1]. Ursprünglich nur in West- und Nordeuropa



ABB. 1 Blüte eines Fingerhuts mit Basiskelch und Glocke. Abb.: J. Sander.

verbreitet, hat sich diese auf Schlagfluren häufige, zweijährige Art auch auf dem amerikanischen Kontinent in Regionen mit gemäßigtem Klima sowie in höheren Berglagen etabliert. Während in Europa die Bestäubung vor allem durch langrüsselige Hummelarten wie *Bombus hortorum* und *B. pascuorum* erfolgt, erhalten die Pflanzen in Mittel- und Südamerika auch Besuch durch Vögel, die dort eine wichtige Bestäubergruppe darstellen. Durchgeführt wurden die Untersuchungen an zwei räumlich klar getrennten Populationen in Kolumbien und Costa Rica, die wahrscheinlich auf unterschiedliche Einführungsereignisse zurückgehen, sowie an Populationen aus Südeuropa. Wahrscheinlich gibt es den Fingerhut an den beiden amerikanischen Standorten jeweils etwa seit dem Jahr 1850, was bei einer zweijährigen Pflanze rund 85 Generationen ausmacht.

Kolibris als häufige Blütenbesucher

Selbstbefruchtung ist für den Fingerhut kein Problem, wenn die Bestäubung per Hand durchgeführt wird. Unter natürlichen Bedingungen führt das Fehlen von Bestäubern aber sowohl in Europa, als auch in Amerika zu einer verminderten Samenzahl. Die Anwesenheit von Bestäubern ist

also in beiden Fällen erforderlich. Den amerikanischen Populationen stehen dabei mehr Bestäuberarten zur Verfügung als den europäischen Populationen. Außerdem werden sie häufiger von Bestäubern besucht. Meist handelt es sich bei den Bestäubern der amerikanischen Population ebenso wie bei der europäischen Population um Hummeln. In etwa 22 Prozent der Fälle übernehmen allerdings Kolibris (z. B. *Eriocnemis* spp., *Aglaeactis* spp.) diese Funktion. Die Kolibris übertragen dabei auch mehr Pollen als die Hummeln. Andere Insekten außer Hummeln besuchen die Blüten nur selten und sind dann meist keine erfolgreichen Bestäuber, sei es, weil sie zu klein sind, um die Narbe zu berühren, sei es, weil sie an den langen Haaren an der Basis der Krone scheitern. Nektarraub durch Löcher, die in die Blütenbasis geschnitten werden, konnte bei den amerikanischen Populationen häufig beobachtet werden. In Europa fehlt dieses Phänomen. Oft beteiligten sich selbst legitime Blütenbesucher an diesem Diebstahl.

Ein längerer Basiskelch

Der Blütenkelch des Fingerhuts besteht aus einer kurzen, schmalen Basis mit den Nektarien, die sich zu einem glockenförmigen Oberkelch erweitert (Abbildung 1). Interessan-

terweise besitzen die amerikanischen Populationen einen größeren, d. h. vor allem längeren, aber auch weiteren Basiskelch. Offensichtlich wirkt in der neuen Welt ein starker gerichteter Selektionsdruck auf dieses Merkmal, denn bereits 85 Generationen haben ausgereicht, um die Veränderung herbeizuführen. Die Hummeln können hierfür nicht verantwortlich sein, denn ihre Rüssellänge weist in Amerika und Europa keine Unterschiede auf. Verursacher dürften vielmehr die Vögel sein, die durch die größeren Basiskelche einen besseren Zugang zu den Blüten erhalten. Qualität und Menge des Nektars, zwei weitere Blüteneigenschaften, die häufig einem positiven Selektionsdruck durch Vögel unterliegen, sind hingegen gleich geblieben. Möglicherweise liegt dies daran, dass Fingerhüte ohnehin bereits viel Nektar bilden.

Dass ein Gründereffekt, also die zufällige Einführung einer kleinen Starterpopulation mit im Durchschnitt größeren Basiskelchen, für die Unterschiede verantwortlich ist, erscheint unwahrscheinlich, denn dann müsste sich dieser Effekt zweimal unabhängig in zwei ansonsten genetisch nicht enger verwandten Populationen ereignet haben. Außerdem würde man dann noch weitere zufällige morphologische Unterschiede erwarten.

Doch wie üben die Vögel ihren Selektionsdruck aus? Die Ergebnisse legen nahe, dass hierfür nicht Pollenmangel und infolgedessen Samenmangel verantwortlich ist, der von den Vögeln als zusätzliche Bestäuber abgemildert wird. Es könnte aber sein, dass die Vögel die Pollen über größere Distanzen transportieren. Dadurch würde statt der Quantität die Qualität der Samen steigen, weil Inzucht bei einer Bestäubung durch benachbarte Pflanzen wahrscheinlicher ist.

Literatur

- [1] C. R. Mackin et al. (2021). *J. Ecol.*, <https://doi.org/10.1111/1365-2745.13636>

Johannes Sander, Halver

WIE KAMEN DIE TIER- UND PFLANZENARTEN ZU IHREN NAMEN?

Der Hitler-Käfer aus Jugoslawien

Im Grunde ist die Beschreibung einer biologischen Art eine ernsthafte Aufgabe, die zum Beispiel in den „Rules of Zoological Nomenclature“ mehr oder weniger streng festgeschrieben ist. Laut dem leitenden Paläontologen Robert Fortey vom „Natural History Museum“ in London eine der „langweiligsten Bettlektüren“, die er sich „vorstellen kann“. Dessen ungeachtet beschreibt er in seinem Buch „Trilobiten!“ mit hintergründigem britischem Humor einige Kniffe, wie man in die vordergründige Tristesse der Taxonomie vergnügliche Epitheta einbringen kann – natürlich ohne Linnes' Inspiration ins Lächerliche zu ziehen. Hinter manch einem gräzisierten oder lateinisierten Epitheton verbergen sich die Namen von Angebeteten, Liebchaften, Rockmusikern, Schauspielern oder Schriftstellern. Leider wurden auch die Namen von Populisten und Diktatoren in die biologische Nomenklatur eingebracht und sind nun als Epitheta festgemißelt.

In den 1930ern Jahren erstand der oberösterreichische Eisenbahningenieur und Hobby-Entomologe Oscar Scheibel (*1881, †1953) von slowenischen Händlern etliche genadelte Präparate von Coleopteren. Darunter einige Carabiden, die in der Höhle „Steska jama“, nördlich des Ortes Žalec, und in den Kalkgrotten „Josefistollen“ und „Barbara“ im Umfeld der Stadt Mozirje gesammelt worden waren. Alle Fundorte waren in der Statistischen Region Savinjska gelegen.

Unter den erworbenen Laufkäfern fiel Scheibel ein Exemplar aus der Höhle Steska jama ins Auge, dessen Phänotyp von zwei anderen höhlenbewohnenden Carabiden der Region Savinjska sichtbar abwich. Eines haben alle drei Höhlenbewohner gemeinsam: Sie sind blind, daher auch der Gattungsname *Anophthalmus* – ohne Augen. Scheibel vertortete das Verbreitungsgebiet des noch nicht beschriebenen Phänotyps nördlich des Flusses Savinja zwischen den Städten Mozirje und Celje, gleichsam eingekesselt durch die Siedlungsgebiete von *Anophthalmus schaumii* im Norden und Westen sowie von *Anophthalmus bernbaueri* im Osten. Angesichts der troglobionten Lebensweise der drei Laufkäfer lag für ihn der Schluss

nahe, dass es sich um eine weitere endemische Art handeln müsse.

Der Holotyp des bis dahin unbeschriebenen Carabiden wurde 1932 in der Grotte Steska jama gesammelt. Weitere Typusexemplare, die Scheibel zur Erstbeschreibung sichtete, wurden im Josefistollen und in der Höhle Barbara entdeckt. Sowohl der Holotyp als auch die Typusexemplare werden in einem sicheren Safe des Naturhistorischen Museums Basel unter Verschluss gehalten.



ABB. 1 Ein Exemplar des „Hitler-Käfers“. Foto: Michael Munich.

Denn mutmaßlich gab dieser kleine Hexapode schon den Anlass für Raubzüge durch Naturkundliche Museen.

Dem Reichskanzler zu Ehren

1937 veröffentlichte Scheibel im 33. Band der „Entomologischen Blätter“ unter dem Titel „Ein neuer *Anophthalmus* aus Jugoslawien“ auf den Seiten 438 bis 440 eine akribische, wissenschaftliche Erstbeschreibung des troglobionten Carabiden, die er mit den Worten abschloss: „Dem Herrn Reichskanzler Adolf Hitler als Ausdruck meiner Verehrung zugeeignet“. Seitdem trägt der augenlose und bräunliche Laufkäfer den Namen *Anophthalmus hitleri*.

Heutzutage sind die zentralslovenischen Höhlen nahezu leeresammelt, denn in rechten Kreisen ist der unscheinbare Höhlenbewohner als Memorabilie durchaus begehrt: So werden einzelne Exemplare mit bis zu 2.000 Euro gehandelt. Wobei dahin gestellt sei, ob Geschichtsvergessene die Unterschiede zwischen den einzelnen Arten und den mittlerweile knapp 25 beschriebenen Unterarten tatsächlich erfassen können. Gewiss vermögen nur wenige Spezialisten die subtilen Divergenzen der Morphologie innerhalb des Genus' zu diskriminieren und eine unzweideutige Art diagnose zu stellen.

Zum Weiterlesen

H. Daffner (1998). Die Arten und Rassen der *Anophthalmus schmidti* und *mariae*-Gruppe (Coleoptera, Carabidae, Trechinae). Acta entomologica Slovenica 6, 99–128.

R. Fortey (2002). Trilobiten! Fossilien erzählen die Geschichte der Erde. Verlag C. H. Beck oHG, München.

M. Greeff (2016). Eine folgenschwere Benennung. ETH Zürich | ETH Heritage, <https://blogs.ethz.ch/digital-collections/2016/11/25/eine-folgenschwere-benennung/>

K. W. Harde, F. Severa (1984). Der Kosmos-Käferführer. Franckh'sche Verlagsbuchhandlung, W. Keller & Co., Stuttgart, 2. Aufl.

Thomas Volker Müller, Stuttgart

ÖKOLOGIE

Invasive tropische Landplanarie *Obama nungara* in Deutschland: Verhalten und Beutespektrum

Die aus Argentinien und anderen Regionen Südamerikas stammende, seit 2008 wiederholt über Blumenerde importierte, u. a. in Frankreich vorkommende räuberische *Obama nungara* konnte erstmals für Deutschland nachgewiesen werden. Ein im April 2021 in Regensburg (Bayern) gefundenes, ca. 4 cm langes Exemplar wurde kultiviert und untersucht. Die Landplanarie meidet stehendes Wasser; sie ernährt sich von kleinen Regenwürmern und Gehäuseschnecken. Einheimische Süßwasserplanarien werden von *O. nungara* gejagt und verschlungen, Mückenlarven und Kellerasseln hingegen ignoriert. Ob es zu einer Bioinvasion kommen wird, ist derzeit noch unbekannt.

Jeder „Tümpel-und-Bach-Biologe“ kennt die unter Steinen lebenden Süßwasserplanarien. Diese zwittrigen Plattwürmer (Stamm: Platyhelminthes, Klasse: Turbellaria, Ordnung: Tricladida) haben bereits im 19. Jahrhundert die Naturforscher derart fasziniert, dass der österreichische Zoologe Ludwig von Graff (1851–1924) im Jahr 1899 eine umfassende *Monographie der Turbellarien* publizieren konnte [1]. Der europäische „Urvater“ der Planarienforschung erkundete die Welt (u. a. Ceylon/Java und Nordamerika); er sammelte hierbei vielfältiges Material von Strudelwürmern (Turbellarien) in aquatischen wie terrestrischen Lebensräumen, das er systematisch bearbeitete.

Während die Süßwasserplanarien wegen ihrer enormen Regenerationsfähigkeit über Stammzellen als Modellorganismen in der Alterungsforschung bekannt sind (z. B. *Schmidtea mediterranea*) [2]), haben sich die Landplanarien (Geoplanidae) als „invasive Räuber“ einen Namen gemacht. Bereits von Graff [1] hat die bevorzugt in tropischen Regionen lebenden, oft bunt gefärbten Landplanarien klassifiziert, darunter eine Riesenart, die 25 cm Körperlänge erreichen kann (*Bipalium* sp.). Unter Artnamen wie z. B. „*Geoplana ferussaci* von Graff 1897“ oder „*G. argus* von Graff 1899“ sind von diesem Zoologen zahlreiche Spezies beschrieben und charakterisiert worden.

Neuer Gattungsname: Blatt-Tier

Im Jahr 2013 publizierten die spanischen Planarienforscher F. Carbayo et al. [3] eine umfangreiche molekulare Phylogenie der Geoplanidae und reformierten damit das von Graff'sche System [1]. In dieser Publikation wurde der (weibliche) Gattungsname „Obama gen. n.“ eingeführt, der in brasilianischer Tupi-Sprache „Blatt (Oba)-Tier (ma)“ bedeutet. Diese Forschungen führten zur Neuordnung der Familie der Landplanarien. So musste z. B. die Art „*Geoplana argus* von Graff 1899“ in „*Obama argus* von Graff 1899 comb. n.“ umbenannt werden.

Seit 2008 wurden hunderte etwa 4 bis 9 cm lange exotische Landpla-

narien in importierter Gartenerde europäischer Länder entdeckt (warme Regionen in Frankreich, Spanien usw.). Diese aus Südamerika (Argentinien) eingeschleppten, invasiven „Regenwurmfräser“ wurden zunächst der Art *Geoplana marmorata* zugeordnet [4]. Acht Jahre später erfolgte die Umbenennung bzw. Neubeschreibung dieser invasiven, schleimigen Plattwürmer in „*Obama nungara* sp. nov. Carbayo et al. 2016“. Diese Publikation führte zur bekannten Forschungsarbeit von J.-L. Justine et al. [5], die einen populären Titel trägt: „Obama chez moi! The invasion of metropolitan France by the land planarian *Obama nungara* (Platyhelminthes, Geoplanidae)“ [5]. Die Autoren betonen, dass in Deutschland *O. nungara* bisher nicht entdeckt werden konnte.

Erstnachweis in Deutschland

Im April 2021 wurde in einer Bodenprobe in Regensburg (Bayern) von Herrn M. Merkel ein ca. 4 cm langer, schwarzer „Wurm“ gefunden [6], den wir zur Untersuchung überreicht bekamen, als *O. nungara* identifiziert und in einem kleinen Terrarium kultiviert haben (Abbildung 1a). Zunächst wurde systematisch überprüft, ob *O. nungara* in der Tat ein strikter Landbewohner ist. Hierzu haben wir den Boden des mit feuchten Blättern und Moosstückchen versehenen

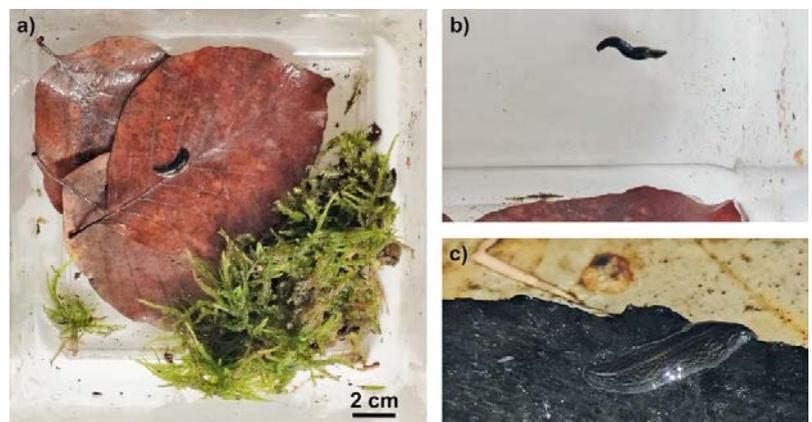


ABB. 1 Kunststoffterrarium (10 × 10 × 5 cm) mit der aus Regensburg stammenden tropischen Landplanarie *O. nungara*, auf einem feuchten Buchenblatt sitzend ohne Staunässe (a). Bei Überflutung kriecht die Planarie an der Plasticscheibe empor und verbleibt über Stunden hinweg in Ruheposition (b) oder kriecht auf ein Stück Rinde (Landbereich), wo sie gut getarnt ist (c).

Terrariums mit einer ca. 2 mm tiefen Wasserschicht versehen. Sobald die Laubblätter überflutet waren, kroch die Import-Planarie an der Seitenwand empor und verhartete dort, in relativer Trockenheit, in Ruheposition (Abbildung 1b). Wurde ein Rindenstück in den überfluteten Behälter gelegt, kroch die *Obama* an Land, wo sie optimal getarnt war (Abbildung 1c). Diese Versuche haben wir mit gleichem Resultat 12-mal wiederholt, so dass *O. nungara* eindeutig als „terrestrische Turbellarie“ zu klassifizieren ist [1].

Aus der oben zitierten Literatur war bekannt, dass *O. nungara* Regenwürmer und Gehäuseschnecken angreift und frisst. Wir konnten in zahlreichen Versuchen bestätigen, dass auch unser in Deutschland gefundenes Exemplar dieselben Beuteorganismen annimmt und weiche Körperteile derselben einsaugt bzw. verdaut (Abbildung 2). Da tropische Landplanarien andere Vertreter der Geoplanidae attackieren und verspeisen [4, 5], überprüften wir, ob *O. nungara* einheimische Süßwasserplanarien als Beute erkennt. Wie Abbildung 3 zeigt, werden diese kleinen Turbellarien (z. B. die Bachplanarie *Dugesia gonocephala*) von der größeren, tropischen *O. nungara* verschlungen. Aquatische Beuteorganismen werden somit von der terrestrischen Raubplanarie detektiert und komplett eingesaugt. Im nächsten Schritt überprüften wir, ob Beuteorganismen der Bachplanarie *D. gonocephala* wie z. B. Mückenlarven (*Chironomus* sp.) von *O. nungara* als Fraßobjekt akzeptiert werden. Das war jedoch nicht der Fall. Die tropische Landplanarie erkennt somit andere Strudelwürmer (Turbellaria) als Fraßobjekt, nicht aber die Beute ihrer einheimischen Verwandten. In Bodenproben von Landplanarien sind neben Regenwürmern auch regelmäßig Kellerasseln zu finden. Wir testeten daher, ob *O. nungara* diese Arthropoden als Beuteorganismen annimmt. In keinem unserer Experimente konnte

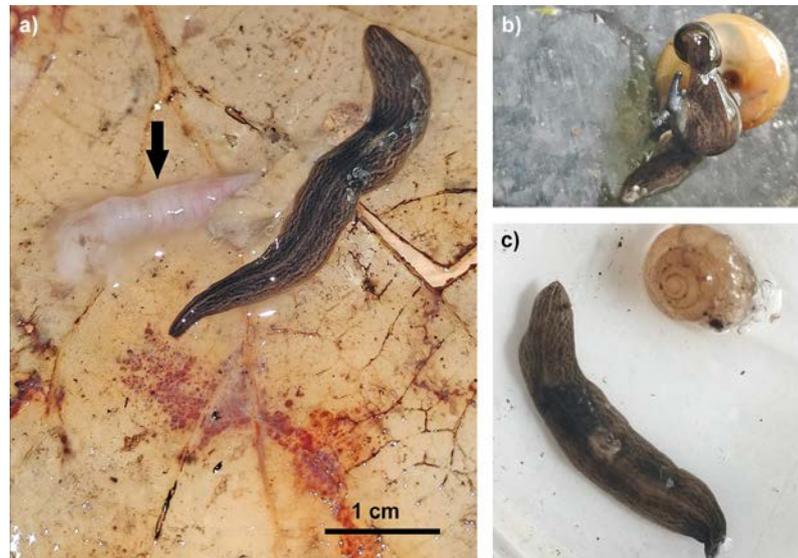


ABB. 2 Beutefang und Nahrungsaufnahme von *O. nungara*. Regenwurmhülle (Pfeil) nachdem der weiche Inhalt ausgesaugt wurde (a). Gehäuseschnecke wird angegriffen (b) und vollständig ausgesaugt (c), so dass nur das leere Gehäuse zurückbleibt.

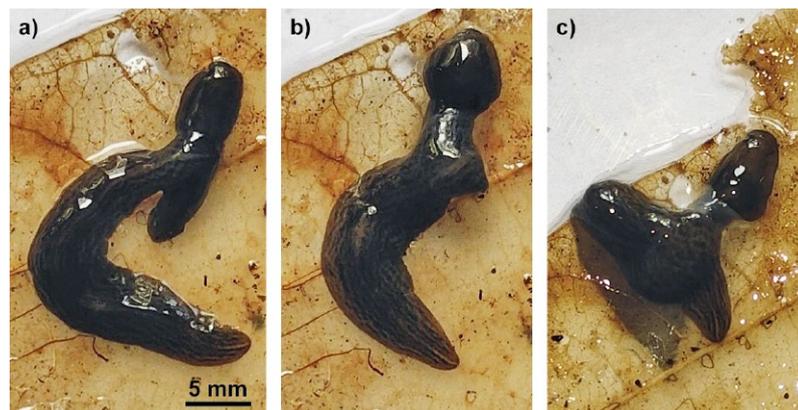


ABB. 3 Die tropische Landplanarie *O. nungara* jagt und frisst einheimische Bachplanarien (*D. gonocephala*). Es wird deutlich, dass der größere Räuber sein Beutetier mit dem kräftigen Schlund (Pharynx) einsaugt.

eindeutig nachgewiesen werden, dass *O. nungara* Asseln angreift.

Aufruf zur Mitarbeit

Die invasive südamerikanische Landplanarie *O. nungara* – über Blumen Erde in Töpfen versteckt durch den Pflanzenimport nach Europa gelangt – hat inzwischen deutschen Boden erreicht. Die Frage, ob diese „Bioinvasion der schleimigen Regenwurmfräser“ (Abbildung 1, 2) hierzulande eine Problemsituation wie in Frankreich [5] herbeiführen wird, ist offen. Wir bitten daher unsere Leser, bei der Arbeit mit Garten- und Topfblumen darauf zu achten, ob Landplanarien zu beobachten sind. Falls derartige schwarz-braune „Würmer“ auftauchen – bitte das Tier vorsichtig mit einer Pinzette packen, in ein kleines Plastikgefäß

mit etwas feuchter Erde übertragen und uns zusenden. Wir wollen gemeinsam ergründen, wie weit *O. nungara* (oder eine Verwandte tropische Art) bereits hierzulande etabliert ist.

Literatur

- [1] L. v. Graff (1899). Monographie der Turbellarien II. W. Engelmann, Leipzig.
- [2] M. Iglesias et al. (2019). Stem Cell Rep. 13, 1–14.
- [3] F. Carbayo et al. (2013). Zoologica Scripta 42, 508.
- [4] F. Carbayo et al. (2016). Zool. J. Linn. Soc. 177, 5.
- [5] J.-L. Justine et al. (2020). Peer J 8, e8385.
- [6] U. Kutschera, I. Ebnes (2021). Science 372/581, E-Letter May 12, 1–2.

Ulrich Kutschera, Ingo Ebnes
AK Evolutionsbiologie,
79104 Freiburg i. Br.,
kutscherau@gmail.com

BUCHKRITIK

Waldschutz versus Artenschutz

Das Buch informiert über den Zustand und die Bedeutung des Waldes in Deutschland. In 30 Kapiteln betont es die Bedeutung des Waldes für den Klimaschutz und zur Bewahrung der Biodiversität. Die Autoren sind Gründer oder leitende Personen deutscher Nationalparks oder Führungskräfte von Naturschutzorganisationen, aber auch Leiter von Forstbehörden, Wissenschaftler und Juristen.

Der Biotop „Wald“ ist ein heikles Thema, denn der Wald wird in Deutschland oft mit dem Begriff „Natur“ gleichgesetzt. Diese Ansicht greift das Buch auf und vermittelt den Eindruck, als würde mit der Rettung der Wälder auch die Natur gerettet. Aber der Wald ist ein Habitat, in dem in Deutschland nur etwa 10 Prozent der gefährdeten und geschützten Arten leben. Im Fokus des Artenschutzes stehen überwiegend andere Habitate, nicht der Wald. Aber auch wer als Artenschützer nach Lösungen sucht, was getan werden kann, um das Verschwinden bestimmter walddtypischer Arten (etwa des Haselhuhns oder Grauspechts und der Waldtagfalter) zu verhindern, findet in diesem Buch keine Antwort.

Rote-Liste-Arten werden im gesamten Buch nur selten namentlich erwähnt, und wenn, dann werden keine spezifischen gefährdeten Arten genannt, sondern es ist nur von „Brutvögeln“ (S. 137), „Käfern“ (S. 121 und 137) oder „Nachtfaltern“ (S. 145) die Rede. Oder es werden Arten genannt, die nichts mit dem Vorhandensein oder der Qualität von Naturwäldern zu tun haben, so z. B. Wanderfalke, See-, Fisch- und Steinadler sowie Uhu auf S. 87. Urwälder retten eher hoch spezialisierte Xylobiontenarten wie bestimmte Pilze, Flechten, Käfer, Hymenopteren und Dipteren (S. 278), aber nur wenige Vogelarten und keine Tagfalterarten.

Dass die Arten, die im Wirtschaftswald vorkommen können, im Naturwald aber fehlen, „Allerweltsarten“ seien, die „auch im Offenland leben“ und die „weder walddtypisch sind noch eines Schutzes bedürfen“ (S. 62) ist sachlich falsch. Gerade die Licht-

waldarten (u. a. Haselhuhn, Grauspecht und viele Tagfalter) stehen auf der Roten Liste. Es sind die Arten, die postglazial vermutlich erst eingewandert sind, als die Wälder vom Menschen ausgelichtet wurden.

Das Buch ist also kein Artenschutzbuch. Stattdessen steht das rein menschliche Bedürfnis nach Ästhetik, Unberührtheit und Wildnis im Vordergrund. Entsprechend nimmt mehr als die Hälfte der Kapitel eine feindliche Haltung gegenüber der Forstwirtschaft ein, und da wird mit harten Worten und diffamierenden Angriffen auf Andersdenkende nicht gespart. Bereits im ersten Kapitel wird der Holzindustrie „Profitgier“ und „Verbissenheit“ vorgeworfen (S. 28), und sie würde „ablenkende“ und „irreführende“ Argumente in die Öffentlichkeit tragen (S. 44). Es ist von „Erntebesessenheit der Ökonomen“ die Rede (S. 332), und es wird beklagt, dass sogar die Wissenschaft die forstlichen Eingriffe mit „Schützenhilfe“ unterstützt (S. 25). Bund und Ländern wird eine falsche Strategie zur Bekämpfung der Waldschäden unterstellt. Da heißt es auf S. 10: „Das Geld wird für schnellstmögliche Schlagräumung mit bodenzerstörender Schwertechnik und umgehende Neubepflanzung, auch mit exotischen »Wunderbaumarten«, sprichwörtlich in den Sand gesetzt...“. Letztendlich wird die Forstwirtschaft sogar mit Bibelziten verdammt: „Seht Euch vor vor den falschen Propheten, die in Schafskleidern zu euch kommen, inwendig aber sind sie reißende Wölfe...“ (S. 60).

Im Zentrum des Buches steht die Frage, ob ein sich selbst überlassener Wald (Naturwald) klimafreundlicher

und artenreicher sei als ein Wirtschaftswald. Das ist eine wissenschaftliche Frage, die durch Fakten belegt oder falsifiziert werden muss. Stattdessen wird der Satz „Es ist wissenschaftlich nachgewiesen, dass in Naturwäldern eine sehr viel höhere Artenvielfalt anzutreffen ist als in Wirtschaftswäldern, auch wenn diese naturnah und nachhaltig bewirtschaftet werden“ wie eine Offenbarung ohne Belege präsentiert (S. 56), und anderslautende wissenschaftliche Ergebnisse werden als „scheinbar wissenschaftlich“ (S. 131) oder als „Märchen“ bezeichnet (S. 9), oder es wird den Autoren „Ignoranz“ (S. 134) zugeschrieben. Ein prominenter Forstwissenschaftler wird angeschuldigt, er würde die Fakten „wider besseren Wissens hartnäckig ignorieren“ (S. 134). Ihm werden schlechthin „drastisch falsche Zahlen“ unterstellt (S. 194). Dabei zitieren einige Autoren in dem Buch überwiegend (S. 159, S. 174) oder sogar ausschließlich (S. 46) sich selbst.

Niemand weiß, welche Struktur die ersehnten unberührten Wälder ohne den Menschen in Mitteleuropa letztlich annehmen würden. In die nacheiszeitliche Wiederbewaldung hat der Mensch schon von Anfang an eingegriffen. Der sesshafte Mensch der Jungsteinzeit hat seinen Wohnsitz ständig geändert, und auf den aufgegebenen Siedlungsflächen wuchsen Sekundärwälder nach. Folglich haben wir heute in Deutschland fast keine Naturwälder mehr (S. 115). Es müsste begründet werden, warum viele Autoren des Buches diese anstreben.

Auch die zwischeneiszeitlichen Wälder (also die „echten“ nicht-anthropogen beeinflussten Urwälder) waren nicht ganz so dicht wie die Wälder, die heute in Deutschland entstehen würden, wenn man „Natur Natur sein lassen“ würde (S. 409). Die Wälder der Zwischeneiszeiten wurden durch Großherbivoren ausgelichtet, von den Waldelefanten über Waldnashörner bis zu den Wisenten und Hirschen. Die meisten dieser großen Pflanzenfresser fehlen heute. Hinzu kommt der gestiegene Stickstoff-

eintrag durch die Atmosphäre, so dass die Naturwälder, die heute in Deutschland entstehen würden, wenn es keine forstlichen Eingriffe mehr geben würde, wahrscheinlich zu Biotopen würden, die es hier noch nie gegeben hat.

Großherbivoren verhindern die Entstehung dichter Wälder. Deshalb hat der in diesem Buch sechsmal als Vorbild für die Entstehung eines intakten Naturwaldes genannte Horst Stern auch die Hirsche als „schädlich“ bezeichnet (S. 374). Auch im vorliegenden Buch wird das Reh an vier Stellen als schädlich bis „widernatürlich“ (S. 86) eingestuft. Andererseits werden die großen Pflanzenfresser in diesem Buch an anderer Stelle als „nötig zum Verständnis des Naturwaldes“ bezeichnet und durchaus in das integriert, was ein Urwald ist (S. 448).

Sicher ist, dass die Naturwälder im heutigen Deutschland zu dichten dunklen Wäldern würden, und genau das streben viele Autoren des Buches auch an. Auf S. 11 in dem Buch heißt es: „So wie für Moorstandorte der Grundsatz ‚Moor muss nass!‘ gilt, ist der Leitgedanke für Wälder: ‚Wald muss dicht!‘“. Aber

dichte Wälder sind nicht der Lebensraum sehr vieler Rote-Liste-Arten. Im Gegenteil: Wohl alle Waldtagfalter brauchen breite blumengesäumte offene Waldwege, die nicht von Bäumen überkront sind; sie benötigen Schneisen und Kahlschläge. Das jedoch interessiert die meisten Autoren des Buches nicht. Im gesamten Buch wird kein einziger Tagfalter erwähnt. Schmetterlinge werden nur als Schädlinge betrachtet. Es geht halt immer wieder nur um die Vegetation. Urwald scheint für viele Autoren des Buches eine Qualität „an sich“ zu sein, nicht ein Ort, den wir brauchen, um Rote-Liste-Arten zu erhalten. Dass ein Habitat umso schützenswerter ist, je mehr gefährdete Arten es beherbergt, ist nicht der Geist dieses Buches.

Das Vertrauen, dass die Wiederkehr der Wildnis das Verschwinden vieler Rote-Liste-Waldarten schon verhindern wird, könnte enttäuscht werden. Zur Erhaltung gefährdeter Arten bedarf es gezielter Eingriffe. Schon vor mehr als hundert Jahren hat die Gründerin des „Bundes für Vogelschutz“ Lina Hähnle durchgesetzt, dass zur Erhaltung vieler Vogelarten Nisthilfen ausgebracht wur-



Der Holzweg.
Wald im Widerstreit der Interessen.
H. D. Knapp, S. Klaus, L. Fähser, oekom, München, 2021, 477 S., 39 Euro, ISBN 978-3-9623-8266-7.

den. Eingriffe in die Natur sind inzwischen zur Rettung vieler Arten notwendig geworden, und dazu gehört auch die Erhaltung standortfremder Nadelbäume, weil manche Rote-Liste-Arten auf diese angewiesen sind. Der seltene Mohrenfalter *Erebia aethiops* steht heute in der Eifel kurz vor dem Aussterben. Er ist zum Überleben auf (durchaus standortfremde) Kiefernwälder angewiesen. Wem bewusst ist, dass wir heutzutage in den Jahrzehnten eines immer weiter fortschreitenden Artenschwundes leben, der muss sich fragen, ob wir uns das Bibelriether'sche Prinzip des „Natur Natur sein lassen“ (S. 409) überhaupt leisten können.

Werner Kunz, Düsseldorf

WETTBEWERB

Europäische ScienceOlympiade 2021: Digitale Qualifikationsrunde abgeschlossen

In einer digitalen Auswahlrunde qualifizierten sich sechs Schülerinnen und Schüler für die beiden deutschen Nationalteams. Leider dürfen sie aufgrund der Pandemieregeln beim internationalen Wettbewerb in Ungarn nicht an den Start gehen.

Bei der Europäischen ScienceOlympiade (EUSO) wird jedes Land durch zwei Nationalteams vertreten. Jedes Team besteht aus drei Schülerinnen und Schülern, die für die drei Naturwissenschaften Biologie, Chemie und Physik gemeinsam interdisziplinäre experimentelle Fragestellungen

lösen. Da dies unter den gegenwärtigen Pandemiebedingungen nicht in Präsenz realisierbar ist, stand das Organisationsteam vor der besonderen Herausforderung, einen Online-Auswahlwettbewerb mit experimentellen Teamklausuren zu organisieren. Insgesamt stellten sich

15 eingeladene Schülerinnen und Schüler aus den 3. Runden der Auswahlwettbewerbe der Biologie-, Chemie- und PhysikOlympiade sowie aus dem letztjährigen Finalteam der JuniorScienceOlympiade in den vergangenen Tagen den Ausscheidungswettkämpfen. Für die praktischen Einzelklausuren in Biologie, Chemie und Physik bekamen die Teilnehmenden vorab Pakete zugesandt, in denen die notwendigen Materialien für die Durchführung der Experimente enthalten waren. Zusätzlich mussten haushaltsübliche Materialien besorgt und vorbereitet werden. Am ersten Tag wurden dann in drei Videokonferenzen die experimentellen Klausuraufgaben in den Einzelfächern für alle Schülerin-



ABB. 1 Die interdisziplinäre Teamklausur wird in Videokonferenz durch geführt.

nen und Schüler freigeschaltet und mussten in jeweils 90 Minuten bearbeitet werden. Anhand der Ergebnisse dieser Einzelklausuren wurden Dreierenteams aus jeweils einer Expertin bzw. einem Experten für Biologie, Chemie und Physik gebildet.

Um auch online eine interdisziplinäre naturwissenschaftliche Teamklausur durchführen zu können, war ein digitaler Labor-Escape-Room vorbereitet worden, den jeweils ein Team gemeinsam bearbeiten konnte. Das Team war dabei über eine Videokonferenz mit dem Labor am IPN in Kiel verbunden. Im Labor stand eine Mitarbeiterin bereit, die in der Videokonferenz die Aufträge des Expertenteams experimentell ausführte (Abbildung 1). Der Spielleiter war ebenfalls in der Videokonferenz zugeschaltet und gab die jeweiligen Versuche nach richtiger experimen-

teller Lösung der Aufgaben frei. Der digitale Labor-Escape-Room bestand aus fünf Teilversuchen, die aufeinander aufbauten. Das experimentelle Ziel war es, ein Desinfektionsmittel mit den richtigen Bestandteilen und Konzentrationen herzustellen. Für die Durchführung dieser besonderen Teamklausur hatten die Teams jeweils 75 Minuten Zeit. Auch wenn sich die Teilnehmenden innerhalb der Teams nicht in Persona treffen und absprechen konnten, funktionierte die Kommunikation in den Teams gut, und alle fünf Teams konnten den experimentellen Escape-Room erfolgreich verlassen. Es handelt sich also um ein Modell, das sich, wenn Teamarbeit gefragt ist, auch auf andere Wettbewerbe übertragen lässt. Diejenigen, die am besten abgeschnitten haben, bilden nun die zwei Nationalteams.

Team A besteht aus:

Marta Conti (Biologie, Carl-von-Ossietzky-Gymnasium, Bonn, NRW)
 Marlene Maager (Chemie, Gymnasium im Paul-von-Denis-Schulzentrum, Schifferstadt, RLP)
 Tim Enders (Physik, Goetheschule, Ilmenau, Thüringen)

Team B bilden:

Kasimir Reich (Biologie, Humboldt-Gymnasium, Potsdam, Brandenburg)
 Enrico Schwippert (Chemie, Fichte-Gymnasium, Hagen, NRW)
 Konrad Jannes Köhler (Physik, Wilhelm-Ostwald-Gymnasium, Leipzig, Sachsen).

Betreut wurde die Auswahlrunde von PD Dr. Burkhard Schroeter und Dr. Stefan Petersen (beide IPN, Kiel) sowie von Dr. Matthias Griessner (Hannover), Damian Groß (München), Jan Kruse (München), Annabel Maisl (Göttingen) und Konstantin Schwark (Leipzig). Ein besonderer Dank gilt Kirsten Reu vom Biologielabor am IPN.

Ein Wermutstropfen bleibt leider: Da die ungarischen Organisatoren des internationalen Wettbewerbs eine Zusammenarbeit der Teams und Betreuer im Labor in Präsenz vorschreiben, kann Deutschland aufgrund der Pandemiebestimmungen in diesem Jahr leider nicht am internationalen Wettbewerb teilnehmen. Wir freuen uns auf den nächsten Wettbewerb in 2022 in Präsenz!

*Burkhard Schroeter,
 schroeter@leibniz-ipn.de*



© Lorelyn Medina – FOTOLIA

LABORSEITE

Aus sauer mach süß – die Wunderbeere aus Westafrika

Schon lange suchen Forscher nach Alternativen zu Zucker, um Speisen und Getränke mit wenig Kalorien zu süßen. Eine Beere aus Westafrika, die kaum größer ist als eine Olive, enthält das Glykoprotein Miraculin. Dessen Besonderheit ist es, die Struktur von Geschmacksezeptoren zu verändern, so dass saure Speisen süß wahrgenommen werden.

Die Pflanze *Synsepalum dulcificum* gehört zu der Familie der Sapotaceae. Diese wird auch Mirakelfrucht oder Miracle-Fruit genannt und bildet kleine purpurrote Früchte, die aufgrund eines besonderen Proteins, dem Miraculin, saure Speisen plötzlich süßlich schmecken lassen [1]. Sie wird in Westafrika genutzt, um sauren Palmwein oder fermentiertes Brot zu süßen [1]. *S. dulcificum* wächst zu einem kompakten Strauch mit zwischen zwei bis vier Metern Größe heran und bevorzugt einen Standort von Vollsonne bis Halbschatten. Die grünen Blätter der Pflanze sind wechselständig angeordnet, haben eine lanzettliche Form und sind ganzrandig. Im Juni erscheinen in den Blattachsen weiße Blüten, die in Büscheln angeordnet sind. Charakteristisch für die Pflanze sind allerdings ihre Beeren. Diese dunkelroten 2–3 cm großen Früchte, die an Hagebutten erinnern, können verzehrt werden und haben einen neutralen Geschmack [4]. Erst das Glykoprotein Miraculin macht die Beere so besonders. So kann der Verzehr der Mirakelfrucht eine saure Zitrone fruchtig süß wie eine Orange schmecken lassen, und dieser Effekt kann bis zu einer Stunde anhalten [2].

Das Glykoprotein Miraculin

Das Protein Miraculin befindet sich im Fruchtfleisch der Beere und besteht aus 191 Aminosäuren. Dessen Quartärstruktur besteht aus zwei identisch aufgebauten Dimeren, die zu einem Homodimer zusammengesetzt sind [3]. Durch das Zerkauen der Frucht freigesetztes Miraculin bindet an die Süßrezeptoren (hT1R2-hT1R3) auf der Zunge. Dabei wird

die Struktur des Rezeptors verändert. Allerdings können die Süßrezeptoren durch Miraculin nur in einer sauren Umgebung aktiviert werden (Abbildung 1) [1]. Dies erklärt, warum nur saure Speisen oder Getränke bei gleichzeitigem Verzehr von Miraculin als süß empfunden werden. Wenn Miraculin den Rezeptor bei neutralem pH-Wert bindet, unterbleibt die Aktivierung. Gleichzeitig wird der Rezeptor für den eigentlichen Agonisten – also süße Speisen – blockiert, wodurch süße Speisen nun weniger süß wahrgenommen werden [1].

Nutzung von Miraculin

Miraculin könnte in Zukunft viele Süßungsmittel ersetzen. Vor allem für Diabetiker wäre dies eine Möglichkeit, ihre Speisen und Getränke zu süßen, ohne die Kalorienanzahl zu erhöhen. Allerdings ist die Herstellung des neuen Süßungsmittels mit enormen Kosten verbunden. Daher versuchen Forscher, die Herstellung von Miraculin auf gentechnologischer Basis zu ermöglichen. In Japan gelang es Wissenschaftlern beispielsweise Gartensalat gentechnisch so zu verändern, dass dieser Miraculin produziert [5]. Des Weiteren versuchen Forscher, das Protein in dem Darmbakterium *Escherichia coli* rekombinant herzustellen [3].

Außerdem wurde Miraculin im Rahmen einer Studie bei Krebspatient/-innen zur Geschmacksverbesserung eingesetzt, da viele von ihnen aufgrund der Chemotherapie einen veränderten Geschmacksinn aufweisen. Die Studienteilnehmer berichteten von positiven Auswir-

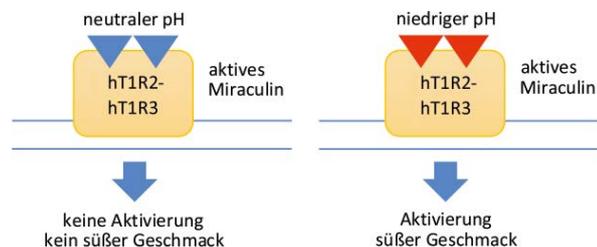


ABB. 1 Modell zur Bindung von Miraculin (Dreiecke) an Süßgeschmacksrezeptoren unter Berücksichtigung des pH-Wertes.

kungen auf ihr Geschmacksempfinden [6]. Laut FAZ scheint vor allem in den USA die Wirkung des Miraculins auch auf sogenannten „flavour-tripping“ Partys zum Einsatz zu kommen. Dabei probieren die Teilnehmer die Wirkung des Glykoproteins im Zusammenhang mit den unterschiedlichsten Lebensmitteln aus [7]. Nebenwirkungen einer Einnahme von Miraculin sind bis jetzt nicht bekannt, was wohl auch damit zusammenhängt, dass das Glykoprotein je nach aufgenommener Menge nur für einen bestimmten Zeitraum seine Wirkung entfalten kann.

Literatur

- [1] T. Misaka (2013). Molecular mechanisms of the action of miraculin, a taste-modifying protein. *Seminars in Cell & Development Biology* 24, 222–225.
- [2] K. Kurihara, L. M. Beidler (1968). Taste-modifying protein from miracle fruit. *Science* 161, 1241–1243.
- [3] Matsuyama et al. (2009). Functional Expression of Miraculin, a Taste-Modifying Protein in *Escherichia Coli*. *J Biochem* 145, 445–450.
- [4] E. S. Ayensu (1971). Morphology and anatomy of *Synsepalum dulcificum* (Sapotaceae). *Bot J Linn Soc* 65, 179–187.
- [5] H.-J. Sun et. al (2006). Functional expression of the taste-modifying protein, miraculin in transgenic lettuce. *FEBS Letters* 580, 620–626.
- [6] M. K. Wilken, B. A. Satiroff (2012). Pilot study of “miracle fruit” to improve food palatability for patients receiving chemotherapy. *Clin J Oncol Nurs* 16, E173–177.
- [7] T. Schröder (2010). Unmögliches geschieht im Mund. *Frankfurter Allgemeine Zeitung*, 17.03.2010.

Mit diesem Beitrag erscheint die zu-nächst letzte Laborseite in dieser Form, wie sie seit BiuZ 1/17 von Mitgliedern des Vereins Science Bridge e. V. gestaltet wurde. Grund dafür ist, dass Science Bridge nicht mehr an der Universität Kassel arbeiten wird. Die Umstellung erlaubt es unseren Autoren in der nächsten Zeit leider nicht, die Laborseite fortzusetzen.

Hannah Raimann,
Bachelor-Studentin für Biologie
an der Universität Kassel und
Mitglied bei Science Bridge e.V.



Foto: Sarah Swenty (USFWS).

Vernetzung schafft Zugang zur nächsten Ebene Schwarmintelligenz

PASCAL EITNER

An vielen Stellen der Biologie wird deutlich, dass ein Zusammenschluss vieler Individuen zu einer Gemeinschaft neue und ungeahnte Phänomene hervorruft: Egal, ob es sich dabei um Endosymbiosen, Plasmodien oder Tierschwärme handelt – immer entstehen Eigenschaften, die das Leben auf eine neue Stufe der Komplexität heben. So werden neue Lösungen für die Energieversorgung, Kommunikation, Fortbewegung, Versorgungslogistik oder für die Klimatisierung des Nestes gefunden. Zwar lassen sich die zugrundeliegenden Konzepte nicht einem Individuum zuordnen, aber dennoch verfügen die als „Superorganismen“ bezeichneten Gemeinschaften genau über jenes bewundernswerte Phänomen: Intelligenz. Dieser aus der Vernetzung vieler Einzelorganismen geborenen Eigenschaft spüren auch Informatiker nach.

Für die Schüler von heute ist es ganz klar: „Der Bien“ ist kein Grammatikfehler, sondern ein feststehender Begriff aus dem Biologieunterricht. Er bezeichnet eine Gemeinschaft von vielen tausend Bienen, die zusammen Leistungen erbringen, die weit mehr sind als die Summe der Einzelleistungen. Konzepte zur Arbeitsteilung, Logistikprogramme und Kommunikationsstrategien sind Aspekte, die man eher in einem intelligenten Organismus mit einem sehr komplexen Gehirn vermuten würde. „Der Bien“ bezeichnet solch einen Superorganismus, der durch die Interaktion von Individuen getragen wird, die gemeinsame Ziele verfolgen, ohne dass sie davon etwas wissen [1]. Das Gemeinwohl verlangt allerdings Opfer von den Mitgliedern – unabhängig von ihrem Rang innerhalb der Gemeinschaft. So beschneiden die gemeinsamen Ziele vor allem die individuelle Freiheit: Auch die Bienenkönigin ist als „Staatsoberhaupt“ ihrer Rolle als Eierproduzentin dauerhaft verpflichtet und kann keinen anderen Aktivitäten nachgehen. Gleichzeitig ermöglicht der Zusammenschluss zu einem Superorganismus Leistungen, zu denen kein

Individuum alleine in der Lage wäre. Dabei geht es nicht um Quantität. Vielmehr entstehen neue, intelligente Konzepte, die allen in der Gemeinschaft nützen: arbeitsteilige Brutpflege, Klimatisierung und Nestarchitektur, effiziente Nahrungsbeschaffung und Vorratshaltung, organisierte Feindabwehr, Straßenbau, verbesserte Mobilität oder Kosten-Nutzen-Analysen bei der Krankenpflege.

Wer teilt aber einer Arbeiterin mit, welche Aufgabe sie in ihrem Staat übernehmen soll? Wie entsteht ein riesiger Termitenbau mit Straßen und Kammern ohne zentrales „Planungsbüro“? Wie kommt eine Sardine ans Ziel, obwohl ihr dieses unbekannt ist? Welche Regeln befolgt ein Star bei der Schwarmformation in der Luft? Wie findet ein Schleimpilz den kürzesten Weg zwischen zwei Nahrungsquellen? Natürlich sind diese Verhaltensweisen gerade bei einfachen Organismen überwiegend genetisch bedingt, aber durch simple Verhaltensregeln wird in der Gemeinschaft Großes erreicht – und das, obwohl die einzelnen Mitglieder der Gemeinschaft von den größeren Zielen nichts wissen können (und auch nicht müssen), selbst nicht, wenn sie wie die Bienenkönigin einen hohen Rang bekleiden. Auch wenn soziale Insekten wie Bienen, Wespen, Ameisen oder Termiten ein Paradebeispiel für Schwarmintelligenz darstellen, weil bei ihnen die Diskrepanz zwischen individueller kognitiver Einfachheit und dem konzeptionellen Weitblick des Insektenstaates besonders augenfällig ist, gibt es weitere Beispiele für Schwarmintelligenz, an denen sich grundlegende Prinzipien der Kooperation untersuchen lassen.

Ein Schwarm formiert sich

Der Zusammenschluss von Individuen zu einer Gemeinschaft kann wie bei den Insektenstaaten von Dauer sein, oder er besteht nur vorübergehend und wird durch bestimmte Umweltfaktoren ausgelöst. So löst die abnehmende Tageshelligkeit am Ende des Sommers bei vielen Vogelarten eine Zugunruhe aus, die dazu führt, dass sich Einzeltiere zusammenfinden und einen Vogelschwarm bilden (Abbildung 1), der bald darauf zu den Überwinterungsgebieten im Süden zieht (siehe „Das Navigationssystem der Vögel“, *BiuZ* 2/2021 und 3/2021). Die neue Formation bietet dabei mehrere Vorteile: Zum einen erleichtert das Hintereinanderfliegen das Vorwärtkommen, so wie der Windschatten eines LKW auch dem nachfolgenden Fahrzeug Benzin sparen hilft. Zum anderen kann ein Vogelschwarm auch auf Bedrohung durch Räuber aus der Luft (z. B. Falken) reagieren und die Überlebenschance der Mitglieder verbessern. Zu diesem Zweck fliegen die Beutevögel dichter aneinander, so dass der Räuber eingeschlossen wird und nicht mehr so gut manövrieren kann.

Beim Schleimpilz *Dictyostelium discoideum* ist es die Nahrungsknappheit, die zur Schwarmbildung führt [2]. Solange ausreichend Nahrung vorhanden ist, lebt *D. discoideum* als Einzeller mit amöbenartigem Aussehen im Boden, wo er sich von Bakterien ernährt. Beginnen die Nährstoffressourcen aber zu schwinden, geben die Einzeller cAMP



ABB. 1 Auffliegende Stare (*Sturnus vulgaris*) formieren sich über Rom kurzzeitig zu einem Superorganismus. Foto: Greg Seed auf www.pixabay.com.

als Signalstoff in ihre Umgebung ab und locken dadurch tausende, gleichartige Zellen aus der Nachbarschaft an, die dann zu einem wurmartigen Gebilde verschmelzen (Abbildung 2). Die Gemeinschaft der sozialen Amöben kann sich gemeinsam in eine Richtung bewegen und bereitet

IN KÜRZE

- Schwärme, Herden oder Staaten **zeigen intelligentes Verhalten**, das von keinem seiner Mitglieder alleine stammen kann. Übergeordnete Konzepte zur Kommunikation, Logistik oder Fortpflanzung entstammen vielmehr einem „Superorganismus“.
- Die Vernetzung vieler Individuen **zu einem übergeordneten System** findet sich mehrfach auf zellulärer bis organischer Ebene und führt zu synergistischen Effekten: „Das Ganze ist mehr als die Summe der Einzelteile“.
- Auch Informatiker interessieren sich für die **Regeln in biologischen Netzwerken**, um technische Systeme zu schaffen, die Optimierungsaufgaben schneller lösen können.

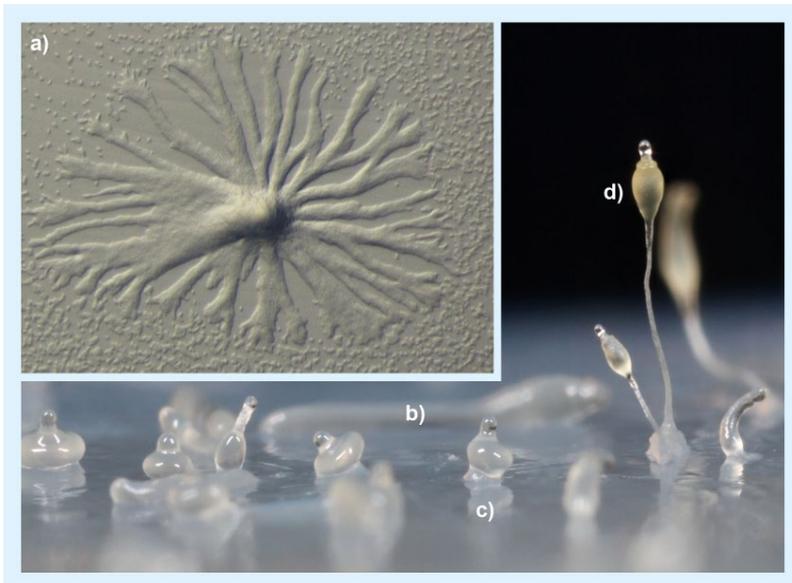


ABB. 2 Verschiedene Stadien einer *D. discoideum*-Kolonie. a) Aggregation der Einzelzellen, b) Migrationsphase (im Bildhintergrund), c) Anheftungsphase mit austreibendem Fruchtkörper, d) fertige Sporenträger. Foto: a) AG Rupert Mutzel, FU Berlin, b–d) Usman Bashir.

eine Metamorphose vor. Das mehrzellige Gebilde setzt sich fest, und es erwächst ein Fruchtkörper daraus, an dessen Spitze sich einige Zellen zu Dauersporen differenzieren. Diese tragen die nächste Generation in sich und können meist im nächsten Frühjahr wieder auskeimen. Die Schwarmbildung dient zwar hier primär der Fortpflanzung, aber sie zeigt auch die wichtigste Komponente einer erfolgreichen Gemeinschaft: Kommunikation.

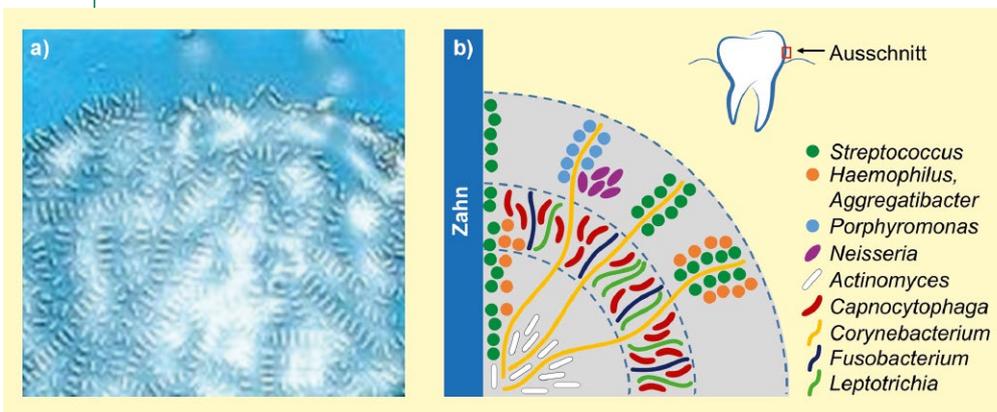
Schon bei den Prokaryoten gilt, dass Gemeinschaft stark macht. Auch hier ist ein Austausch von Signalstoffen für den Zusammenschluss von Einzellern verantwortlich. Manche Arten können die Anwesenheit artgleicher Zellen wahrnehmen und bei genügend hoher Zelldichte ihr Ver-

halten ändern, so dass beispielsweise Virulenzfaktoren ausgeschüttet werden oder die Biolumineszenz eingeschaltet wird (siehe „Small Talk“, *BiuZ* 6/2020). Auch Zellen unterschiedlicher Art können zu einer Gemeinschaft heranwachsen, die einen Schutz gegen störende Umwelteinflüsse bietet – sie bilden einen Biofilm. Zu Beginn erfolgt eine Anheftung der Zellen an das Substrat mithilfe von Adhäsionsmolekülen, woraufhin alle Bakterien eine extrazelluläre Matrix aus Polysacchariden bilden. Diese Schicht schützt die Zellen vor mechanischem Abrieb, UV-Strahlung, und chemischen Störfaktoren wie Giften und pH-Änderungen. Es können sogar Zonen entstehen, die unterschiedlich viel Sauerstoff enthalten und damit das Wachstum von aerotoleranten und anaeroben Mikroben gleichzeitig am selben Standort, beispielsweise im Zahnbelag, erlauben [3] (Abbildung 3). Insgesamt verringert sich dadurch die relative Oberfläche zwischen Organismus und Umwelt: Das Verhältnis von Oberfläche zu Volumen einer kleinen Zelle ist groß und wird durch den Zusammenschluss in der gemeinsamen Matrix verkleinert. Die Biofilme sind also eine Folge der „Schwarmbildung“ und bedeuten für die daran beteiligten Zellen einen Effizienzgewinn. Wenn viele Bakterien gemeinsam den Biofilm produzieren, kann jede Zelle für sich Material und Stoffwechselenergie einsparen.

Ein Schwarm braucht Regeln

Die Schwarmmitglieder müssen aber nicht nur miteinander kommunizieren, sondern sie müssen sich auch bestimmten Regeln unterwerfen. Je einfacher diese sind, desto besser können die Superorganismen funktionieren. Die Schwarmleistungen entstehen also infolge der Selbstorganisation seiner Mitglieder. Neben den Insektenstaaten gibt es gut untersuchte Beispiele bei Fischen wie den Dorschen. Diese sind in Nordsee und Atlantik verbreitet, wo sie zeitweise in großen Schwärmen anzutreffen sind. Die Bewegungen der Dorschformationen können einem Ziel zustreben oder stationär – also kreisförmig – sein. Natürlich erfolgt jede Richtungsänderung berührungslos, da die Tiere über ihr Seitenliniensystem die Bewegung ihres Nachbarn wahrnehmen. Zwei Regeln beherrschen dabei die Bewegung der Einzeltiere: 1. „Folge Deinem Vordermann“, 2. „Sei so schnell wie Dein Nachbar“. Natürlich muss es einige Leitfische geben. Wie viele für die Steuerung des Schwarms notwendig sind, haben die Biologen Jens Krause und John Dyer von der Universität Leeds mit ferngesteuerten Roboterfischen untersucht [4] (Abbildung 4). Wie die Experimente zeigen, reicht es, wenn fünf von hundert Tieren die Richtung vorgeben.

ABB. 3 | BAKTERIELLE SUPERORGANISMEN



a) Bakterienaggregation mit extrazellulärer Matrix, b) Querschnitt durch Zahnbelag, der eine Vielzahl kooperierender Bakterienarten enthalten kann. Innen leben Anaerobier, außen die aerotoleranten Mikroben. Foto: verändert nach helmhotz_hzi.de, Grafik: P. Eitner, verändert nach [3]).

Im März 2007 wurde in Zusammenarbeit mit Krause und Dyer ein ähnliches Experiment vom Westdeutschen Rundfunk mit Menschen durchgeführt. Die Wissenschaftsredaktion von „Quarks & Co“ bat dazu 300 Freiwillige im Alter zwischen 18 und 70 Jahren in eine große Halle, wo alle Teilnehmer von oben gefilmt werden konnten. Damit die individuellen Bewegungen beobachtet werden konnten, trugen die Probanden Kappen mit farbigen Markierungen auf dem Kopf. Zwei Vorgaben sollten befolgt werden: „Bleibe in Bewegung“ und „Halte den Abstand zum Nachbarn“. Kommunikation musste unterbleiben. Nachdem die Probanden anfangs zufällig über die Halle verteilt waren, kam es schnell zur gemeinsamen Bewegung. Ohne Ziel entstand eine stationäre Variante („der Kreis“), während das Kollektiv innerhalb von einer Minute an ein vorgegebenes Ziel kam, von dem nur 20 Freiwillige wussten. Wie bei den Dorschen galt: Über 5 Prozent können sich nicht irren!

Bei Stichlingen (Familie *Gasterosteidae*) sind die Regeln erweitert. Untersuchungen von Iain Couzin von der Universität Konstanz zeigen, wie es eine Gruppe von Stichlingen in einem Gewässer sehr schnell schafft, schattige Bereiche aufzufinden, die sie vor Räubern wie dem Hecht schützen. Sucht jeder Fisch für sich, kann es lange dauern, bis der rettende Schatten gefunden ist. Ein Schwarm Stichlinge ist dabei viel schneller. Während sich der Schwarm durch das Wasser bewegt, kann er am Rand der Gemeinschaft einen schattigen Bereich streifen, der z. B. durch Wasserpflanzen oder überhängende Baumzweige entsteht. Blitzschnell schwenken dann alle Fische um, so dass keiner mehr direkt vom Sonnenlicht beleuchtet wird. Indem die Wissenschaftler um Iain Couzin die Tiere einzeln mittels Barcoding markiert und ihre Bewegung mittels Videotracking dokumentiert hatten, konnte der Mechanismus aufgeklärt werden [5] (Abbildung 5). Die Analyse ergab, dass die Fische im Schatten schnell abbremsten. Da die anderen im Sonnenlicht aber mit geringer Zeitverzögerung im gleichen Maße ihre Geschwindigkeit verringerten, ergab sich eine Kurvenbewegung zum Schatten hin, der den ganzen Schwarm miteinbezog. Die Empfindlichkeit des Seitenlinienorgans war also groß genug, um die Druckänderung, die sich durch den veränderten Abstand zum Nachbarfisch ergab, sofort in eine Abbremsung zu übersetzen. Die Regel „Bleibe bei Deinem Nachbarn“ wirkte den Verhaltensforschern zufolge wie eine unsichtbare Feder, die die Stichlinge im Schwarm miteinander verband.

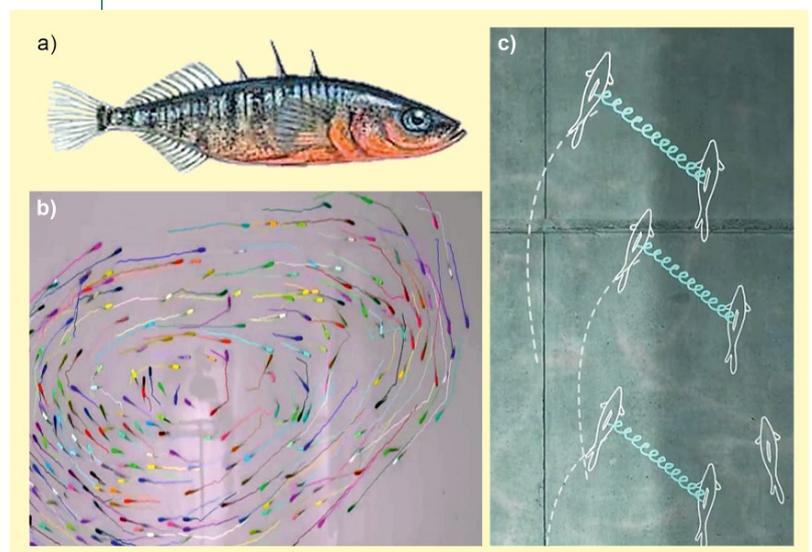
Ein Schwarm bilanziert

Neben dem schnellen Reaktionsvermögen eines Superorganismus verblüfft vor allem seine Fähigkeit, intelligente Konzepte zur Kosten-Nutzen-Rechnung zu entwickeln – und das auf einer Ebene, die ein Individuum niemals erreichen würde. Wieder bieten Insektenstaaten mit ihrer Verwandtenselektion ein Musterbeispiel für die Bilanzierung. Indem eine Arbeiterin auf eigenen Nachwuchs ver-



ABB. 4 Ein Schwarm der Stachelmakrele *Caranx lugubris* beeindruckt durch koordinierte Bewegungen und Schnelligkeit. Nur etwa 5 Prozent der Tiere lenken den Schwarm ohne es zu wissen – die anderen folgen. Foto: Anna Varona.

ABB. 5 | SCHWARMLEISTUNG BEI STICHLINGEN



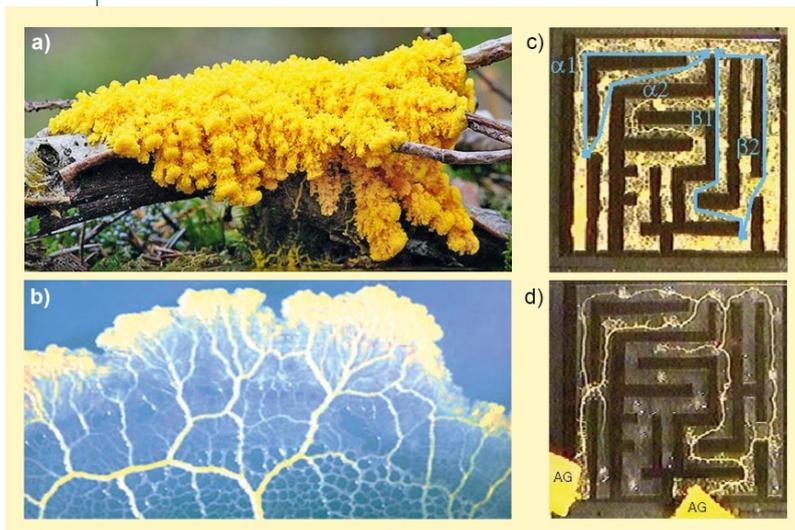
a) Dreistacheliger Stichling (*Gasterosteus aculeatus*), b) Momentaufnahme der individuellen Bewegungsmuster im Schwarm, c) Modell der Kopplung zwischen den Einzeltieren beim Aufspüren von Schatten. Zeichnung: latvijasdaba.lv, Grafiken: Iain Couzin.

zichtet und ihren Schwestern hilft, kann sie ihren Genen besser zur Durchsetzung verhelfen. Aufgrund der besonderen Geschlechtsbestimmung bei Hautflüglern sind Arbeiterinnen enger miteinander verwandt, als dies mit ihren eigenen Nachkommen jemals der Fall sein könnte. Je

ABB. 6 Eine große Sanitär-ameise (*Megaponera analis*) trägt eine verletzte Arbeiterin zur Genesung ins Nest zurück.
Foto: Erik Frank.

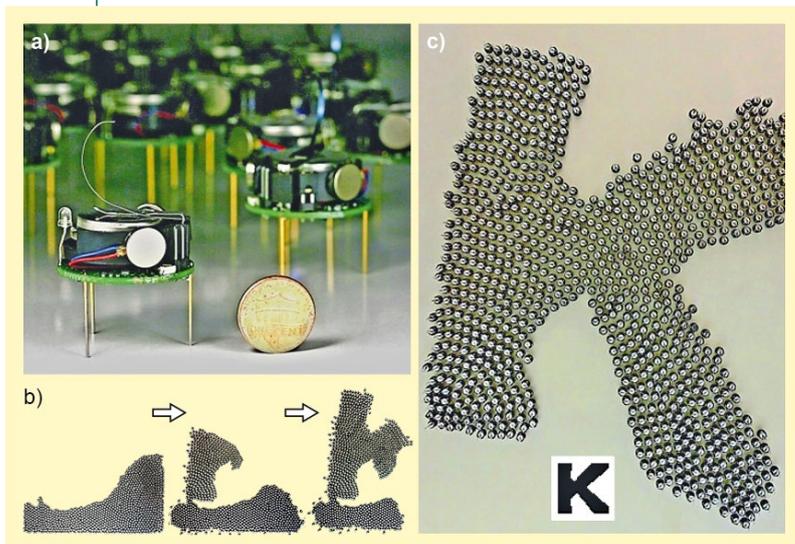


ABB. 7 | INTELLIGENZ OHNE GEHIRN



a) Der Schleimpilz *Physarum polycephalum* in seiner natürlichen Umgebung, **b)** Plasmodium-Front, die durch Plasmaströmung ständig ihre Form verändert. **c)** In einem Labyrinth findet das Plasmodium die kürzeste Strecke (blau) zwischen zwei Nahrungsquellen, **d)** selbstoptimiertes Plasmodium. Fotos: a) Urmas Tartes, b) Carolina Biological Supplies Company, c, d) Toshiyuki Nakagaki.

ABB. 8 | KÜNSTLICHE SCHWARMINTELLIGENZ



a) Kilobots sind kleine Laufroboter, die über IR-Funk miteinander kommunizieren. **b)** Die Bildung eines vorgegebenen Musters erfolgt durch Selbstorganisation. **c)** Das Resultat und die Vorgabe. Fotos: Michael Rubenstein (Harvard University).

enger der Verwandtschaftsgrad ist, desto größer ist der Nutzen der gegenseitigen Unterstützung für die reproduktive Fitness. Die von William D. Hamilton gefundene Regel besagt, dass Lebewesen ihre Verwandten unterstützen, wenn „die Kosten dieser Unterstützung kleiner sind als Verwandtschaftsgrad mal Nutzen für die anderen“.

Das Beispiel der sogenannten Sanitärerameisen (*Megaponera analis*, Abbildung 6) zeigt, wie präzise die Kosten-Nutzen-Rechnung funktioniert, ohne dass irgendeine Gruppe von Individuen sie kennen kann. *Megaponera*-Ameisen überfallen Termiten und bringen sie als proteinreiche Nahrung in ihr Nest. Da sich die überfallenen Völker heftig zur Wehr setzen, werden bei jedem Raubzug auch angreifende *Megaponera*-Ameisen verletzt – im Schnitt fast ein Drittel. Die verletzten Tiere werden von „Sanitärerinnen“, besonders großen Artgenossinnen, inspiziert und zur Krankenpflege zurück in den heimischen Bau transportiert. Aber eben nicht immer! Erik Frank, Karl Eduard Linsenmair und ihre Kollegen vom Biozentrum der Universität Würzburg fanden heraus, dass die Sanitärer ihre Krankentransporte mit Kalkül planen [6]. Hoffnungslose Fälle werden liegen gelassen. Gerettet wird nur, wenn Verletzungen nicht zu schwer sind, so dass die Patienten bald wieder einsatzbereit sind. Solange die Verletzten nur ein bis zwei Beine verloren haben, können sie teilweise schon eine Stunde später wieder an Raubzügen teilnehmen.

Auch beim Schleimpilz *Physarum polycephalum* ist man versucht, planerisches Handeln zu unterstellen, wenn sich dieser erstaunliche Organismus durch ein Labyrinth arbeitet, und dabei den kürzesten Weg zwischen zwei Futterquellen außerhalb des Labyrinths findet [7, 8]. Mit seinen Ausläufern erkundet der einzellige, aber vielkernige Organismus das Terrain und erhält nur solche Teile seines verzweigten Körpers aufrecht, die eine optimale, weil effiziente Versorgung, ermöglichen (Abbildung 7). Alle anderen Fortsätze werden nach kurzer Zeit wieder eingeschmolzen und zurück ins Kollektiv (Plasmodium) geholt. Mit dieser Methode löst *P. polycephalum* so schwierige Aufgaben wie die optimale Verbindung zwischen einer Vielzahl von Punkten. Der entstehende Zellkörper erinnert an ein Eisenbahnnetz, das verschiedene Städte miteinander verbindet.

Das Wissen der Vielen

Längst haben Informatiker die Schwarmintelligenz für sich entdeckt und die Prinzipien auf technische Systeme übertragen. Drei Begriffe prägen deren wertvolle Eigenschaften: Selbstorganisation, Robustheit und Adaptivität. Als Selbstorganisation bezeichnet man eine verteilte Problemlösung durch dezentrale Koordination, also dass Entscheidungsprozesse von vielen kleinen Einheiten getragen werden, die keine Hierarchie aufweisen. Es gibt keinen „Chef“. Die Robustheit bedeutet, dass das Gruppenziel erreicht wird, auch wenn einzelne Mitglieder dies nicht schaffen. Kollektive Ziele werden also nicht gefährdet,

wenn einzelne Individuen versagen. Und Adaptivität heißt in der Informatik, dass die Systeme dynamische Reaktionen erlauben – sie können sich schnell anpassen. Diese Eigenschaften sind typisch für Netzwerke, die man mit Superorganismen vergleichen kann. Die Simulation eines Schwarmes mithilfe winziger autonomer Laufroboter („Kilobots“), die über Funk miteinander kommunizieren, zeigt, wie leistungsfähig so eine Gemeinschaft sein kann. In kurzer Zeit können vorgegebene Formen entstehen, indem sich alle Laufroboter an einen bestimmten Platz bewegen, der sich aus der Interaktion mit den jeweils anderen ergibt – ohne dass eine zentrale Planungsinstanz das ganze überwacht und koordiniert (Abbildung 8). Was aber nach Spielerei anmutet, verfolgt einen tieferen Zweck. Bewährte Rechenverfahren (Algorithmen) solcher Simulationen lassen sich für technische Systeme gewinnbringend nutzen [9].

Zwei Algorithmen wurden schon nach ihren biologischen Vorbildern benannt. Der sogenannte Bienen-Algorithmus kommt beim „Scheduling“ von Internetservern zum Einsatz. Dabei werden Anfragen aus dem Internet so auf eine Gruppe von Servern verteilt, dass alle Server möglichst gleich ausgelastet sind und sich die Wartezeiten minimieren. Der Ameisen-Algorithmus dient dagegen zur Lösung von anderen Optimierungsfragen („Problem des Handlungsreisenden“): Wie verläuft der kürzeste Weg, mit dem vorgegebene Orte verbunden werden? So wie Ameisen die kürzeste Verbindung zwischen Futterquelle und Nest finden, arbeitet auch der Ameisen-Algorithmus. Indem der beste Weg von den meisten „Agenten“ benutzt und markiert wird, rekrutiert diese Route noch mehr „Agenten“, bis Nebenrouten verschwunden sind. Nach diesem Schema werden beispielsweise die besten Routen für Busse, Müllabfuhr und andere Transportaufgaben gefunden.

Die Emergenz kommt unverhofft

Dem griechischen Gelehrten Aristoteles (384–322 v. Chr.) wird die Erkenntnis zugeschrieben, dass „das Ganze mehr ist als die Summe der Einzelteile“. Ein vernetztes System weist häufig Eigenschaften auf, die über die bekannten hinausgehen – sozusagen als Bonus oder Emergenz. Betrachtet man zum Beispiel ein Waldhorn (Abbildung 9),

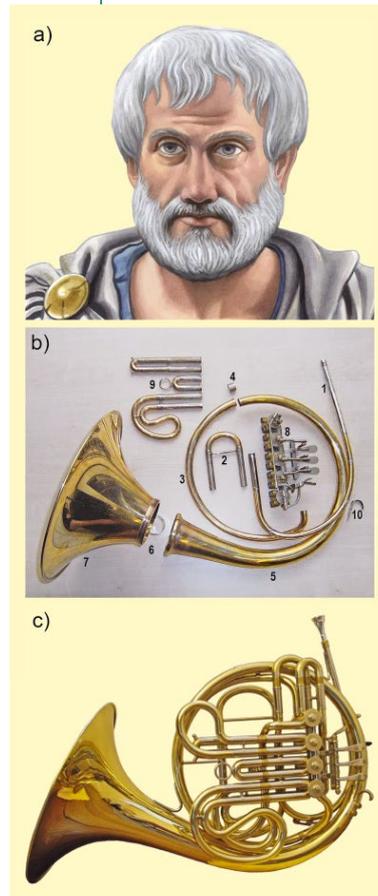
erkennt man den Wert der Vernetzung. Unverbunden stellen die Einzelteile allerhöchstens eine Ansammlung von hübschen Blechstücken dar. Erst durch die sinnvolle Verknüpfung der Einzelteile entsteht ein Instrument, das Klänge erzeugen kann. Die Fähigkeit zur Musikerzeugung ist also eine emergente Eigenschaft, die sich aus der Verknüpfung ergibt. Gerade bei biologischen Systemen finden sich immer wieder Emergenzen, die dazu führen, dass „das Ganze mehr ist als die Summe der Einzelteile“.

So kommt es durch die Verknüpfung der beiden Fotosysteme I und II in der Thylakoidmembran der Chloroplasten zum sogenannten Emerson-Effekt. Indem man die Fotosysteme über die passende Wellenlänge (680 nm oder 700 nm) getrennt anregt, kann die Wirkung auf die Photosyntheserate für jedes Fotosystem einzeln bestimmt werden. Bei gleichzeitiger Anregung beobachtet man aber eine unerwartete Steigerung der Photosyntheserate, die auf den verbesserten Elektronenfluss zwischen den Komponenten zurückzuführen ist. Auf zellulärer Ebene sind weitere Emergenzen zu beobachten, die mit zunehmender Vernetzung von Komponenten einhergehen. Die Entstehung der Mitochondrien aus einer anfänglichen Endosymbiose hat in ihrer Folge nicht nur eine ungeahnte Formenvielfalt höherer Organismen gefördert, sondern auch als Emergenz ganz neue Prinzipien hervorgebracht [10]. Sterblichkeit und Sexualität sind Phänomene, die bei Eukaryonten zum normalen Lebenszyklus gehören, während sie bei Prokaryonten keine vergleichbare Rolle spielen.

Synergistische Effekte oder Emergenzen lassen sich auf vielen Ebenen finden. Symbiosepartner sind zusammen produktiver als die Summe der

Einzelproduktivitäten erwarten lässt. Beim Cyanobakterium *Anabaena*, das mit dem Algenfarn *Azolla* eng vergesellschaftet ist, steigt die Stickstofffixierung zum Beispiel um den Faktor 4 bis 20 gegenüber isolierten *Anabaena*-Zellen. Verbinden sich gleichartige Zellen zu einer Kolonie, kann sich daraus aufgrund der entstehenden Arbeitsteilung ein neues Organ oder sogar ein neuer Organismus entwickeln. Vielzelligkeit ist nicht nur eine Frage der Quantität, sondern bedeutet immer auch eine neue Ebene der Komplexität. Vielleicht kann man auch die Entstehung von Bewusstsein als ein emergentes Phänomen

ABB. 9 | EMERGENZ



a) Aristoteles erkannte: „Das Ganze ist mehr als die Summe der Einzelteile“.
b) Bestandteile eines Waldhorns.
c) Durch die Verknüpfung entsteht ein Musikinstrument. Grafik: César Ibarra, Fotos: Wikipedia.

begreifen, das durch die Verknüpfung und zunehmende Komplexität von unzähligen Nervenzellen langsam entsteht. Das Gehirn wäre dann eine Gemeinschaft von Neuronen und Gliazellen, die zusammen eine neue Stufe der Schwarmintelligenz beschreiten.

Zusammenfassung

Intelligentes Verhalten ist ein Phänomen, das sich bei Gemeinschaften gleichartiger Individuen finden lässt, obwohl kein Mitglied alleine über diese Eigenschaft verfügt. Dieses als Schwarmintelligenz bezeichnete Phänomen findet sich in unterschiedlichem Maße bei Insektenstaaten, Vogelschwärmen und Fischschulen, aber auch bei Schleimpilzen oder Bakterienfilmen. Auslöser für die Schwarmbildung können schwieriger werdende Umweltbedingungen wie Nahrungsmangel sein. Stabilisiert werden die neuen Gemeinschaften oder Superorganismen durch intensive Kommunikation zwischen den Mitgliedern. Die Leistungen des Kollektivs beruhen teilweise auf wenigen einfachen Regeln, die von Informatikern aufgegriffen und in spezielle Algorithmen mit technischen Anwendungen umgeformt werden. Diese Form der künstlichen Intelligenz hilft bei vielen Optimierungsaufgaben in der Logistik von Daten und Gütern. Auffällig ist, dass durch die Vernetzung der Einheiten eines biologischen Systems nicht nur mehr Komplexität generiert wird, sondern dass auch synergistische Effekte deutlich werden: Das Ganze ist mehr als die Summe der Einzelteile.

Summary

Swarm intelligence: accessing a higher level of intelligence and performance by networking

Intelligent behaviour is a phenomenon which is found within communities of individuals of the same species, although this is unknown to the individual agent. The so-called swarm intelligence is found in different degrees in insect colonies, flocks of birds, shoaling fish but also in slime moulds or bacterial films. Swarm aggregation can be triggered by increasingly difficult environmental conditions, e.g. lack of food. The new communities or superorganisms are stabilized by intensive communication among the members. The collective performance is partially due to a set of

simple rules, which computer scientists use to create suitable algorithms for technical applications. This form of artificial intelligence helps to solve optimizing tasks for the efficient logistical processing of data and goods. It is striking that crosslinking the units of a biological system not only generates more complexity but also results in unprecedented synergistic effects: The entire system is more than the sum of the parts.

Schlagworte

Schwarmintelligenz, Superorganismus, Selbstorganisation, Vernetzung, Emergenz.

Literatur

- [1] J. Tautz (2008). Der Bien – ein Säugetier mit vielen Körpern. Superorganismus Bienenstaat, *BiuZ* 38/1, 22–29.
- [2] P. Gaudet et al. (2008). An anatomy ontology to represent biological knowledge in *Dictyostelium discoideum*, *BMC Genomics* 9, 130.
- [3] J. L. M. Welch et al. (2016). Biogeography of a human oral microbiome at the micron scale, *PNAS*, E791–E800.
- [4] A. J. W. Ward et al. (2008). Quorum decision-making facilitates information transfer in fish shoals, *PNAS*, 105, 6948–6953.
- [5] I. D. Couzin et al. (2005). Effective leadership and decision-making in animal groups on the move, *Nature*, 433: 513–516.
- [6] E. T. Frank et al. (2017). Saving the injured: Rescuing behavior in the termite-hunting ant *Megaponera analis*, *Science Advances* 3, 4.
- [7] T. Nakagaki et al. (2000). Intelligence: Maze-solving by an amoeboid organism, *Nature*, 407, 470.
- [8] J. Smith-Ferguson et al. (2021). Experience shapes future foraging decisions in a brainless organism, *Adaptive Behaviour*, <https://doi.org/10.1177/1059712321994684>
- [9] M. Dorigo, T. Stützle (2004). *Ant Colony Optimization*, MIT Press Bradford Books, Cambridge MA.
- [10] N. Lane (2017). *Funke des Lebens*, Theiss-Verlag.

Verfasst von:



Pascal Eitner, Jahrgang 1966, Studium der Biologie an der Universität Bonn, Promotion in Neurobiologie, seit 2009 Lehrer für Biologie und Physik am staatlichen Gymnasium in Puchheim bei München.

Korrespondenz:

Dr. Pascal Eitner
Gernlindener Straße 8
82216 Maisach
E-Mail: pascal-eitner@arcor.de



Foto: Hans Braxmeier.

Genetische Variation gezielt erzeugen und nutzen

Mehr Nachhaltigkeit durch Genomeditierung

STEPHAN CLEMENS

Die Produktion von Nahrungsmitteln gilt global als der wichtigste Treiber für Umweltveränderungen und droht, die Belastungsgrenzen unseres Planeten zu übersteigen. Ein Wandel in Richtung größerer Nachhaltigkeit der Landwirtschaft ist deshalb ein dringliches Ziel. Gleichzeitig muss eine wachsende Weltbevölkerung, deren Ernährungsgewohnheiten sich zudem wandeln, ausreichend mit gesunden Nahrungsmitteln versorgt werden, die z. B. genügend Mikronährstoffe enthalten. Um diese in Konflikt zueinander stehenden Ziele zu erreichen, sind tiefgreifende Veränderungen nötig. Dazu gehört die Nutzung des Innovationspotenzials neuer Züchtungsmethoden.

Die „Planetary Boundaries“, also die planetaren Grenzen, definieren den Rahmen, in dem der Mensch im von ihm geprägten Zeitalter des Anthropozäns die Umwelt verändern kann, ohne die Existenz des Lebens auf der Erde durch irreversible oder katastrophale Veränderungen von Ökosystemen zu gefährden [1]. Planetare Grenzen existieren etwa für die Erhöhung der CO₂-Konzentration der Atmosphäre, die Emission von Stickstoff und Phosphor, die Landnutzung für die Produktion von Nahrungsmitteln, den Frischwasserverbrauch und den Verlust von Biodiversität. Die Landwirtschaft gilt als der weltweit stärkste Treiber für Umweltveränderungen, welche die planetaren Grenzen belasten [2]. Etwa ein Drittel der für den Treibhauseffekt relevanten Klimagasemissionen geht auf die Landwirtschaft zurück. CO₂ wird bei der Umwandlung von Wäldern in Anbaufläche frei, gedüngte Felder emittieren Stickoxide, Viehzucht und Reisanbau setzen Methan frei. Dazu kommen Emissionen durch den Transport und die Verarbeitung von Nahrungsmitteln. Stickstoff und Phosphor limitieren pflanzliche Produktivität. Deshalb lassen sich durch Düngung erhebliche Ertragsteige-

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 345 erklärt.

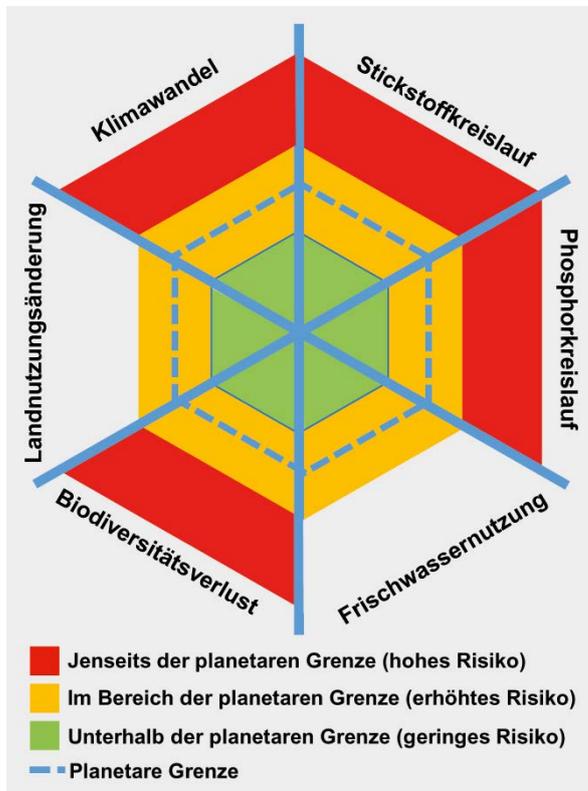


ABB. 1 Die Nahrungsmittelproduktion belastet das System Erde in einigen Bereichen bereits jenseits der planetaren Grenzen. Gezeigt sind sechs Schlüsselprozesse und das Ausmaß der jetzigen Belastung. Die konkreten Zahlen zu planetaren Grenzen und derzeitiger Belastung sind in Tabelle 1 aufgelistet. Planetare Grenzen sind nicht als Umschlagspunkte zu verstehen, sondern befinden sich noch diesseits solcher Schwellen. Die planetaren Grenzen sind als Warnsystem zu verstehen. Sie sind so kalkuliert, dass Gesellschaften noch Zeit zur Reaktion bleibt [1].

IN KÜRZE

- Die Produktion von Nahrungsmitteln überlastet schon heute in einigen Schlüsselprozessen wie dem **Eintrag von Stickstoff und Phosphat** die planetaren Grenzen, innerhalb derer ein Überleben des Systems Erde möglich ist.
- Die Landwirtschaft muss also **dringend nachhaltiger werden**, gleichzeitig jedoch Ertragsteigerungen erzielen und die Produktivitätsverluste in Folge des Klimawandels ausgleichen.
- Dies kann nur mit **nachhaltiger Intensivierung** gelingen, die alle zur Verfügung stehenden technologischen Möglichkeiten nutzen sollte.
- Pflanzenzüchtung hat schon in vergangenen Jahrzehnten wesentlich zur Steigerung von Erträgen **ohne höheren Flächenverbrauch** beigetragen.
- Züchtung basiert auf der **Nutzung von genetischer Diversität**, die durch neue Methoden wie die Genomeditierung gezielt generiert werden kann.
- **Genomeditierung mittels CRISPR-Cas** kann Limitierungen der Züchtung überwinden und so vielfältig zu nachhaltigerer Produktion von Nahrungsmitteln beitragen.

rungen erzielen. Aus demselben Grund hat der Eintrag dieser Makronährstoffe jedoch auch schwerwiegende Konsequenzen für Ökosysteme. Die resultierende ► Eutrophierung verändert z. B. aquatische und marine Habitats stark. Mehr als 70 Prozent des gesamten Frischwasserverbrauchs der Erde wird für die Bewässerung von Feldern aufgewandt, da Pflanzen bei der CO₂-Aufnahme für die Photosynthese Wasser an die Atmosphäre abgeben und Pflanzen auch dort angebaut werden (müssen), wo Niederschlagsmengen nicht ausreichen. Landnutzung für die Nahrungsmittelproduktion gilt als größte Bedrohung für die Biodiversität, da Lebensräume verkleinert oder fragmentiert werden. Zudem ist landwirtschaftliche Produktion mit der Belastung durch Pestizide verbunden.

Planetare Grenzen einhalten

In den letzten Jahren ist vielfach vorgeschlagen worden, die planetaren Grenzen als Orientierung zu nutzen, um „nachhaltige Landwirtschaft“ zu definieren, also eine Landwirtschaft, die im Sinne der 1987 von der Weltkommission für Umwelt und Entwicklung formulierten Definition „den Bedürfnissen der heutigen Generation entspricht, ohne die Möglichkeiten künftiger Generationen zu gefährden, ihre eigenen Bedürfnisse zu befriedigen und ihren Lebensstil zu wählen“. Ein Beispiel hierfür ist die „EAT-Lancet Commission on healthy diets from sustainable food systems“ [3]. Abbildung 1 fasst die Ist-Situation und die ermittelten Zielgrößen für eine Nahrungsmittelproduktion innerhalb der planetaren Grenzen zusammen. Notwendigerweise werden Intervalle angegeben (Tabelle 1), da natürliche Schwankungen existieren und wissenschaftliche Restunsicherheiten bleiben. Deutlich wird jedoch, dass der heutige Einfluss der Nahrungsmittelproduktion die planetaren Grenzen in einigen Bereichen bereits überschreitet. Dies gilt insbesondere für den Eintrag von Stickstoff und Phosphor sowie die Bedrohung der Biodiversität [1]. Eine Erweiterung hat das Konzept in den letzten Jahren noch durch die Idee einer „Planetary Health Diet“ erhalten. Hier wird eine Ernährungsweise gesucht, die auf nachhaltiger Produktion innerhalb der planetaren Grenzen basiert und gleichzeitig gesundheitsförderlich ist [3]. Wesentliche Merkmale sind Vielfalt und ein hoher Anteil pflanzlicher Produkte.

Wichtig ist die Feststellung, dass es sich bei der Orientierung an planetaren Grenzen um eine systemweite Definition handelt. Nachhaltigkeit kann nicht allein auf Ebene des einzelnen Betriebs oder einer Region beurteilt werden. Essentiell ist eine globale Perspektive. Selbst eine Betrachtung der gesamten EU ohne Berücksichtigung der Lebensmittelimporte ist unzureichend. Erste Berechnungen haben etwa ergeben, dass eine Umsetzung der „Farm to Fork“-Strategie des „European Green Deal“ nicht unbedingt zu mehr Nachhaltigkeit führen wird, obwohl dies ein ausdrückliches Ziel der Agenda ist. Innerhalb der EU wird z. B. nur ein geringerer Teil der in der EU konsumierten Pflanzöle produziert. Eine weitere Reduktion der Produktion

TAB 1. PLANETARE GRENZEN FÜR SECHS DURCH DIE PRODUKTION VON NAHRUNGSMITTELN STARK BELASTETE SCHLÜSSELPROZESSE DES SYSTEMS ERDE

	Kontrollvariable	Planetare Grenze (Unsicherheit)	Ist-Zustand
Klimawandel	Klimagasemissionen	5 Gigatonnen (Gt) CO ₂ -Äquivalente (4,7–5,4)	8,5–13,7 Gt CO ₂ -Äquivalente
Stickstoffkreislauf	Stickstoffeintrag	62 Teragramm (Tg) N pro Jahr (62–82)	~150 Tg N pro Jahr
Phosphorkreislauf	Phosphoreintrag	8 Tg P pro Jahr (6–12)	14,2 Tg P pro Jahr
Frischwassernutzung	Frischwasserverbrauch	2500 km ³ pro Jahr (1000–4000)	2600 km ³ pro Jahr
Biodiversitätsverlust	Aussterberate	10 Artentode pro Million Spezies pro Jahr (1–80)	100–1000 Artentode pro Million Spezies pro Jahr
Landnutzungsänderung	Anbaufläche	13 Millionen km ² (11–15)	12,6 Millionen km ²

Angegeben sind die Kontrollvariablen für die Schlüsselprozesse, planetare Grenzen (in Klammern die durch Lücken in der wissenschaftlichen Erkenntnis oder natürliche Schwankungen anzunehmende Spanne) sowie die derzeitige Belastung. Die Zahlen stammen aus [3], ergänzt durch [1].

in Europa wird basierend auf den existierenden Trends zu einer entsprechenden Erhöhung des Flächenverbrauchs in Südamerika und Asien führen [4]. Dieser könnte wegen geringerer Produktivität sogar höher ausfallen als die in Europa eingesparte Fläche. Ähnliche Zusammenhänge existieren für weitere Produktgruppen.

Ziele für nachhaltige Entwicklung

Der notwendige Übergang zu nachhaltigerer Produktion von Nahrungsmitteln innerhalb der planetaren Grenzen ist schon auf dem heutigen Ertragsniveau eine enorme Herausforderung, die eine Vielzahl von Anpassungen erfordert (Abbildung 1). Noch schwieriger wird die Aufgabe dadurch, dass auch nachhaltige Entwicklung unabdingbar ist und die Weltbevölkerung bis zum Jahr 2050 auf etwa 10 Milliarden anwachsen wird. Das zweite der von allen Mitgliedsstaaten der UN im Jahre 2015 anerkannten Ziele für nachhaltige Entwicklung („Sustainable Development Goals“, SDGs) lautet „Kein Hunger“. Nach aktuellen Schätzungen sind trotz beachtlicher Fortschritte in den letzten Jahrzehnten weltweit etwa 800 Millionen Menschen unzureichend mit Kalorien versorgt, und die Erreichung des Ziels bis 2030 gilt derzeit als nicht wahrscheinlich [5]. Hunger hat sicher viele Ursachen, doch tritt er vorwiegend in Regionen mit geringer landwirtschaftlicher Produktivität auf. Dies illustriert die Notwendigkeit der Steigerung landwirtschaftlicher Erträge. Noch verbreiteter als Unterernährung ist Mangelernährung. Wahrscheinlich sind mehr als 2 Milliarden Menschen unzureichend mit Mikronährstoffen versorgt [5]. Im Sinne des dritten Zieles für nachhaltige Entwicklung – „Gesundheit und Wohlergehen“ – müssen deshalb nicht nur Erträge erhöht werden, sondern auch die Qualität von Nahrungsmitteln. Notwendig ist „nutritional yield“ [6], also eine Produktion, die auch auf optimale Gehalte, z. B. der Spurenelemente Eisen und Zink, abzielt.

Zur Erreichung der SDGs sind deshalb von 2005 gerechnet bis 2050 Ertragsteigerungen von 100–110 Prozent erforderlich [7]. Die notwendigen Ertragssteigerungen könnten allerdings deutlich geringer ausfallen, wenn sich die Ernährungsgewohnheiten der Menschen hin zu einer gesünderen, vorwiegend auf pflanzlichen Produkten basierenden Diät in größerem Maßstab verändern würden. Dies ist jedoch global gesehen in den kommenden Jahr-

zehnten nicht zu erwarten. Projektionen sagen noch für lange Zeit einen Trend in Richtung steigenden Konsums tierischer Produkte voraus. Es muss also erheblich mehr produziert werden, bei maximal gleichbleibender Anbaufläche und deutlicher Verringerung des Ressourcenverbrauchs. Diese immense Herausforderung wird dadurch noch größer, dass der Klimawandel global gesehen nach allen vorliegenden Modellierungen und auch biologisch plausibel zu Ertragseinbußen führen wird [8]. Rapide Veränderungen von Temperaturen und Niederschlagshäufigkeiten werden den Stress für Nutzpflanzen zwangsläufig erhöhen und damit in vielen Regionen der Erde Erträge mindern.

In der Wissenschaft herrscht weitgehende Einigkeit darüber, dass die notwendige Balance zwischen Ertrag und Umweltschonung nur durch die Kombination einer Vielzahl verschiedener Strategien und Maßnahmen erreicht werden kann [9]. Eine einfache Umstellung der Produktionsweise, wie zum Beispiel der häufig geforderte Umstieg auf organische Landwirtschaft, reicht bei weitem nicht aus. Die vorliegenden quantitativen Analysen zeigen für den Vergleich der konventionellen mit der organischen Landwirtschaft, dass beide Ansätze Vor- und Nachteile in Bezug auf Nachhaltigkeit aufweisen. Eine ► Metaanalyse von Clark und Tilman [10] für mehrere Hundert landwirtschaftliche Systeme und 70 verschiedene Produktgruppen zeigte, dass der Flächenverbrauch organischer Landwirtschaft für alle Produktgruppen höher ist und für einige auch das Eutrophierungspotenzial, während der Energieeinsatz geringer ist. Notwendig ist eine nachhaltige Intensivierung, um die Erhöhung der landwirtschaftlichen Produktion bei gleichzeitiger Verringerung des ökologischen Fußabdrucks zu erreichen [2]. Elemente einer nachhaltigen Intensivierung sollten die Nutzung agrarökologischer Erkenntnisse und besseres Management sein – ebenso wie technologische Fortschritte. Zu letzteren gehört, neben beispielsweise der Informations- und Kommunikationstechnologie für das ► Smart Farming, die Nutzung des Innovationspotenzials der Pflanzenzüchtung, ohne die eine angemessene Antwort auf die geschilderten Herausforderungen kaum vorstellbar ist [9]. Dies gilt umso mehr, als die Folgen des Klimawandels eine deutlich beschleunigte Entwicklung angepasster Sorten verlangen. Zudem können

züchterische Innovationen, anders als etwa ausgefeilte Sensortechnologie für das Smart Farming, auch ohne komplexe Infrastruktur und unter kleinbäuerlichen Bedingungen nutzbar gemacht werden.

Pflanzenzüchtung und Domestizierung

In den Jahrzehnten seit dem 2. Weltkrieg sind enorme Ertragssteigerungen erzielt worden. Die „Grüne Revolution“ hat eine Verdreifachung der Erträge bei nur um ca. 30 Prozent erhöhtem Flächenbedarf erreicht. In erster Linie haben dazu die wichtigsten Nahrungspflanzen Weizen, Reis und Mais beigetragen. Neben Faktoren wie verbesserter Düngung, chemischem Pflanzenschutz, Bewässerung oder Mechanisierung haben vor allem Innovationen in der Pflanzenzüchtung zu diesen Erfolgen geführt [9]. Nach Schätzungen waren sie für bis zu 50 Prozent der Produktivitätsgewinne verantwortlich, und so lässt sich erklären, dass Norman Borlaug, einer der wichtigsten Weizenzüchter, für seine Verdienste um die Ernährungssicherheit von Millionen Menschen 1970 mit dem Friedensnobelpreis ausgezeichnet wurde. Einige der großen züchterischen Erfolge sind inzwischen auch im molekularen Detail nachvollziehbar. Zu den wichtigsten Eigenschaften von Weizen- und Reissorten der Grünen Revolution zählt die Zwergwüchsigkeit. Die, verglichen mit traditionellen Sorten, deutlich geringere Größe dieser Pflanzen verringert das Risiko des Umknickens und erhöht den Anteil der Körner am Gesamtgewicht der Pflanze. Wir wissen heute, dass subtile Veränderungen in Synthese oder Signaltransduktion des Pflanzenhormons Gibberellinsäure (GA) hinter dieser Wuchsform stecken. Gibberellinsäure stimuliert das Streckungswachstum von Pflanzen. Die Züchtung hat Genvarianten genutzt, von denen die molekulare Forschung gezeigt hat, dass sie für die verstärkte Aktivität von DELLA-Proteinen sorgen. Dies sind Repressoren der GA-Antwort, die folglich das Streckungswachstum bremsen. Solche Genvarianten, deren genaue Natur damals noch nicht bekannt sein konnte, haben die Überlebenswahrscheinlichkeit und den Lebensstandard von vielen Millionen Menschen erhöht.

Bereits vor den Erfolgen der Pflanzenzüchtung in den vergangenen Jahrzehnten hat der Mensch durch die Selektion von zufälligen Mutationen einige Arten domestiziert, d. h. zu Kulturpflanzen gemacht, und eine allmähliche, wenn auch langsame und ungeplante Anpassung an seine Bedürfnisse erreicht. Dieser Prozess begann vor etwa 12.000 Jahren nach dem Ende der letzten Eiszeit. Dank faszinierender Fortschritte der molekulargenetischen Forschung kennen wir heute einige der zugrundeliegenden Mutationen im Detail. Unsere Getreidesorten zeigen z. B. einen Verlust der natürlichen Samenausbreitung. Ein Wildgras wirft die Körner ab und sorgt damit für die Verbreitung des Nachwuchses. Die Kulturgräser halten ihre Körner fest, was biologisch nicht sinnvoll, aber gut für die Ernte ist. Eine der dafür nötigen, selektierten Mutationen im Reis ist bekannt: Ein Basenaustausch im Genlokus *sb4* sorgt für die Veränderung einer Aminosäure des kodierten Proteins. Dieses ist wichtig für die Ausbildung einer Trennschicht als Sollbruchstelle für den Samenabwurf. Die Mutation führt zu eingeschränkter Funktion dieses Proteins [11]. Analoge genetische Veränderungen sind parallel auch in Hirse und Mais aufgetreten. Eine weitere typische Eigenschaft von Kulturpflanzen ist der zumindest teilweise Verlust von Bitterstoffen. Wilde Mandeln akkumulieren große Mengen cyanogener Glykoside, die bei Abbau hochtoxische Blausäure freisetzen. Der Mensch hat Mandeln mit weniger Bitterstoffen selektiert. Eine der verantwortlichen Mutationen verändert eine einzige Base in einem Gen für einen ▶ Transkriptionsfaktor, mit der Folge, dass zwei für die Biosynthese der cyanogenen Glykoside wichtige Gene nicht mehr aktiviert werden [12]. Diese Beispiele zeigen, dass durch einzelne Basenaustausche Eigenschaften verändert werden können.

Genetische Variation ermöglicht also die Selektion von für den Menschen günstigen Eigenschaften. Das Ausmaß der genetischen Variation ist damit ein limitierender Faktor für die Möglichkeiten der Züchtung und ist durch Domestikation und Züchtung notwendigerweise kleiner geworden, da immer nur bestimmte Genotypen weitervermehrt wurden (Abbildung 2). Um die genetische Variation zu erhöhen, ist deshalb über Jahrzehnte Mutationszüchtung betrieben worden. Arbeiten mit der Fruchtfliege *Drosophila* hatten gezeigt, dass energiereiche, ionisierende Strahlung zu Mutationen führt. Deshalb wird die radioaktive Bestrahlung von Nutzpflanzen dazu genutzt, ungerichtete Mutationen zu erzeugen und so die genetische Variation zu erhöhen. Sehr viele der heute in Europa angebauten Gerstesorten gehen beispielsweise auf mutagenisierte Linien zurück. Ein Beispiel für das Erbe dieser Mutagenese, eine 141 Mb große Inversion in Chromosom 7H, ist gerade erst durch die Sequenzierung vieler Gerstengenome detektiert worden [13]. Etwa ein Viertel des gesamten Chromosoms ist damit in vielen der kommerziell bedeutenden Sorten in Europa invertiert, was eine große genomische Veränderung darstellt.

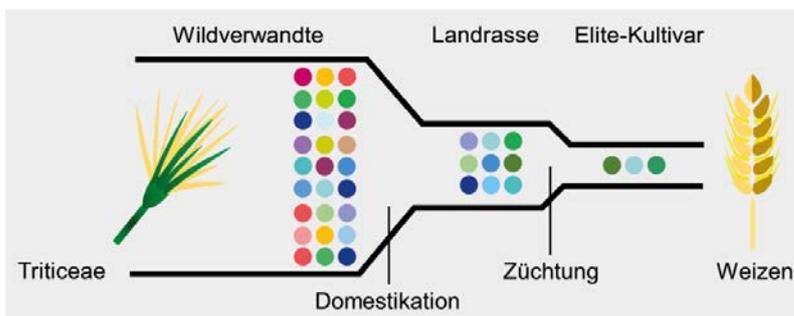


ABB. 2 Verlust genetischer Diversität in Kulturpflanzen. Nur ein Teil der allelischen Variation (symbolisiert durch die farbigen Kreise) in Wild-Populationen der Vorläuferarten heutiger Kulturpflanzen ist in Landrassen präsent. Die Züchtung konnte dann wiederum nur einen Teil der vorhandenen genetischen Diversität für die Entwicklung der heutigen Elite-Kultivare nutzen. Modifiziert nach [19].

Gezielte Erzeugung genetischer Variation durch CRISPR-Cas

Neue Züchtungsmethoden sind nicht mehr auf zufällig auftretende Mutationen angewiesen, sondern können diese gezielt und damit auch sehr spezifisch und begrenzt erzeugen. Damit wird die Überwindung grundsätzlicher Limitationen für die Züchtung von Pflanzen möglich. Gerade die im November 2020 mit dem Chemie-Nobelpreis ausgezeichnete Methode der Genomeditierung mittels CRISPR-Cas eröffnet völlig neue Perspektiven. Das Prinzip der Methode basiert darauf, dass die Nuklease Cas9 – durch eine „Guide-RNA“ geleitet – spezifisch an einer Stelle im Genom einen Doppelstrangbruch erzeugt (Abbildung 3). Dieser wird durch die zelleigenen DNA-Reparatursysteme korrigiert. Dabei kommt es beim sogenannten „non-homologous end joining“ häufig zum Verlust oder der Insertion einzelner DNA-Basen. Wenn der Doppelstrangbruch in einer kodierenden Sequenz gesetzt wurde, ist dann meist ein Funktionsverlust des betreffenden Gens die Folge. Erfolgt die Reparatur durch „homology-directed repair“ in Gegenwart einer Vorlage (eines Templates), können auch kurze Sequenzabschnitte eingefügt oder editiert werden. Seit der ersten Veröffentlichung der Methode im Jahre 2012 hat ein rasanter Prozess der Nutzung wie auch der methodischen Weiterentwicklung eingesetzt. Immer neue Abwandlungen werden veröffentlicht, die das

Repertoire erweitern. Beispielsweise erlauben das Base Editing und das Prime Editing die gezielte Editierung einzelner Basen [14] (Abbildung 3).

Für die Genomeditierung müssen RNAs und Enzyme in Zellen eingebracht werden. Dies erfolgt entweder dadurch, dass ein DNA-Konstrukt mit der Information für Proteine und Guide-RNA durch herkömmliche Transformation in Pflanzen eingeschleust wird. Nach erfolgter Editierung kann das Konstrukt sehr einfach durch Selbstung oder Kreuzung aus den Nachkommen entfernt werden. Ganz ohne zwischenzeitliche Integration fremder DNA kommt die Technik aus, wenn entweder RNA oder Ribonukleoprotein-Partikel (Komplexe aus RNA und Proteinen) in eine einzelne Pflanzenzelle gebracht werden und aus der Zelle mit editiertem Genom *in vitro* eine ganze Pflanze regeneriert wird [14].

Schon die ersten Anwendungen der noch sehr jungen Technologie für gerichtete, kontrollierte und evidenzbasierte Mutagenese haben gezeigt, dass züchterische Erfolge im Sinne größerer Nachhaltigkeit der Nahrungsmittelproduktion erzielt werden können. Eine in der Gersteszüchtung seit Jahrzehnten genutzte Mutation betrifft den *Mlo*-Lokus und verleiht Resistenz gegen Mehltau. Die Resistenz verleihende Genvariante ist inaktiv und wurde zuerst in einer Landrasse in Äthiopien entdeckt. Das *Mlo*-Protein ermöglicht Mehltauinfectionen. Deshalb ist ein Verlust

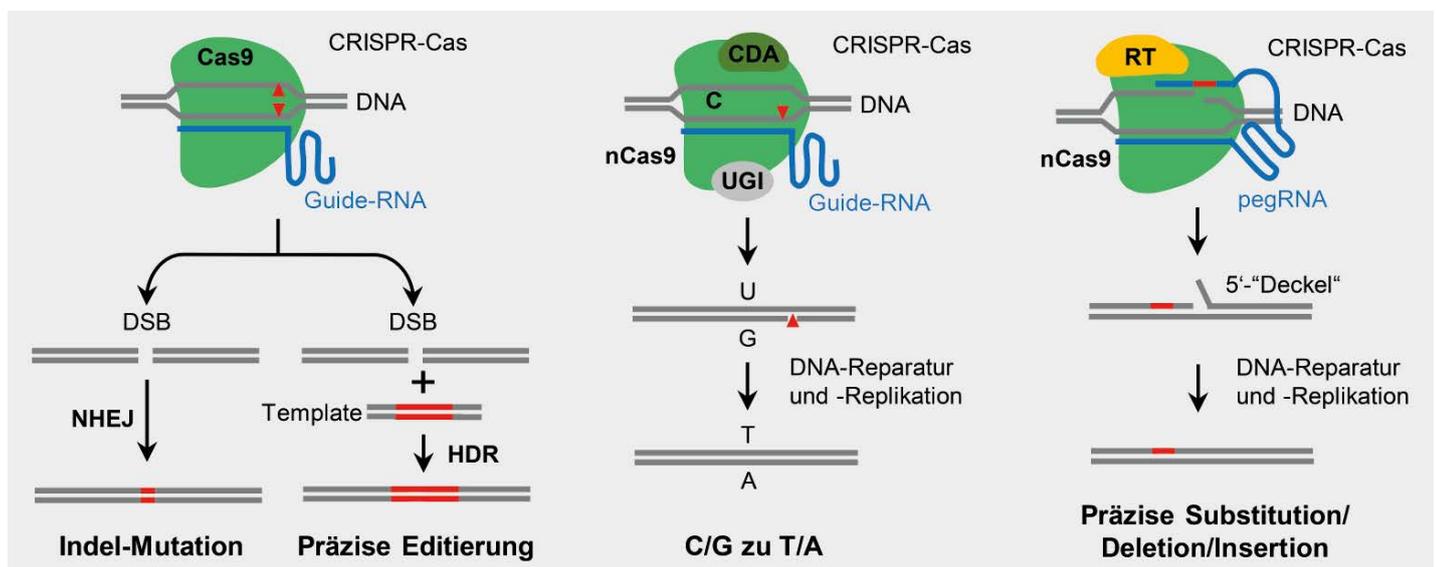


ABB. 3 Methoden der Genomeditierung mittels CRISPR-Cas. Links: Die Nuklease Cas9 verursacht spezifisch an einer Stelle im Genom einen Doppelstrangbruch (DSB). Die Programmierung erfolgt durch die Sequenz der Guide-RNA und die RNA-DNA-Basenpaarung. Der entstandene DSB wird durch eines von zwei zellulären Systemen repariert. Im Ergebnis bleibt nach dem „Non-Homologous End Joining“ (NHEJ) meist eine kurze Insertion oder Deletion zurück (Indel, alle Veränderungen der DNA sind rot hervorgehoben). „Homology-directed Repair“ (HDR) in Gegenwart einer von außen eingebrachten Vorlage (Template) kann zur gezielten Editierung genutzt werden. Mitte: Ein mutiertes Cas9-Protein (nCas9) wird beim Base Editing eingesetzt. Durch nCas9 wird nur ein Einzelstrang geschnitten. Eine fusionierte Cytidin-Deaminase (CDA, wie hier gezeigt) oder eine Adenin-Deaminase wandeln dann, unterstützt durch den Uracil-DNA-Glycosylase-Inhibitor (UGI), Cytosin/Guanin in Thymin/Adenin um, bzw. Adenin/Thymin in Guanin/Cytosin. Rechts: Für das Prime Editing ist nCas9 mit einer Reverse Transkriptase fusioniert. Die „prime editing guide RNA“ (pegRNA) ist eine modifizierte Guide-RNA, die zusätzlich eine Primer-Bindungsstelle und eine Vorlage für die Reverse Transkriptase trägt. Mittels Reverser Transkription wird die RNA-Vorlage in DNA umgeschrieben. Der entstehende 5'-"Deckel" wird dann durch DNA-Reparaturmechanismen Teil des Genoms. Durch Prime Editing können präzise Editierungen, Insertionen und Deletionen erzeugt werden.

der Genfunktion vorteilhaft, und die entsprechende Genvariante wird seit Jahrzehnten in der Züchtung genutzt. Eine analoge Mlo-Inaktivierung kann auch in anderen Pflanzenarten Mehlauresistenz hervorbringen. Das zufällige Auftreten einer solchen Mutation im Kulturweizen ist jedoch unwahrscheinlich, da im hexaploiden Genom insgesamt 6 Allele inaktiviert werden müssten. Mittels CRISPR-Cas lässt sich eine solche Veränderung jedoch gezielt herbeiführen, und die komplette Inaktivierung aller Mlo-Allele führt tatsächlich zu Mehlauresistenz [15].

Resistenz gegenüber einem wichtigen Krankheitserreger ist auch im Reis erreicht worden. Die Weißblättrigkeit („Bacterial Blight“) beim Reis wird durch *Xanthomonas oryzae* ausgelöst. Wie alle mikrobiellen Pathogene nutzt dieses Bakterium Effektoren, die den Stoffwechsel und das Immunsystem der Wirtspflanzen stören. Eine Klasse von Effektoren aktiviert in Pflanzenzellen Gene für Zuckertransporter, die sogenannten SWEET-Proteine. Diese sorgen für einen Export von Saccharose, welche die Bakterien im extrazellulären Raum als Nahrung nutzen. Die Effektoren erzielen ihre Wirkung durch die Bindung an regulatorische Sequenzen der SWEET-Gene. Werden einzelne Basen in den Bindungsstellen durch Genomeditierung modifiziert, erfolgt keine Aktivierung mehr. Zucker werden nicht austransportiert und die Reispflanze entwickelt Resistenz gegen *Xanthomonas oryzae* [16].

Pflanzen mit züchterisch verbesserter Resistenz müssen weniger durch Pestizide geschützt werden. Weitere Beiträge zu mehr Nachhaltigkeit und gesünderer Ernährung im Sinne einer „Planetary Health Diet“ sind bereits absehbar. Eine wünschenswerte, größere Vielfalt der Nahrungsmittel ließe sich fördern, wenn mehr Nutzpflanzen

züchterisch so erschlossen würden, dass sie wie die wichtigsten Arten Weizen, Reis oder Gerste in Gebieten mit sehr unterschiedlichen Klima- oder Bodenbedingungen angebaut werden könnten. Viele sogenannte Orphan Crops werden in Millionen kleinbäuerlicher Haushalte angebaut und haben ein bisher nicht ausreichend genutztes genetisches Potenzial. Ein Beispiel ist Quinoa (*Chenopodium quinoa*). Diese Art hat in den letzten Jahren eine stark gestiegene Nachfrage erfahren, da sie als glutenfreies Pseudogetreide ein günstiges Inhaltsstoffspektrum aufweist. Eine erwünschte und in einigen Sorten ausgeprägte Eigenschaft ist der Verlust der Synthese von Saponinen – für den Menschen schädlichen Bitterstoffen – in der Samenschale (Abbildung 4). Nach der Sequenzierung des Quinoa-Genoms wurde die genetische Grundlage für diese Eigenschaft identifiziert. Ein Basenaustausch oder eine Insertion in einem Gen eines Transkriptionsfaktors verhindern – ähnlich wie im Beispiel der Mandel – die Aktivierung der Synthese [17]. Mit CRISPR-Cas ließe sich eine solche Veränderung sehr schnell in andere Sorten einbringen und damit z. B. die relativ hohe Salztoleranz auch von Quinoa-Sorten, die bisher noch Bitterstoffe bilden, für den Anbau auf ansonsten wenig nutzbarem Land fördern. Dies wäre ein Beitrag zu nachhaltiger Intensivierung.

Eine weitere erwünschte Eigenschaft von Quinoa ist wegen der oben angesprochenen Vorteile die Kleinwüchsigkeit. Hier und in vielen anderen Arten kann eine beschleunigte Domestizierung und Züchtung erreicht werden, indem auf der Basis des heutigen Wissens über entscheidende Genveränderungen in Nutzpflanzen systematisch genetische Variation erzeugt wird, anstatt nur auf die zufällig aufgetretenen Mutationen angewiesen zu sein (Abbildung 5). Für Kleinwüchsigkeit etwa wären Varianten der DELLA-Gene ein vielversprechender Ansatzpunkt [18]. Auch andere Schlüsselgene der Anpassung von Pflanzen an menschliche Bedürfnisse sind bekannt und können systematisch variiert werden. Zum Beispiel zeigen Nutzpflanzen häufig ein verändertes Blühverhalten. Tomaten etwa sind seit dem zufälligen Auftreten der *sp*-Mutante in den 1920er Jahren sehr viel effektiver zu nutzen. Die Abkürzung *sp* steht für „self-pruning“ und meint, dass die mutierten Tomatenpflanzen ein determiniertes Wachstum zeigen, also gleichzeitiges Blühen der Seitensprosse mit entsprechender Fruchtbildung anstelle eines ständigen Wechsels zwischen vegetativen und reproduktiven Phasen [18]. Systematisches Editieren der für Blühregulatoren kodierenden Gene würde in vielen Nutzpflanzen sehr nützliche genetische Variation

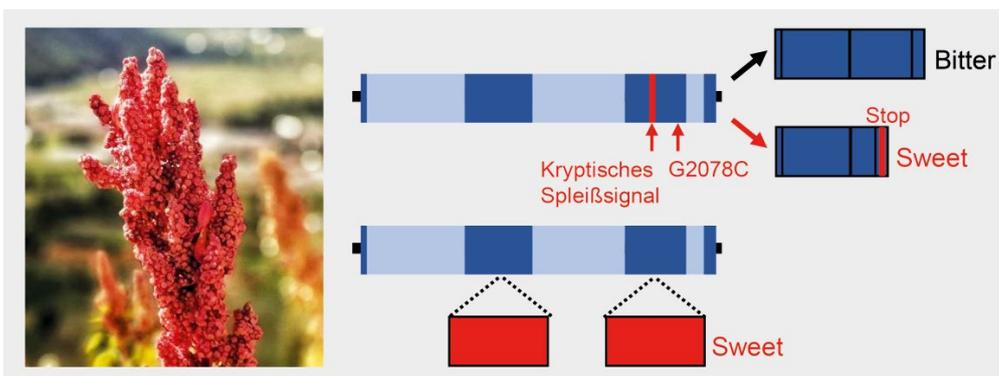


ABB. 4 Durch Genomeditierung können Nutzpflanzen wie Quinoa (*Chenopodium quinoa*) schneller züchterisch entwickelt werden. Im Sinne einer größeren Diversität unserer (pflanzenbasierten) Ernährung ist die Ausweitung des nachhaltigen Anbaus von Orphan Crops wie Quinoa wünschenswert. Wichtig dafür ist der Verlust der Bildung von Saponinen, für den Menschen schädlichen Bitterstoffen, in der Samenschale („sweet quinoa“). Die Genomsequenzierung [17] hat zwei verantwortliche Mutationsereignisse offenbart. Beide betreffen das *TSARL1*-Gen. Dieses kodiert für einen Transkriptionsfaktor, der die Saponinsynthese in der Samenschale aktiviert. Die eine Mutation führt zu einer durch ein vorzeitiges Stopcodon nicht-funktionalen Spleißvariante, die andere besteht in Exon-Insertionen. Mittels CRISPR-Cas wäre es nun möglich, ähnliche Mutationsereignisse auszulösen und damit die „sweet quinoa“-Eigenschaft ohne die sehr zeitraubende Einkreuzung (Quinoa ist tetraploid) in andere interessante Sorten zu übertragen. Bildquelle: alpakaventas über www.pixabay.com.

erzeugen, aus der Züchter dann selektieren können und so erwünschte genetische Veränderung erreichen.

Schon eine solche gezielte Veränderung einzelner Gene wird also große Vorteile bringen. So werden durch ungerichtete Mutagenese oder die Kreuzung mit Wildverwandten verursachte, unübersehbare und oft nachteilige Veränderungen von Genomen vermieden. Dies spart sehr viel Zeit und hohe Kosten, die mit mehrmaligen Rückkreuzungen und der aufwändigen phänotypischen Charakterisierung von Nachkommen verbunden sind. Feldversuche würden stark reduziert werden können, da ja die aufgetretene genetische Veränderung viel geringer ausfällt und im Idealfall eine einzige DNA-Base betrifft (Abbildung 5).

Die Potenziale der Genomeditierung gehen jedoch weit darüber hinaus. Viele der Limitationen für die klassische Züchtung können überwunden werden. Häufig ist es nahezu unmöglich, günstige Allele verschiedener Gene in einer Sorte zu vereinen, da ein ungünstiges Allel in unmittelbarer Nähe auf einem Chromosom liegt. Das Aufheben

einer solchen Kopplung durch Crossing-over während der Meiose ist extrem unwahrscheinlich. Die gezielte Inaktivierung ungünstiger Allele mittels CRISPR-Cas wird die Nutzung von den Züchtern bereits bekannten günstigen Allelen erleichtern (Abbildung 6). Rezessive Eigenschaften sind in polyploiden Arten kaum zu erreichen. Das oben erwähnte Beispiel Mlo zeigt, dass dies mittels CRISPR-Cas ermöglicht wird.

Auch die viel schwierigere Verbesserung quantitativer, durch zahlreiche Gene beeinflusster Eigenschaften wie der Trockenstresstoleranz oder der Effizienz der Stickstoffnutzung wird sehr von den Möglichkeiten der Genomeditierung profitieren können. Quantitative Eigenschaften sind durch zahlreiche sogenannte „Quantitative Trait Loci“ (QTLs) beeinflusst. Diese leisten jeweils meist nur einen kleinen Beitrag zur gewünschten Eigenschaft. Klassische Züchtung kann QTLs mit geringem Effekt kaum nutzen, da Kreuzungen zu viele unerwünschte genetische Veränderungen einbringen. Dies ist anders, wenn durch Genomeditierung mehrere Loci gleichzeitig verändert werden,

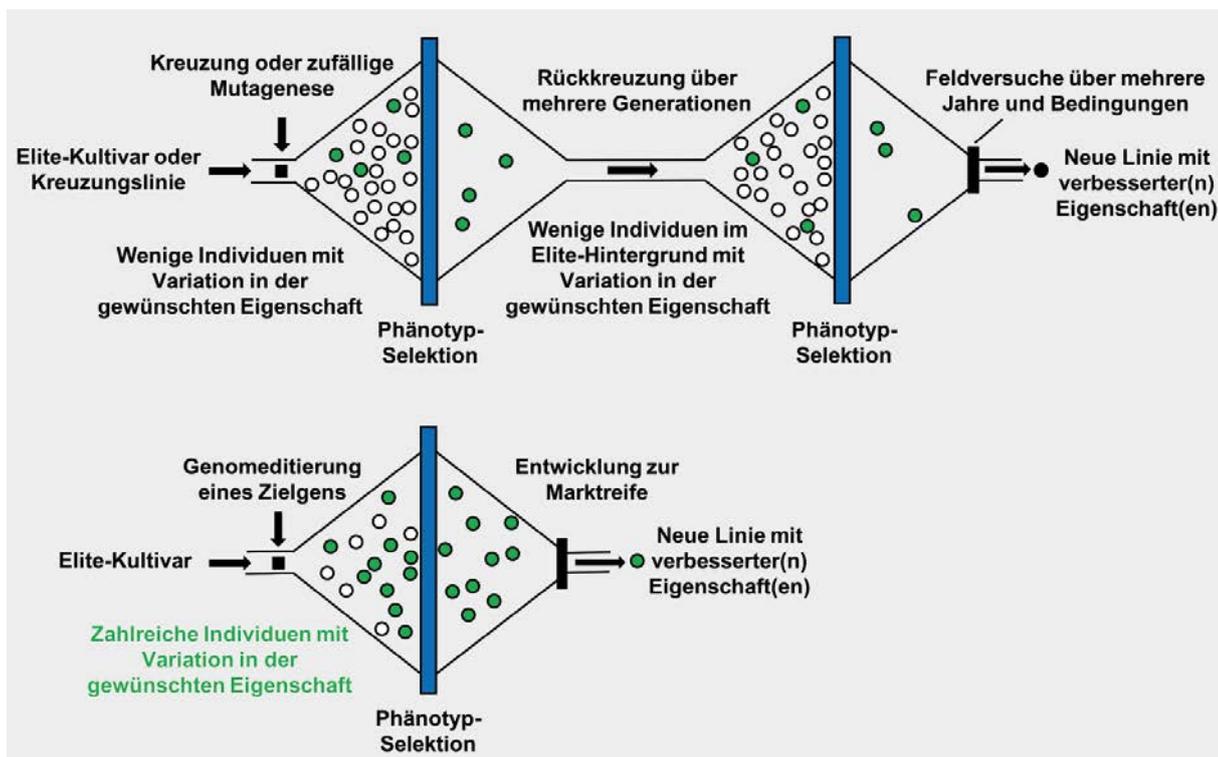


ABB. 5 Die klassische Züchtungsstrategie mit zufälliger Rekombination und Mutation im Vergleich zu einer auf Genomeditierung und gezielter Mutation basierender Strategie. In der klassischen Züchtung (oben) wird genetische Variation durch Rekombination oder Mutagenese mittels physikalischer und chemischer Verfahren erzeugt. Viele der generierten Individuen zeigen keine Variation in gewünschten Eigenschaften (leere Kreise), wenige Individuen zeigen Variation (grüne Kreise). Die Fixierung einer verbesserten Eigenschaft in einem Elite-Kultivar benötigt meist Kreuzungen über mehrere Generationen und das mehrjährige Testen auf zahlreichen Versuchsfeldern, da in jedem Genotyp zahlreiche zufällige genomische Veränderungen vorliegen. Mit Genomeditierung (unten) tragen mehr Individuen einer Population Variation in einem für die gewünschte Eigenschaft wichtigen Gen (z. B. ein den Blühzeitpunkt kontrollierendes Gen). Aufwändige Rückkreuzungen über mehrere Generationen sind für die Fixierung einer gewünschten Eigenschaft nicht erforderlich, da nur eine sehr geringe genetische Veränderung aufgetreten ist. Dies reduziert auch den notwendigen Aufwand für Feldversuche drastisch. Das CRISPR-Cas-Konstrukt kann in einer Generation durch Selbstung oder die Kreuzung mit einem Elter entfernt werden, um transgenfreie Linien zu erhalten. Modifiziert nach [20].

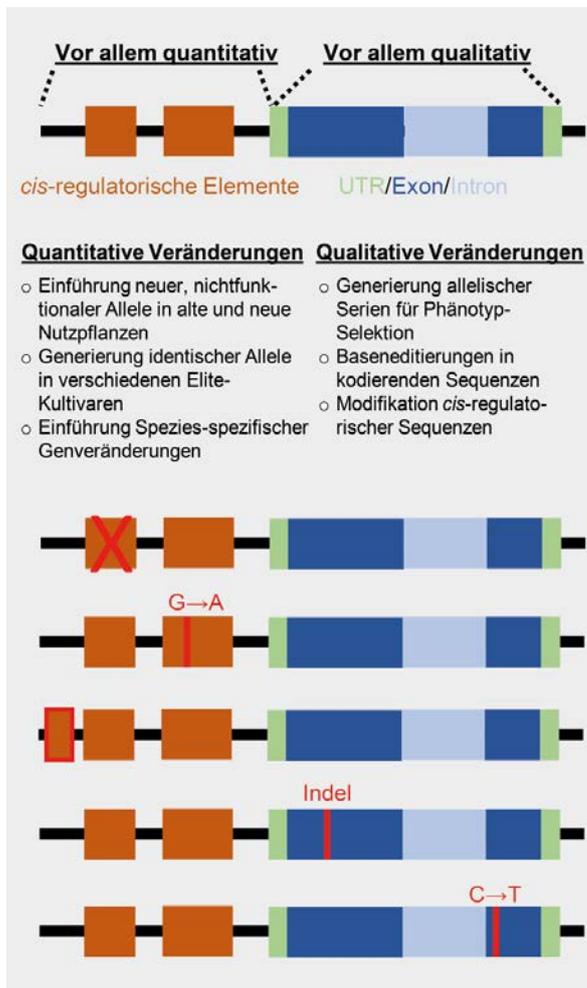


ABB. 6 Gezielte Generierung genetischer Variation durch Genomeditierung. Die mit Abstand häufigste Form genetischer Variation in der Natur besteht aus Polymorphismen einzelner DNA-Basen (Einzelnukleotidpolymorphismen, engl. „Single-nucleotide polymorphisms“, SNPs). Solche Polymorphismen können regulatorische Sequenzen (links) wie auch kodierende Sequenzen (rechts) betreffen. Durch CRISPR-Cas generierte allelische Serien wichtiger Gene, also Serien von Varianten mit verschiedenen Polymorphismen, kann sehr wertvolle Diversität für die Züchtung bereitgestellt werden. Beispiele sind Gene, von denen bekannt ist, dass sie das Blühverhalten oder die Wuchshöhe von Pflanzen beeinflussen. Veränderungen *cis*-regulatorischer Sequenzen und Introns können die Expression verändern und damit zu schwächeren oder stärkeren Allelen mit quantitativen Effekten führen. Mutationen in proteinkodierenden Sequenzen führen meist zu Funktionsverlust, z. B. wenn das Leseraster durch eine Baseninsertion oder -deletion (Indel) zerstört wird. Solche nicht-funktionalen Allele können wichtige Eigenschaften wie z. B. eine verringerte Synthese von Bitterstoffen oder Resistenz gegen bestimmte Pathogene hervorbringen. Einige CRISPR-Cas-Techniken erlauben das spezifische Editieren einzelner Basen und damit die gezielte Veränderung von Proteineigenschaften (siehe Abbildung 3). Durch die Kombination von Editierungsereignissen können auch komplexe quantitative Eigenschaften verändert werden, die von mehreren Genen beeinflusst werden.

ohne das Genom einer Sorte ansonsten zu verändern. Mit CRISPR-Cas lassen sich mehrere der in Abbildung 6 dargestellten Editierungen kombinieren. Damit können auch komplexere Eigenschaften gezielt verändert werden.

Europa ist allerdings weit davon entfernt, diese Potenziale innovativer Methoden für eine nachhaltigere Produktion gesünderer Nahrungsmittel zu nutzen. Nach bisheriger Rechtslage werden genomeditierte Pflanzen wie transgene Pflanzen behandelt, obwohl sie nach Abschluss der Entwicklung keine fremden Gene enthalten. Deshalb fordern die deutsche wie die europäische Wissenschaft dringend eine evidenzbasierte Regulierung genomeditierter Pflanzen (<https://www.leopoldina.org/publikationen/detailansicht/publication/wege-zu-einer-wissenschaftlich-begrundeten-differenzierten-regulierung-genomeditierter-pflanzen-in/>), die unter anderem berücksichtigt, dass durch CRISPR-Cas erzeugte Mutationen nicht *per se* anders zu beurteilen sind als natürlich aufgetretene oder durch radioaktive Bestrahlung erzeugte unkontrollierte Mutationen. Ein erstes Anzeichen für die geforderte Neubewertung ist die jüngst erfolgte Veröffentlichung einer vom Rat der Europäischen Union in Auftrag gegebenen Studie der EU-Kommission zu „New genomic techniques“ (https://ec.europa.eu/food/plant/gmo/modern_biotech/new-genomic-techniques_en). In dieser wurde festgestellt, dass die bestehende Regulierung der technischen Entwicklung nicht gerecht wird und die neuen Züchtungsmethoden Beiträge zu mehr Nachhaltigkeit leisten können.

Zusammenfassung

Die Produktion von Nahrungsmitteln belastet wie keine andere menschliche Aktivität die planetaren Grenzen. Emission von Klimagasen wie Methan, von Stickstoff und Phosphor, der Frischwasserverbrauch oder die Bedrohung der Biodiversität gehen zum Teil schon jetzt über diese Grenzen hinaus. Landwirtschaft muss dringend nachhaltiger werden, gleichzeitig jedoch eine Steigerung der Produktion möglichst gesunder Nahrungsmittel erreichen. Damit dies global gelingen kann, ist eine nachhaltige Intensivierung essentiell, die sich auf eine sinnvolle Kombination aller verfügbaren Werkzeuge und Maßnahmen stützt. Zu diesen müssen Innovationen in der Pflanzenzüchtung gehören. Deren Potenzial hat schon die Errungenschaften der letzten Jahrzehnte mit ermöglicht, und dank neuer Züchtungsmethoden wie der Genomeditierung können heute viele Limitationen der klassischen Züchtung überwunden werden. Genetische Variation kann wissenschaftsbasiert erzeugt und genutzt werden, um nachhaltiger bessere Nahrungsmittel zu produzieren.

Summary

Genome editing for more sustainability

Among all human activities, food production causes the largest strain on planetary boundaries. Emission of greenhouse gases such as methane, release of nitrogen and phosphorus, freshwater usage and the threat to biodiversity are

in part already exceeding those boundaries. Agriculture needs to become more sustainable, yet at the same time it has to achieve increases in the production of healthy food. Globally, this can only be accomplished by sustainable intensification, using a smart mix of measures and tools. Among those, innovations in plant breeding have to play a key role. Their potential enabled many of the achievements in past decades. Novel breeding techniques such as genome editing can help overcome many of the limitations inherent to plant breeding. Based on knowledge, genetic variation can be precisely generated and used to produce healthier food in a more sustainable way.

Schlagworte:

Nachhaltigkeit, Lebensmittel, Planetare Grenzen, Genomeditierung.

Danksagung:

Der Autor dankt Ursula Ferrera für Hilfe bei der Erstellung der Abbildungen.

Literatur

- [1] W. Steffen et al. (2015). Sustainability. Planetary boundaries: guiding human development on a changing planet. *Science*, 347:1259855.
- [2] J. Rockström et al. (2017). Sustainable intensification of agriculture for human prosperity and global sustainability. *Ambio*, 46:4–17.
- [3] W. Willett et al. (2019). Food in the Anthropocene: the EAT–Lancet Commission on healthy diets from sustainable food systems. *The Lancet*, 393:447–492.
- [4] R. Fuchs et al. (2020). Europe’s Green Deal offshores environmental damage to other nations. *Nature*, 586:671–673.
- [5] FAO The State of Food Security and Nutrition in the World 2020. doi: 10.4060/CA9692EN.
- [6] R. DeFries et al. (2015). Metrics for land-scarce agriculture. *Science*, 349:238–240.
- [7] D. Tilman et al. (2011). Global food demand and the sustainable intensification of agriculture. *PNAS*, 108:20260–20264.
- [8] T. Wheeler, J von Braun (2013). Climate Change Impacts on Global Food Security. *Science*, 341:508–513.
- [9] M. Qaim (2020). Role of New Plant Breeding Technologies for Food Security and Sustainable Agricultural Development. *Applied Economic Perspectives and Policy*, 42:129–150.
- [10] M. Clark, D. Tilman (2017). Comparative analysis of environmental impacts of agricultural production systems, agricultural input efficiency, and food choice. *Environ Res Lett*, 12:064016.
- [11] C. B. Li (2006). Rice domestication by reducing shattering. *Science*, 311:1936–1939.
- [12] R. Sánchez-Pérez et al. (2019). Mutation of a bHLH transcription factor allowed almond domestication. *Science*, 364:1095–1098.
- [13] M. Jayakodi et al. (2020). The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding. *Nature*, 1–6.
- [14] C. Gao (2021). Genome engineering for crop improvement and future agriculture. *Cell*, 184:1621–1635.
- [15] Y. Wang et al. (2014). Simultaneous editing of three homoeoalleles in hexaploid bread wheat confers heritable resistance to powdery mildew. *Nat Biotech*, 32:947–51.
- [16] R. Oliva et al. (2019). Broad-spectrum resistance to bacterial blight in rice using genome editing. *Nature Biotechnol*, 37:1344–1350.
- [17] D. E. Jarvis et al. (2017). The genome of *Chenopodium quinoa*. *Nature*, 542:307–312.

GLOSSAR

CRISPR-Cas: Diese wichtigste Methode der Genomeditierung ist durch die Untersuchung von Sequenzen in Bakteriengenomen (CRISPR, „clustered regularly interspaced short palindromic repeats“) entdeckt worden. Die CRISPR-Sequenzen kodieren für RNA-Moleküle, die die Nuklease Cas an eine Stelle im Genom leiten, wo letztere spezifisch DNA-Doppelstrangbrüche setzt. In der Anwendung wird Cas durch maßgeschneiderte Guide-RNAs geleitet (siehe Abbildung 3).

Eutrophierung: Ein Überangebot an Nährstoffen wie Phosphor und Stickstoff; dieses löst in Gewässern vermehrtes Algen- und Pflanzenwachstum aus. Nach deren Absterben werden die Nährstoffe unter O₂-Verbrauch bakteriell abgebaut, wodurch O₂-Mangel auftreten kann.

Metaanalyse: Eine quantitativ-statistische Zusammenfassung von wissenschaftlichen Arbeiten zu einem Thema.

„Quantitative Trait Loci“ (QTL): Die meisten Eigenschaften, in denen sich Organismen einer Art unterscheiden können, sind quantitativer Natur, d. h. von zahlreichen Genen und Umweltfaktoren beeinflusst. QTL bezeichnet einen genetischen Locus, der einen Beitrag zur Ausprägung einer Eigenschaft leistet, diese jedoch nicht vollständig erklärt.

Reverse Transkriptase: Ein in Retroviren entdecktes Enzym, das RNA in DNA umschreiben kann; ein essenzielles Werkzeug der Molekularbiologie.

Selbstung: (Gezielt herbeigeführte) Selbstbefruchtung einer Pflanze.

Smart Farming: Der Einsatz von moderner Informations- und Kommunikationstechnologie in der Landwirtschaft.

Transkriptionsfaktor: Ein Protein, das die Aktivität von Genen durch direkte Interaktion mit regulatorischen Abschnitten (cis-regulatorischen Sequenzen) kontrolliert. Die Bindung von Transkriptionsfaktoren ist die Voraussetzung für die Rekrutierung der RNA-Polymerase, die dann eine mRNA synthetisiert.

- [18] Y. Eshed, Z. B. Lippman (2019). Revolutions in agriculture chart a course for targeted breeding of old and new crops. *Science*, 366:eaax0025.
- [19] M. W. Bevan et al. (2017). Genomic innovation for crop improvement. *Nature*, 543:346–354.
- [20] A. Scheben, D. Edwards (2018). Towards a more predictable plant breeding pipeline with CRISPR/Cas-induced allelic series to optimize quantitative and qualitative traits. *Current Opinion in Plant Biology*, 45:218–225.

Verfasst von:



Stephan Clemens studierte Biologie in Münster und Brighton (UK). Nach der Promotion in Münster war er als Wissenschaftler an der University of California San Diego tätig, danach als Arbeitsgruppenleiter am Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie in Halle/Saale. Seit 2006 ist er Professor für Pflanzenphysiologie an der Universität Bayreuth, seit 2018 Gründungsdekan der neuen Fakultät für „Lebenswissenschaften: Lebensmittel, Ernährung und Gesundheit“, die in Kulmbach aufgebaut wird.

Korrespondenz:

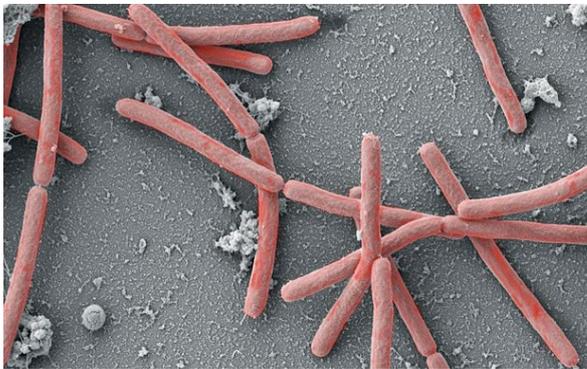
Prof. Dr. Stephan Clemens
Lehrstuhl Pflanzenphysiologie
Universität Bayreuth
Universitätsstraße 30
95440 Bayreuth
Email: stephan.clemens@uni-bayreuth.de

Methanothermobacter ist Mikrobe des Jahres 2021

Die Methanbildung bescherte revolutionäre Entdeckungen

GEORG FUCHS

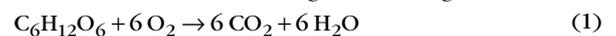
ABB. 1 Elektronenmikroskopische Aufnahme (30.000fach vergrößert) von *Methanothermobacter marburgensis*. Foto: Matthias Klingl (CC BY 4.0).



Methanothermobacter (Abbildung 1) wurde erst vor einem halben Jahrhundert entdeckt und ist den meisten Biologen unbekannt. Den Mikroorganismus nicht zu kennen, ist verständlich: Er bildet weder Gifte noch interessante neue Stoffe und seine Lebensweise ist uns völlig fremd; Sauerstoff ist für ihn Gift, er braucht zum Leben Wasserstoff und Kohlendioxid und bildet daraus Methan (Erdgas). Der Prokaryot ist „harmlos“ und trotz seines Namens kein eigentliches Bakterium. Was macht ihn dann so besonders? Methanbildende (methanogene) Mikroorganismen, zu denen Methanothermobacter zählt, spielen für die Natur und mittelbar für uns Menschen eine wichtige Rolle. Methanothermobacter hat Entscheidendes zur Aufklärung der Methanbildung und zum Fortschritt der Lebenswissenschaften beigetragen. Die Mikrobe stand Pate für bahnbrechende Entdeckungen und neue Konzepte in der Biologie. Und sie bietet Anschauungsmaterial dafür, wie wissenschaftliche Erkenntnis zustande kommt: durchdachtes Experiment, genaue Beobachtung, scharfsinnige Überlegung, vorsichtige Schlussfolgerung, weit-sichtige Betrachtung; Ausdauer, begeisterte Mitstreiter und ein bisschen Glück und Zufall gehören auch dazu.

Methanbildende Mikroben benötigen zum Leben vor allem Essigsäure, Wasserstoff und Kohlendioxid. Daraus bilden sie Methan und gewinnen dabei Energie. Diese Verbindungen fallen aber in der Natur nicht auf; sie kommen nur in geringen Konzentrationen vor. Woher bekommen Methanbildner dann ihr „Futter“? Überlässt man Biomasse den darin beheimateten Lebewesen, so sorgen zuerst aerobe (mit Sauerstoff lebende) Organismen für den vollständigen Abbau zu Kohlendioxid und Wasser [1–3]. Aus diesen Verbindungen haben autotrophe Lebewesen – hauptsächlich Pflanzen – die Biomasse zuvor aufgebaut; der Kohlenstoffkreislauf ist damit geschlossen (Abbildung 2).

Für den Abbau von Glucose gilt Gleichung 1:

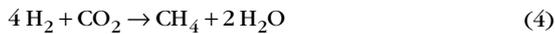
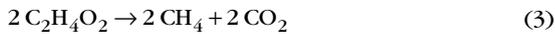


Die Umsetzung kommt zum Stillstand, wenn der Sauerstoff durch die Atmung aufgezehrt ist. Danach übernehmen anaerobe (ohne Sauerstoff lebende) Mikroorganismen die Verwertung (Abbildung 2). Sie zerlegen Biomoleküle wie Cellulose oder Proteine durch Spaltung mit Wasser in ihre monomeren Bausteine, also z. B. Zucker und Aminosäuren. Anschließend vergären sie die Bruchstücke zu den bekannten, meist sauren Produkten wie Milchsäure, Essigsäure, Propionsäure, Buttersäure, aber auch zu Alkoholen. Andere Bakterien, sogenannte sekundäre Gärer, leben wiederum von diesen primären Gärprodukten und setzen sie im Wesentlichen zu Essigsäure ($\text{C}_2\text{H}_4\text{O}_2$), Kohlendioxid und Wasserstoff um. Die Bilanz dieser beiden Gärungen, bezogen auf Glucose ($\text{C}_6\text{H}_{12}\text{O}_6$, also z. B. Cellulose, Hemicellulose, Stärke), ist Gleichung 2:

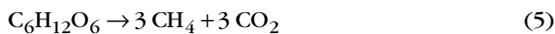


Die Produkte Wasserstoff, Kohlendioxid und Essigsäure häufen sich aber nicht an. Würden Methanbildner sie nicht umgehend verbrauchen, würde der Stoffwechsel der sekundären Gärer blockiert, die Umsetzung käme augenblicklich zum Stillstand. Methanogene Organismen sind also die letzten Glieder der anaeroben Nahrungskette; sie

setzen Essigsäure und Wasserstoff plus Kohlendioxid zu Methan um. Die Umsatzgleichungen für Essigsäure (Gleichung 3) bzw. für CO_2 und H_2 (Gleichung 4) sind:



Die Gesamtbilanz (Gleichung 5) ist die Summe der Gleichungen 2–4:



Der Kohlenstoff der Glucose wurde disproportioniert in seine höchstoxidierte, energiearme Stufe (+IV) im CO_2 und seine höchstreduzierte, energiereiche Stufe (-IV) im CH_4 . Der größte Teil der Energie der Glucose steckt noch im Methan.

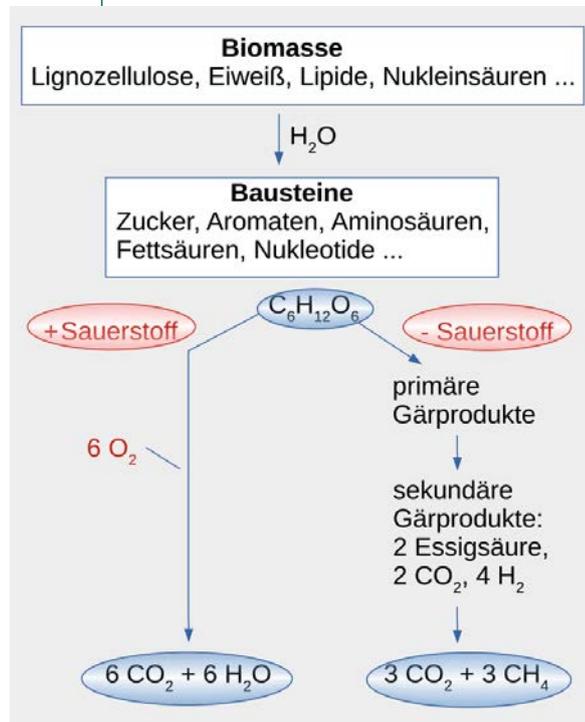
Methanbildende Mikroben in der Urzeit und heute

In der heutigen Welt mit 20 Prozent Sauerstoff in der Luft werden in sauerstofffreien Bereichen der Erde immer noch einige wenige Prozente der Biomasse natürlicherweise zu Biogas umgesetzt, schätzungsweise 1 Milliarde Tonnen pro Jahr. Methangas diffundiert anschließend in die Sauerstoffzone und wird von aeroben Bakterien mit Sauerstoff wieder zu CO_2 oxidiert; der Kohlenstoffkreislauf ist damit geschlossen. In der sauerstofffreien Urzeit dagegen wurde hauptsächlich über diesen Prozess die Biomasse umgesetzt, die autotrophe Bakterien aus CO_2 gebildet hatten. Der Kreislauf des Kohlenstoffs war also damals nicht geschlossen. Das erklärt die Anhäufung riesiger Mengen fossilen Methans unter Ausschluss von Sauerstoff. Die methanbildenden Mikroben haben die Hälfte der Erdzeit eine Hauptrolle im biologischen Geschehen gespielt, bis vor etwa zwei Milliarden Jahren genügend Sauerstoff durch die Photosynthese der Cyanobakterien entstanden war und dieser die strikt anaeroben Organismen in sauerstofffreie Nischen verdrängte. Heute spielen sie eine geringere, aber dennoch wichtige Rolle im Stoffkreislauf. Der Prozess der Methanbildung ist also uralt und war unverstanden. Hier kommt *Methanothermobacter* als Modellorganismus ins Spiel.

Von der „aria inflammabile“ zu *Methanothermobacter*

Alessandro Volta (1745–1827) hatte 1776 über eine *aria inflammabile* – also brennbare Luft – aus Sümpfen berichtet. Sein Experiment lässt sich an jedem Teich nachmachen (Abbildung 3). Robert Bunsen (1811–1899) identifizierte mit seiner Spektralanalyse das Gas als Methan. Felix Hoppe-Seyler (1825–1895) erstellte eine erste exakte Bilanz der Umsetzung des häufigsten Biomoleküls Cellulose in Biogas. Mikrobiologen der Delfter Schule – A. J. Kluyver (1888–1956) und C. G. Schnellen – brachten die ersten

ABB. 2 | KOHLENSTOFFKREISLAUF IN GEGENWART UND ABWESENHEIT VON SAUERSTOFF



FAKTENBOX: METHAN

Methan ist ein wichtiger Energieträger, der zusammen mit Erdöl- oder Kohlelagern vorliegt. Es handelt sich um den mengenmäßig wichtigsten fossilen Brennstoff; der größte Teil davon ist durch die Tätigkeit methanbildender Mikroben in der Urzeit der Erde gebildet worden. Das Gas liegt bei hohem Druck und niedriger Temperatur als brennbarer Feststoff („Methaneis“, Methanhydrat) vor. Riesige Lager davon befinden sich deshalb in dieser festen Form in Meeresböden ab einer Wassertiefe von 400 Metern und in Permafrostböden. Im Zusammenhang mit der Klimaerwärmung befürchtet man eine Freisetzung von Methan aus diesem Methaneis. Methan liegt in der Atmosphäre zwar nur in 2 ppm Konzentration vor, aber als Treibhausgas ist es 25-mal stärker wirksam als Kohlendioxid. Biogas, eine Mischung aus etwa jeweils der Hälfte Methan und Kohlendioxid, entsteht in Sümpfen (Sumpfgas), Meeressedimenten, Reisfeldern, Kläranlagen und im Verdauungstrakt der Tiere, besonders der Wiederkäuer; es ist ein nutzbares Produkt der Abfallverwertung.

IN KÜRZE

- *Methanothermobacter* ist der bekannteste der **methanbildenden Mikroorganismen**.
- Er diente als Modellobjekt für die Aufklärung der Biochemie der Methanbildung. Dabei wurden mehrere **neue Coenzyme und Nickel als essentielles Bioelement** entdeckt.
- Er stand Pate bei der **Drei-Domänen-Theorie zur Evolution der Organismen**. Danach bestehen die Prokaryonten aus zwei früh voneinander getrennten Entwicklungslinien, den Archaea und den Bacteria; die Eukaryonten stellen eine Schwestergruppe der Archaea dar.



ABB. 3 Das Volta-Experiment. Man taucht einen großen Trichter umgekehrt ins Wasser, verschließt ihn mit dem Daumen oder einem Stopfen, rührt mit einem Stock den Schlamm auf und sammelt im Trichter die aufsteigenden Blasen des Sumpfgases. Das lässt sich anzünden, wenn man den Daumen/Stopfen abzieht. Foto: Andreas Brune.

Kulturen methanbildender Mikroorganismen schon 1947 ins Labor. Albert H. Barker (1907–2000) begann mit biochemischen Studien und formulierte ein universelles Schema (Barker-Schema) der Umsetzung von Essigsäure und von $\text{CO}_2 + 4 \text{H}_2$ zu Methan (Gleichungen 3 und 4). Er fand, dass sämtliche Zwischenstufen in diesem Prozess an unbekannte Trägermoleküle gebunden sind [4]. Leider war die Kultivierung der methanbildenden Mikroben langwierig. Sauerstoff ist für sie Gift, und man erzielte nur geringe Zellmengen für Untersuchungen. Das änderte sich 1972 mit der Isolierung von *Methanothermobacter*



ABB. 4 Faultürme der Kläranlage Freiburger Bucht.

thermoautotrophicum (damals *Methanobacterium thermoautotrophicus*) durch Gregory Zeikus und Ralph Wolfe (1921–2019) [5], dem Pionier der Erforschung der Methanbildung [6]. Später isolierte das Labor von Rudolf (Rolf) Thauer in Marburg eine verwandte Art, *Methanothermobacter marburgensis* [7].

Isolierung und Eigenschaften von *Methanothermobacter*

Die Zellen sind stäbchenförmig, etwa 1 μm dick und sehen im Mikroskop aus wie Stücke verbogenen Drahts (Abbildung 1). Wegen eines fluoreszierenden neuen Coenzym (F420) lässt sich der Organismus im Fluoreszenzmikroskop gut erkennen. Er wächst optimal bei 65 °C („*thermo*“). Sein Lebensraum, z. B. das Innere eines Misthaufens oder Komposthaufens, wird recht heiß; so ist es nicht verwunderlich, dass die Mikrobe, nachdem sie in eine Kläranlage geraten war, aus dessen Faulturm isoliert werden konnte. Im sauerstofffreien Faulturm findet die langsame Umsetzung der schwer abbaubaren Feststoffe zu Biogas statt; diese Feststoffe bleiben beim vorgeschalteten, schnellen aeroben Klärprozess übrig (Abbildung 4). Zum Wachstum genügt *Methanothermobacter* ein reines Mineralsalzmedium ohne jegliche organische Verbindung. Neben H_2 und CO_2 sind NH_3 , Phosphat und H_2S die wichtigsten Nährstoffe. Der größte Teil des CO_2 wird nach Gleichung (4) mit H_2 zu CH_4 umgesetzt („*Methano*“), und dieser Prozess liefert die Lebensenergie. Aus dem restlichen CO_2 baut die Mikrobe alle Zellbausteine auf („*autotrophicus*“). Das Bakterium verdoppelt sich alle zwei Stunden und bildet ausreichend Zellmasse für biochemische Studien. Das war ein Meilenstein: Der ideale Modellorganismus für die Aufklärung der Methanbildung war gefunden.

Bedenkt man, dass Hühnereiweiß bei 61 °C anfängt zu gerinnen, war dieser Befund des Wachstumsoptimums bei 65 °C allein schon ungewöhnlich – aber nicht neu. Thomas Brock (1926–2021) hatte bereits ab 1966 thermophile (hitze liebende) Mikroorganismen aus heißen Quellen des Yellowstone Nationalparks isoliert und studiert [8]. Ein bekanntes Beispiel ist das Bakterium *Thermus aquaticus*, dessen hitzestabile DNA-Polymerase (Taq-Polymerase) erst die Polymerase-Ketten-Reaktion (PCR) zur Amplifizierung von DNA ermöglichte. Karl Stetter hat das Spektrum der thermophilen (optimale Wachstumstemperatur bis 80 °C) und hyperthermophilen (Temperaturoptimum über 80 °C) Mikroben spektakulär erweitert [9]. Der heutige Hitzerekord für Leben liegt bei 121 °C – Leben im Dampfdrucktopf!

Von *Methanothermobacter* zu den Archaeobakterien (Archaea)

Unsere Mikrobe des Jahres sorgte schon bald für helle Aufregung. Der Institutsnachbar von Ralph Wolfe an der University of Illinois, Urbana, war Carl Woese (1928–2012). Dieser wollte durch Sequenzvergleich der hoch konser-

vierten ribosomalen RNA (16S rRNA) einen natürlichen Stammbaum von Mikroorganismen erstellen. Wolfe überließ ihm *Methanothermobacter* zur Untersuchung. Schon bald kehrte Woese aufgeregt zurück: „Wolfe! These things aren't even bacteria!“ Dies war völlig unerwartet, denn rein äußerlich unterschied *Methanothermobacter* sich nicht von anderen Bakterien. Woese und Kollegen stellten 1977 diese Gruppe gleichberechtigt neben die Phyla Eubakterien (Bacteria) und Eukaryoten (Eukarya) und nannten sie Archaeobakterien (von griech. *archaios*, ursprünglich) [10], später abgewandelt in Archaeen (Archaea, sing. Archaeon). Das Zusammenfassen von Bacteria und Archaea zu Prokaryoten ist durch ihre äußere Ähnlichkeit und das Fehlen eines Zellkerns begründet.

Otto Kandler (1920–2017) erfuhr schon 1976 von dieser bahnbrechenden Entdeckung und unterstützte begeistert das neue Konzept [11]. Er wusste nämlich und bestätigte, dass ganz verschiedene Bakterien der vorgeschlagenen Gruppe Archaeen neuartige Zellwände besaßen. Die Zellwandstruktur mit der Hauptkomponente Muraminsäure (von lat. *murus*, Wand) ist nämlich charakteristisch für Bakterien, und diese fehlte allen Archaeen. Auch die Membranlipide sowie die RNA-Polymerase waren grundsätzlich verschieden von dem, was man bisher von Bakterien kannte; letztere glich nach Wolfram Zillig (1925–2005) der RNA-Polymerase II der Eukaryoten. Diese auffallenden „Unstimmigkeiten“ wiederum waren den Amerikanern nicht bekannt, und plötzlich ergab sich ein geschlossenes Bild. Abbildung 5 zeigt Carl Woese, Ralph Wolfe und Otto Kandler bei einer Gebirgswanderung im Anschluss an die erste internationale Tagung über Archaeobakterien 1981 in München. Das revolutionäre Konzept der Archaeobakterien löste in Deutschland eine Welle der Methanbakterien- und Archaeobakterienforschung aus. Die Widersprüche lösten sich auf, neue Untersuchungen wurden begonnen, um das Konzept zu prüfen. Die neue Theorie wurde vielfach bestätigt und hat unser biologisches Weltbild verändert.

Von den Archaea zum Ursprung der Eukaryoten

Seit der Entdeckung von *Methanothermobacter* und der Einteilung der Lebewesen in Bacteria, Archaea und Eukarya wurden viele neue Archaeen vor allem aus vulkanischen Gebieten entdeckt und die Theorie von den drei Domänen durch zahlreiche Befunde untermauert (Abbildung 6). Man vermutet, dass die Eukarya aus der Endosymbiose eines Ur-Archaeons mit einem Ur-Bakterium entstanden sind. Die viel spätere Endosymbiose vor etwa 1,4 Mia. Jahren mit einem Sauerstoff verwertenden weiteren Bakterium ergab die Mitochondrien, und die letzte Endosymbiose mit einem Photosynthese betreibenden Cyanobakterium die Chloroplasten. Phylogenetisch gesehen wären demnach die Eukaryoten und damit der Mensch eine Schwestergruppe der Archaea [12]. Die neuen Einsichten in die eigenständigen Zellwände, Lipide und die Moleku-

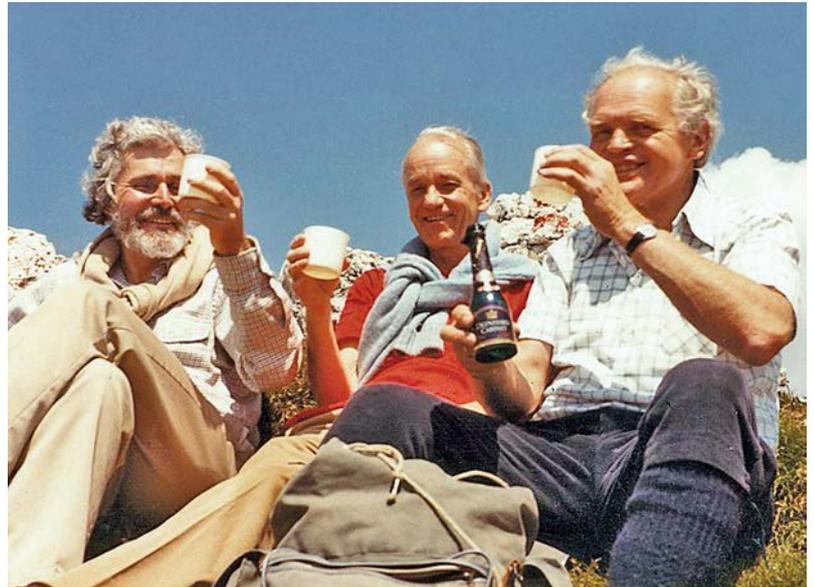
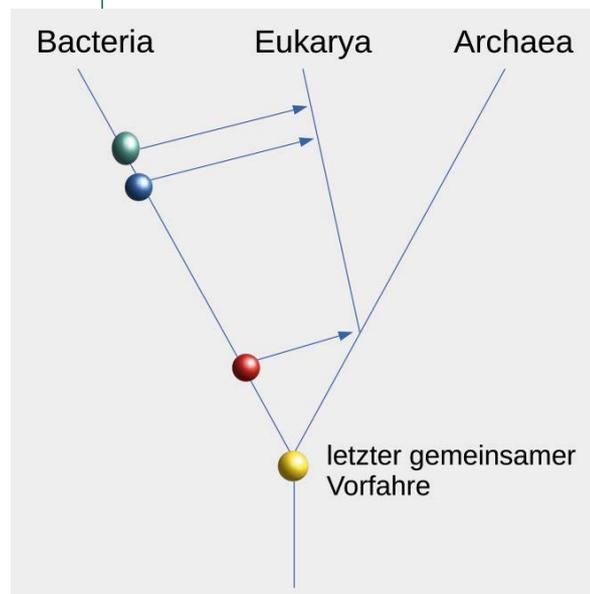


ABB. 5 Carl Woese, Ralph Wolfe, Otto Kandler (von links). Abbildung aus: <https://commons.wikimedia.org/>

larbiologie der Archaea seien am Rande erwähnt [3]; auch dafür war *Methanothermobacter* ein dankbares Untersuchungsobjekt.

ABB. 6 | ALLGEMEINER STAMMBAU DER LEBEWESSEN



Gelb: letzter gemeinsamer Vorfahre (last universal common ancestor, LUCA), **rot:** vermutete Endosymbiose eines Archaeons mit einem unbekanntem Bakterium → Ur-Eukaryont, **blau:** Endosymbiose eines Ur-Eukaryonten mit einem Bakterium, das zur Atmung mit Sauerstoff befähigt war (alpha-Proteobakterium) → Mitochondrium, **grün:** Endosymbiose eines Eukaryonten mit einem Bakterium, das zur Sauerstoff bildenden Photosynthese befähigt war (Cyanobakterium) → Chloroplast.

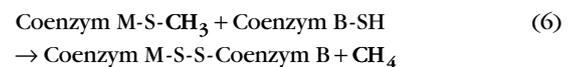
Sieben neue Coenzyme und Nickel als neues Bioelement

Mit *Methanothermobacter* hatte man endlich einen leicht handhabbaren Modellorganismus zur Hand, um die Biochemie der Methanbildung aufzuklären. Dieser Stoffwechsel ist auf die Gruppe der methanbildenden Archaea begrenzt! In rascher Folge wurden sieben neue Coenzyme entdeckt, die es fast ausschließlich nur bei den Methanbildnern gibt. Die Entdeckungen stammten hauptsächlich aus den Laboren von Ralph Wolfe [6], Rolf Thauer [7] und Gerhard Gottschalk; nicht alle beteiligten Personen können hier namentlich gewürdigt werden. Allerdings war das Wachstum von *Methanothermobacter* schlecht reproduzierbar. Schönheit und Kollegen fiel 1979 auf, dass die Kulturen immer dann gut wuchsen, wenn sie in Kontakt mit Edelstahl kamen. Das brachte sie auf den Gedanken, dass ein Metall im V2A-Stahl, der eine Fe-Cr-Ni-Legierung ist, in Lösung ging und in Spuren lebenswichtig war. Das

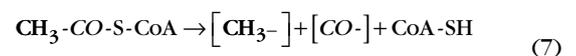
übliche Medium enthielt zwar Eisen, Molybdän und Cobalt, aber kein Nickel, denn dieses galt nicht als biologisch wichtiges Spurenelement. Gab man nun winzige Mengen von Nickel ins Medium, wuchsen die Kulturen wie nie zuvor [13]. Man fand Nickel später als Bestandteil eines der neuen Coenzyme – dem Faktor 430. Dieser Cofaktor ist ein Tetrapyrrol, verwandt mit dem Häm, enthält aber statt Eisen ein Nickelatom. Nach und nach stellten sich acht Enzyme als Nickelenzyme heraus. Nickel als essentielles Bioelement war entdeckt [7]. Genaue Beobachtung eines eigentlich nicht geplanten Experiments, scharfsinnige Überlegung, Glück? Alles zusammen! Rolf Thauer nennt es „Serendipity“ [6].

Methanbildung und ein neuer autotropher CO₂-Fixierungsweg aus CO₂ + 4 H₂

Die Bildung von Methan aus CO₂ ist ein Reduktionsprozess in vier Stufen, bei dem die Zwischenstufen Ameisensäure (HCOOH), Formaldehyd (HCHO) und Methanol (CH₃OH) an Coenzyme gebunden sind (Abbildung 7). Wasserstoff dient als Reduktionsmittel; er wird durch verschiedene Formen des Nickelenzyms Hydrogenase aktiviert. In einem letzten Schritt reduziert die Methyl-Coenzym-M-Reduktase die an das Coenzym M (M für Methan) gebundene Methylgruppe zu Methan. Die Methyl-Coenzym-M-Reduktase enthält den neuen Nickel-Cofaktor F430. Das Leitenzym der Methanbildung katalysiert eine chemisch schwierige Reaktion; es hat deshalb eine geringe Wechselzahl und kommt entsprechend in großen Mengen vor. Es katalysiert die Reduktion der an Coenzym M als Schwefelether gebundenen Methylgruppe mithilfe eines anderen Coenzym B mit freier Thiolgruppe zu Methan. Dabei entsteht das Heterodisulfid der beiden SH-Gruppen tragenden Coenzyme (Gleichung 6):



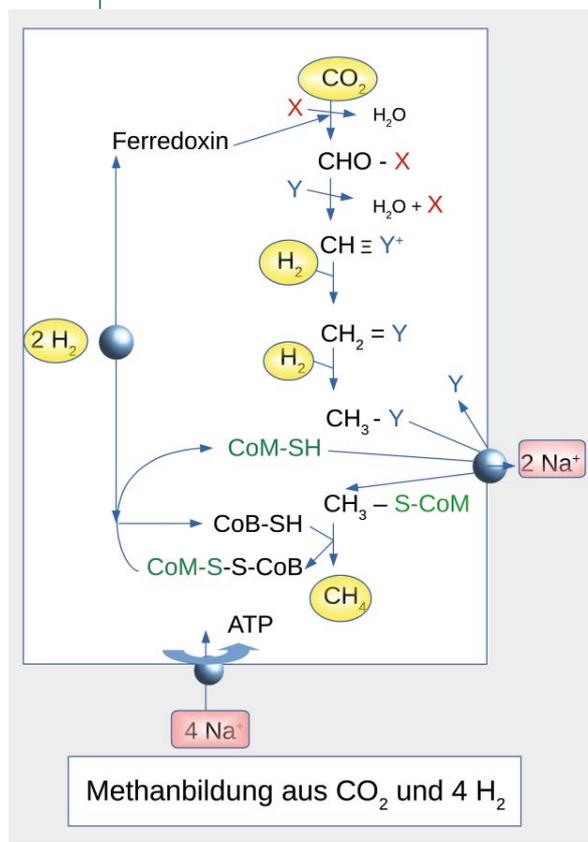
Die Bildung von Methan aus Essigsäure wurde an *Methanosarcina barkeri* aufgeklärt, einer Art, die schon 1947 in Delft isoliert worden war. Die Reaktion verläuft ebenfalls über die Reduktion der gebundenen Methyl-Stufe zu Methan. Essigsäure wird zuerst zum Coenzym A-(CoA)-Thioester aktiviert (Acetyl-Coenzym A) und dann in eine gebundene **Methyl**gruppe und ein gebundenes **Kohlenmonoxid** zerlegt, das aus der Carboxylgruppe stammt (Gleichung 7):



Die an Coenzym M gebundene Methylgruppe wird, wie oben beschrieben, zu Methan reduziert (Gleichungen 6 und 8):

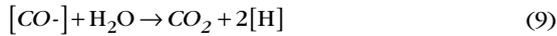


ABB. 7 | METHANBILDUNG AUS CO₂



Drei neue Coenzyme sind die Träger der C1-Einheiten: X ist Methanofuran. Y ist Tetrahydromethanopterin, das verwandt ist mit dem universellen Träger von C1-Bruchstücken, der Tetrahydrofolsäure. Der letzte Träger, Coenzym M, ist sehr klein, HO₃S-CH₂-CH₂-SH. Weitere drei neue Cofaktoren sind Elektronenüberträger, die mit H₂ reduziert werden: Faktor 420 (ein Deazaflavin), Polyferredoxin (ein Eisen-Schwefel-Protein) und Coenzym B mit Thiolgruppe. Die für die Energetik besonders wichtigen Schritte sind durch blaue Kugeln hervorgehoben.

Das gebundene Kohlenmonoxid wird zu CO_2 oxidiert (Gleichung 9):



Auch daran ist ein Nickelenzym beteiligt, die Kohlenmonoxid-Dehydrogenase. Die freiwerdenden Elektronen aus der CO-Oxidation zu CO_2 (Gleichung 9) werden bei der Reduktion von Methyl-Coenzym M zu CH_4 wieder verbraucht (Gleichung 8). Bei der Methanbildung aus CO_2 und H_2 stammen die Elektronen für den Reduktionsprozess also aus dem Wasserstoff; bei der Acetatspaltung zu CO_2 und CH_4 zirkulieren sie dagegen innerhalb des Prozesses (Disproportionierung).

Die Umkehrung der Acetatspaltung, d. h. die Synthese von Acetyl-CoA aus gebundenem Kohlenmonoxid und Methylgruppe, stellte sich als entscheidende Reaktion beim Einbau von CO_2 in Zellmaterial heraus. Diese Synthese von Acetyl-CoA ist Teil eines neuen autotrophen Weges der Fixierung von Kohlenstoff aus CO_2 , den *Methanothermobacter* beschreitet. Er wird als Wood-Ljungdahl-Weg oder reduktiver Acetyl-CoA-Weg bezeichnet [3, 7, 14]. Das giftige Kohlenmonoxid stellte sich als ein Zwischenprodukt und Baustein des Lebens heraus!

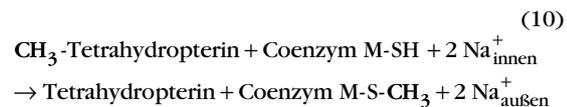
Der Weg des CO_2 zu Methan kann von anaeroben Methan oxidierenden Archaea in einer Lebensgemeinschaft mit Bakterien auch rückwärts beschritten werden, um Methan wieder zu CO_2 zu oxidieren. Das sieht nach „Perpetuum mobile“ aus, ist es aber nicht. Voraussetzung ist nämlich ein sehr hoher Methandruck, wie er in Meeressedimenten vorkommen kann, sowie eine hohe Konzentration eines geeigneten Elektronenakzeptors für das vergesellschaftete Bakterium. Mit einer Konzentration von 28 mM liegt Sulfat im Meerwasser als ein solcher geeigneter Elektronenakzeptor vor. Das Sulfat reduzierende Partnerbakterium nimmt auf noch unbekannte Weise die Elektronen aus der Methanoxidation auf und reduziert damit Sulfat zu Sulfid [3, 7]. Auch hier haben wir es mit Leben am thermodynamischen Limit zu tun wie wir gleich sehen werden.

Wie wird Energie konserviert? Natrium als essentielles Element

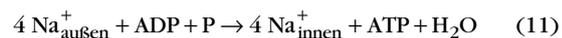
Damit hatte man das biochemische Gerüst der Methanbildung grundsätzlich verstanden. Aber wie konserviert *Methanothermobacter* Energie bei diesem Prozess? Die Bildung von Methan setzt unter natürlichen Bedingungen nur äußerst wenig Energie frei - nur etwa die Hälfte der Energiemenge, die nötig wäre, um ein ganzes ATP zu synthetisieren. Allein diese Tatsache, ein Leben nahe am thermodynamischen Gleichgewicht, gab Rätsel auf! Das energetische Problem hatte zwei Teilaspekte.

Erstens stellte es sich heraus, dass im Zuge der CO_2 -Reduktion zu Methan ein chemiosmotischer Mechanismus der Energiekonservierung beteiligt ist, bei dem Natriumionen eine entscheidende Rolle spielen [15]. Allerdings kommen Chinone und Cytochrome, die Komponenten

der klassischen Elektronentransportketten, bei *Methanothermobacter* nicht vor. Überraschenderweise ist die entscheidende Energie freisetzende Reaktion auf dem Weg des CO_2 zum Methan auch keiner der Reduktionsschritte, sondern die Übertragung der Methylgruppe vom Trägercoenzym Tetrahydropterin zum letzten Trägermolekül Coenzym M. Diesen Schritt katalysiert eine Methyltransferase, das einzige membrangebundene Enzym des Stoffwechselweges. Dieses pumpt 2 Na^+ -Ionen pro Reaktion über die Membran (Gleichung 10):



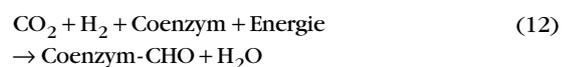
Der Natriumgradient treibt anschließend die ATP-Synthase an. Man nimmt an, dass die ATP-Synthase vier Kationen über die Membran zurück passieren lässt, um ein ATP zu synthetisieren; zwei Na^+ -Ionen entsprechen also einem halben ATP (Gleichung 11):



Diese Befunde erklären die früh gemachte Entdeckung, dass das Wachstum von *Methanothermobacter* von Na^+ -Ionen abhängig ist [7]. Mit dem chemiosmotischen Mechanismus lässt sich die Synthese von nur einem Bruchteil eines ATP pro Reaktionsumsatz mühelos erklären.

Neuer Mechanismus zur Kopplung einer energetisch ungünstigen mit einer energetisch günstigen Reaktion

Das zweite Hindernis beim Verständnis der Energetik der Methanbildung ist der Umstand, dass der erste Schritt, die Reduktion von CO_2 auf die Stufe einer Coenzym-gebundenen Ameisensäure, Energie erfordert (Gleichung 12):



Dieser Schritt muss deshalb irgendwie an einen späteren Reduktionsschritt gekoppelt sein, der Energie freisetzt, ohne dass Energie aufgewendet wird. Denn sonst bliebe am Ende keine Energie mehr für die ATP-Synthase übrig. Ein neuer Mechanismus der energetischen Kopplung kommt dabei ins Spiel: die Elektronen-Bifurkation [16]. Dabei spielt ein Flavinnukleotid eine entscheidende Rolle. Bei der Elektronen-Bifurkation (lat. *furca* = Gabel) werden die beiden Elektronen aufgespalten, die bei der Oxidation einer Verbindung, in diesem Fall von H_2 , freigesetzt und über das Flavin auf zwei verschiedene Moleküle übertragen werden. Ein Elektron fließt energetisch gesehen „bergab“ zu einem ersten Akzeptormolekül mit einem energieärmeren, um etwa 0,2 V positiveren Redoxpotenzial; im Fall der Methanbildung ist es das Heterodisulfid CoM-S-S-CoB , das im letzten Schritt der Methanbildung entsteht (Gleichung 6). Dabei werden die Coenzyme regeneriert; das

Enzym Heterodisulfid-Reduktase in Verbindung mit Hydrogenase katalysiert die folgende Reaktion (Gleichung 13):



Gleichzeitig wird das andere Elektron auf das energiereichere, um etwa 0,2 V negativere Redoxpotenzial eines zweiten Akzeptormoleküls „bergauf“ angehoben, auf den Elektronenüberträger Polyferredoxin. Die Wiederholung dieses Vorgangs führt zur vollständigen Reduktion der beiden Akzeptormoleküle. Reduziertes Ferredoxin (aus H_2) ermöglicht nun den energetisch schwierigen ersten Schritt, die Reduktion von CO_2 , ohne dass zusätzlich Energie erforderlich ist (Gleichung 12). Diese ganze Reaktionsfolge findet an einem riesigen Enzymkomplex statt, an den das Polyferredoxin gebunden ist. Mit diesem „Trick“ lässt sich elegant eine Energie erfordern Reaktion an eine Energie freisetzende Reaktion koppeln. Abschließend sei erwähnt, dass sich die Wege der Energiekonservierung in verschiedenen methanbildenden Bakterien in Einzelheiten beträchtlich unterscheiden [3].

Zusammenfassung

Methanothermobacter diente als Modellobjekt, an dem man die Biochemie der Methanbildung aufklären konnte. An ihm wurde gefunden, dass es neben den Bakterien eine gleichberechtigte zweite Gruppe von Prokaryonten gibt, die zunächst so benannten Archaeobakterien. Diese Erkenntnis führte zur Einteilung der Lebewesen in die drei Domänen Bacteria, Archaea und Eukarya. Die Domäne der Eukarya ist eine Schwestergruppe der Archaea. Nickel als Bioelement, Kohlenmonoxid als Zellbaustein, neue Coenzyme, ein neuer Weg der autotrophen CO_2 -Fixierung und neue Wege der energetischen Kopplung wurden entdeckt. Die Beschäftigung mit der Mikrobe des Jahres 2021 hat in den 50 Jahren seit ihrer Entdeckung also wesentliche Erkenntnisse erbracht [1, 2].

Summary

Methanothermobacter – Microbe of the Year 2021: Methanogenesis Leads to Revolutionary Discoveries

Methanothermobacter served as a model organism for the elucidation of the pathway of methanogenesis. It was the reason for developing the concept of Archaea as an independent phylum next to Bacteria. This concept finally resulted in the theory of the three domains of life, Bacteria, Archaea, Eukarya, the latter being a sister group of Archaea. The studies with Methanothermobacter led to important discoveries: nickel as bioelement, new coenzymes, carbon monoxide as natural cell building block, a new autotrophic carbon dioxide fixation pathway, and new mechanisms of energetic coupling. Studying the microbe of the year hence has resulted in many new essential findings in only 50 years since its discovery [1, 2].

Schlagworte:

Methanbildende Bakterien, *Methanothermobacter*, Archaea, thermophil, autotroph, CO, Nickel, Elektronen-Bifurkation.

Literatur

- [1] R. K. Thauer, S. Shima (2021). *Methanothermobacter* – Biokatalysator für die Energiewende. Biospektrum 27, 14–17.
- [2] H. Engelhardt (2021). *Methanothermobacter* - bedeutungsvoll für Wasser, Energie, Klima. Biospektrum 27, 18–21.
- [3] G. Fuchs (Hrsg.), Allgemeine Mikrobiologie (2021), 11. Auflage im Druck. Thieme-Verlag, Stuttgart.
- [4] H. A. Barker (1978). Explorations of bacterial metabolism. Annu. Rev. Biochem. 47, 1–33.
- [5] J. G. Zeikus, R. S. Wolfe (1972). *Methanobacterium thermoautotrophicus* sp. nov., an anaerobic, autotrophic, extreme thermophile. J. Bacteriol. 109, 707–713.
- [6] R. S. Wolfe (1991). My kind of biology. Annu. Rev. Microbiol. 45, 1–35.
- [7] R. K. Thauer (2015). My lifelong passion for biochemistry and anaerobic microorganisms. Annu. Rev. Microbiol. 69, 1–30.
- [8] T. D. Brock (1995). The road to Yellowstone - and beyond. Annu. Rev. Microbiol. 49, 1–28.
- [9] K. O. Stetter (2013). A brief history of the discovery of hyperthermophilic life. Biochem. Soc. Trans. 41, 416–20.
- [10] G. E. Fox et al. (1977). Classification of methanogenic bacteria by 16S ribosomal RNA characterization. Proc. Natl. Acad. Sci. U S A. 1977, 74, 4537–4541.
- [11] O. Kandler (Hrsg.), Archaeobacteria. Proceedings of the 1st International Workshop on Archaeobacteria (June 27th–July 1st 1981). Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1982.
- [12] M. C. Weiss et al. (2018). The last universal common ancestor between ancient Earth chemistry and the onset of genetics. PLoS Genet. 14, e1007518.
- [13] P. Schönheit et al. (1979). Nickel, cobalt, and molybdenum requirement for growth of *Methanobacterium thermoautotrophicum*. Arch. Microbiol. 123, 105–107.
- [14] H. G. Wood (1985). Then and now. Annu. Rev. Biochem. 54, 1–41.
- [15] A. Poehlein et al. (2012). An ancient pathway combining carbon dioxide fixation with the generation and utilization of a sodium ion gradient for ATP synthesis. PLoS One 7, e33439.
- [16] W. Buckel, R. K. Thauer (2018). Flavin-Based Electron Bifurcation, Ferredoxin, Flavodoxin, and Anaerobic Respiration With Protons (Ech) or NAD^+ (Rnf) as Electron Acceptors: A Historical Review. Front. Microbiol. 9, 1–24.

Verfasst von:



Georg Fuchs, Jahrgang 1945, 1967–1973 Biologiestudium an der Universität Freiburg, 1975 Promotion bei Rudolf Thauer an der Universität Bochum. 1976 Postdoc bei J. G. Zeikus an der University of Wisconsin, Madison, USA. 1976–1982 Assistent bei Rudolf Thauer an der Universität Marburg. 1982–1994 Professor an der Universität Ulm. 1994–2011 Professor an der Universität Freiburg.

Korrespondenz:

Georg Fuchs
Am Sulzbach 42a
79423 Heitersheim
georg.fuchs@biologie.uni-freiburg.de



Der Bergwald-Laufkäfer *Carabus sylvestris* tief verborgen im weißfaulen Fichtentotholz.

Bedeutung von Totholz für überwinternde Laufkäfer und andere Insekten

Spannende Insektenvielfalt im Totholz

JÖRN BUSE | MICHAEL-ANDREAS FRITZE | NIKOLAI WOLLIK

Totholz ist eine wichtige Ressource in Wald-ökosystemen. Das Wissen um die Bedeutung des Totholzes als Lebensraum für obligate Totholzbewohner hat in den letzten 30 Jahren erheblich zugenommen. Dadurch verstehen wir immer besser, wie wichtig Totholz in unterschiedlichen Zersetzungsstadien für die Erhaltung der Biodiversität ist. Es ist mittlerweile klar, dass das Totholzangebot in unseren Wirtschaftswäldern (derzeit ~20 m³/ha) für einen langfristigen Schutz der Totholzbewohner deutlich erhöht werden muss. Davon sollten auch andere Arten profitieren, die oft als fakultative Totholzbewohner bezeichnet werden. Deren Bindung an verschiedene Totholzqualitäten ist aber ebenso weitgehend unerforscht wie der Zeitpunkt im Lebenszyklus, in dem Totholz eine Bedeutung hat. Dieser Beitrag liefert einen ersten Überblick, welche Arten von Insekten, insbesondere Laufkäfer, Totholz als Überwinterungs-substrat nutzen.

Unsere europäischen Wälder beherbergen etwa 30.000 Insektenarten. Viele dieser Arten nutzen das Holz als die am häufigsten vorkommende Ressource in Wäldern. In Frankreich leben beispielsweise von den 10.846 Käferarten allein 2.663 Arten (25%) obligat oder fakultativ im und am Holz [1]. Während obligate Totholzbewohner wie der Hirschkäfer ohne Totholz nicht überleben können, kann man als fakultative Totholzbewohner Arten bezeichnen, die im Laufe ihres Lebenszyklus totes oder absterbendes Holz sowie die daran lebenden Organismen nutzen, aber nicht zwingend davon abhängig sind. Das betrifft vor allem Arten, die 1) nach Insektenlarven im Holz suchen, aber auch andere Nahrung konsumieren, 2) im Holz Schutz suchen entweder als Tagesversteck oder als Überwinterungslebensraum (Abbildung 1). Eine genaue Definition ist von der jeweils zu betrachtenden Artengruppe abhängig, und eine Grenze zwischen obligaten und fakultativen Totholzbewohnern ist manchmal genauso schwer zu ziehen wie zwischen Totholz- und Nicht-Totholzbewohnern (siehe die Diskussion in [2]).

Totholz im Winter: Ein Nebeneinander von Laufkäfern, Asseln, Hornissen und Hummeln

Wechselwarme Tiere wie Insekten verbringen die winterlichen Bedingungen in Mitteleuropa in aller Regel in einer Phase der Dormanz, die eine Reduktion der biologischen Vorgänge im Körper oder sogar eine Verzögerung der individuellen Entwicklung bedeutet. Als Spezialform der



ABB. 1 Ein Weibchen des Violetterandigen Laufkäfers (*Carabus violaceus*) im Winterlager aufgenommen am 25.02.2021 im Schwarzwald. Der Käfer steckt noch in seiner Überwinterungskapsel, die er sich beim herbstlichen Gang ins Winterlager ausgenagt hat. Das Tier ist aufgrund niedriger Temperaturen noch nahezu bewegungsunfähig. Foto: J. Buse.

Dormanz tritt bei Insekten eine sogenannte Diapause ein, bei der – ausgelöst durch sinkende Temperaturen oder durch eine Verkürzung der Photoperiode – Stoffwechselvorgänge reduziert sind. Dieser Beitrag möchte vor allem den Aspekt der winterlichen Nutzung von Totholz durch fakultativ Totholz bewohnende Insekten beleuchten. Eigene Untersuchungen über zwei aufeinander folgende Winter liefern nun erstmals einen Überblick zur Vielfalt dieser Insekten einer Region. Aus dem Gebiet des Nordschwarzwalds und der angrenzenden Rheinaue zwischen Rastatt und Offenburg (Baden-Württemberg) liegen Beobachtungen vor, die zeigen, dass vor allem Laufkäfer (Carabidae) sowie auch Königinnen von sozial lebenden Hautflüglern regelmäßig im morschen Totholz von Wäldern gefunden werden können (Abbildung 2). Letzteres betrifft in der Regel Vertreter der Hummeln (*Bombus spec.*), die Hornisse (*Vespa crabro*) und die Gemeine Wespe (*Vespa vulgaris*). Neben diesen Insektengruppen wurden auch gelegentlich Asseln (Crustacea), Hundertfüßer (Chilopoda: Lithobiomorpha und Geophilomorpha) und Tausendfüßer (Diplopoda: Julidae) beobachtet. Insgesamt tritt neben den eigentlichen Totholzbewohnern nach unserer Erfahrung die Gruppe der Laufkäfer als die mit Abstand häufigste Artengruppe im Totholz unserer winterlichen Wälder hervor. Mindestens 13 Laufkäferarten wurden im Nordschwarzwald und der Rheinaue als Nutzer von Totholz im Winter dokumentiert (Tabelle 1). In der Regel sitzen die Tiere einzeln im Holz und haben dann auch eine kleine



ABB. 2 Beispiele für im Totholz überwinternde Insekten: a) Fund einer Hummelkönigin (*Bombus terrestris agg.*) im Totholz vom 19.2.2021 aus dem Nationalpark Schwarzwald. b) Hornissenköniginnen (*Vespa crabro*), die sich nur wenige Zentimeter voneinander entfernt ein Winterversteck in einem morschen Baumstumpf (Eiche) gesucht haben. Der Fund stammt vom 07.01.2021 aus der Rheinebene bei Ottersweier. c) Ein Laufkäfer (*Carabus intricatus*) in seiner ausgenagten Überwinterungshöhle in einem morschen, liegenden Baumstamm. Der Fund stammt vom 25.02.2021 aus der Nähe von Bad Herrenalb (Nordschwarzwald). d) Schlupfwespen (*Ichneumonidae*) unter Eichenrinde aufgenommen am 04.01.2021 in der Rheinebene bei Wagshurst. Fotos: J. Buse.

Höhlung ausgenagt. Selten sitzen Laufkäfer auch zu zweit oder zu dritt im Holz. In der Literatur [3] beschriebene Ansammlungen von bis zu 50 Exemplaren einer Art (*Carabus intricatus*) in einem Baumstamm wurden nicht beobachtet. Nur ausnahmsweise fanden sich bis zu 10 Exemplare (hier auch *C. intricatus*) in einem Baumstamm. In Höhenlagen über 700 m wird Totholz besonders regelmäßig von *Carabus auronitens*, *Cychnus caraboides* und *Pterostichus aethiops* zur Überwinterung genutzt. In tieferen Lagen des Nordschwarzwalds dominiert *Carabus intricatus* die Fundlage (Tabelle 1).

Ökologische Mechanismen der Überwinterung

Interessant ist nun eine nähere Betrachtung der ökologischen Mechanismen, die zur fakultativen Bindung an Totholz führen können. Beispielhaft kann hier die Gattung *Carabus* herangezogen werden, die besonders zahlreich im morschen Totholz nachgewiesen wird. In Deutschland kommen 27 Arten der Gattung *Carabus* vor [4]. In den südwestdeutschen Mittelgebirgen besitzen davon 16 Arten ihre Schwerpunkt-, Haupt- oder Nebenvorkommen in Wäldern (Tabelle 2) [5]. Bis auf zwei Arten, die nur Nebenvorkommen in Wäldern haben, wurden alle diese Arten grundsätzlich auch als Überwinterer in Totholz nachgewiesen. Ein großer Teil dieser Laufkäferarten besitzt Sommerlarven, d. h. die Larvalentwicklung findet im Sommer statt, und die neue Generation schlüpft im Herbst [6]. In Gebirgen wie dem Schwarzwald kann die Larvalentwicklung auch länger dauern, so dass die Larven überwintern müssen und eine zweijährige Entwicklung vollzogen wird [7]. Im Totholz haben wir jedoch nie Larven von Laufkäfern gefunden. Ein weiterer Grund für die Überwinterung dieser Großlaufkäfer (*Carabus*) ist ihre Mehrjährigkeit. Sie können als adulte Tiere in der Natur mindestens fünf Jahre alt werden, was hinsichtlich des Alters zu unterschiedlich strukturierten Populationen führt [8].

Grundsätzlich gibt es bei Insekten unterschiedliche Mechanismen, die ein Überleben bei extremer Kälte ermöglichen [9]. Dazu gehört u. a. die Ausbildung einer Frosttoleranz mit Hilfe von Frostschutzproteinen, die zwar Eiskristallbildung im Körper zulassen, ihr Wachstum aber auf eine ungefährliche Größe beschränken, so dass die Zellmembranen unbeschädigt und die Zellen damit am Leben bleiben. Ein weiterer Mechanismus ist die Frostvermeidung, d. h. die Vermeidung des Gefrierens der Körperflüssigkeiten durch Entwässerung und/oder die Bildung von Frostschutzmitteln wie z. B. Glycerin, Glykol oder Zucker zum Absenken des Gefrierpunktes. Ein spektakuläres Beispiel dafür sind Bärtierchen, die jahrelang extreme Minustemperaturen von $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ überleben, ohne Schaden zu nehmen. Die Mehrjährigkeit und das Schlüpfen einer neuen Generation vor dem Winter erfordern bei Laufkäfern in unseren Breiten also geeignete Überwinterungsorte, die im Wald entweder im Boden oder im Totholz zu finden sind. Wahrscheinlich werden beide Über-

IN KÜRZE

- Totholz ist ein wichtiges Substrat, in dem viele Insekten – hauptsächlich **Laufkäfer, Hummeln, Hornissen und Blattwespen** – überwintern. Diese Tiere nutzen die vor den harschen Bedingungen im Winter (Frost, Austrocknung) schützenden Eigenschaften des Totholzes.
- Von Bedeutung ist vor allem stark dimensioniertes, **liegendes Totholz in fortgeschrittener Zersetzung**. Stehendes Totholz wird hingegen nur bodennah genutzt.
- Es bestehen **große Wissenslücken**, unter welchen Bedingungen Totholz für diese fakultativen Totholzbewohner wichtig ist und wie ein höheres Totholzangebot deren Populationen nachhaltig beeinflusst.
- Die aktive Suche nach im Totholz überwinternden Tieren kann bei Beachtung einiger Standards im **schulischen Kontext** oder im Rahmen der **Wildnisbildung** genutzt werden. Dadurch lassen sich Vorstellungen zur Bedeutung von Totholz für Tiere real erfahren und eigene Erkenntnisse zur Biologie von Insekten gewinnen.

winterungsorte artspezifisch und in Abhängigkeit von den äußeren Temperaturbedingungen unterschiedlich stark genutzt. Genaue Daten darüber existieren leider nicht. Zusätzlich zum Verbergen in morschem, durchfeuchtetem Holz betreiben Laufkäfer ein sogenanntes „Supercooling“, durch das sie ein Gefrieren der Körperzellen bei Umgebungstemperaturen unter $0\text{ }^{\circ}\text{C}$ verhindern (= Frostvermeidung). Dies wird durch Entleeren und damit Entwässern des Verdauungssystems und der Synthese von Frostschutzmitteln im Körper erreicht. Bei *Limodromus assimilis* wird so beispielsweise eine Frosthärte bis zu $-10\text{ }^{\circ}\text{C}$ im Herbst erreicht [10], so dass ein Abkühlen des Körpers auf diese Temperatur ohne Folgeschäden überstanden werden kann. Diese beeindruckende Fähigkeit erlegt dem Organismus allerdings auch Kosten auf, da sie Ressourcen und Energie benötigt. Eine interessante Fragestellung

TAB 1. LAUFKÄFERARTEN IM TOTHOLZ IM GEBIET DES NORDSCHWARZWALDS (INKL. VORBERGZONE AB 250 m) UND DER ANGRENZENDEN RHEINAUE

Art	Schwarzwald	Rheinaue	Zahl der Nachweise
<i>Carabus auronitens</i>	X		19
<i>Carabus cancellatus</i>		X	9
<i>Carabus granulatus</i>		X	13
<i>Carabus intricatus</i>	X		27
<i>Carabus nemoralis</i>	X	X	6
<i>Carabus sylvestris</i>	X		3
<i>Carabus violaceus s. str.</i>	X		15
<i>Cychnus caraboides</i>	X		18
<i>Diachromus germanus</i>		X	2
<i>Limodromus assimilis</i>		X	>10
<i>Pterostichus aethiops</i>	X		>20
<i>Pterostichus niger</i>	X		1
<i>Pterostichus oblongopunctatus</i>	X		>10

Die Funde wurden in den Wintermonaten (Dezember; Januar, Februar, März) in den Jahren 2020 und 2021 gemacht. Ein Nachweis ist in der Regel mindestens 1 Individuum an einer Lokalität.

wäre, inwiefern bei Laufkäferarten ein Zusammenhang besteht zwischen Bindungsstärke an Totholz und Konzentration an Frostschutzmitteln/-proteinen im Körper.

Die Holzqualität macht's

Entscheidend für die Eignung als Winterlager für Laufkäfer sind wohl der Zersetzungsgrad und der Durchmesser des Holzes (Abbildung 3). Vergleichende Arbeiten dazu fehlen allerdings völlig. Unter Berücksichtigung der Oberkieferaus- bildung der Laufkäfer kann eigentlich nur morsches, schon stark zersetztes Holz genutzt werden. Dieses Holz wurde von Pilzen so weit aufgeschlossen, dass entweder weiches helles Holz (Weißfäule) oder festes, leicht zerbröckelndes Holz (Braunfäule) entstanden ist. Gern wird auch Holz genutzt, welches von fester, aber sich lösender Rinde bedeckt ist. In den entstehenden Zwischenräumen können die Tiere sich relativ gut einschieben und nagen dann in der Regel unter der Rinde eine kleine Höhlung aus (Abbildung 4). Für die Eignung als Überwinterungsort hat wohl der Durchmesser des Totholzes eine Bedeutung. Im liegenden Totholz unter 20 cm Durchmesser finden sich in der Regel kaum überwinternde Käfer. Wir haben beobachtet, dass stärkeres Totholz mit steigendem Durchmesser häufiger genutzt wird. Beispielsweise können in einem 3–4 m langen, liegenden Stamm von 50 cm Durchmesser durchaus mehr als zehn Käfer sitzen.

Vermittlung des Themas an Kinder und Jugendliche

Das Wissen um die Bedeutung von Totholz als Überwinterungslebensraum für Insekten eignet sich gut für die Vermittlung ökologischer Themen im Schulunterricht und in der Wildnisbildung bei Kindern und Jugendlichen. Schon Kinder im Grundschulalter sollten in ihrem Ent-

deckergeist bestärkt werden, so dass die eigene Erfahrung des Auffindens von Tieren im Totholz im Vordergrund steht. Grundsätzlich kann in den Wintermonaten zwischen November und März im Wald nach überwinternden Insekten gesucht werden. Dazu ist es notwendig, stark zersetztes Totholz im Gelände zu lokalisieren und dieses dann mit Hilfe eines Zimmermannshammers zu öffnen. Die Suche wird bei Schneelagen von über 10 cm deutlich erschwert, da insbesondere liegendes Totholz dann weniger gut lokalisiert werden kann und herunterfallender Schnee die Sichtbarkeit der Insekten im Holz erschwert. Es braucht etwas Geduld und Erfahrung, um fündig zu werden. Umso erstaunter werden die Kinder bei den ersten Funden sein. Bereits im Grundschulalter lassen sich einfache Protokolle anfertigen, die belegen, welche Tiergruppen oder Arten nachgewiesen wurden. Bei älteren Kindern können Angaben zur Häufigkeit dieser Arten/ Gruppen sowie zur Beschreibung der Fundorte (Dicke und Zersetzungsgrad des Holzes, Berindung, Besonnung, Baumart, Exposition) das Protokoll ergänzen. Zur weiteren Bestimmung von aufgefundenen Tieren gibt es im Gelände nutzbare Hilfen. Neben klassischen Bildbestimmungsbüchern eignen sich auch spezielle Apps, die zusätzlich Informationen zu den Arten anbieten und auf ein späteres Verfassen von Steckbriefen durch die Schüler hinführen können. Es ist zu empfehlen, aus dem großen Angebot vorab eine auf die eigene Lerngruppe abgestimmte Auswahl zu treffen. Die Tiere sollten zur Bestimmung in durchsichtigen Fanggläsern kurz eingefangen werden. Dafür eignen sich insbesondere Lupendosen mit integrier- tem Maßstab auf dem Boden. Aufgrund der kalten Temperaturen sind die entdeckten Insekten meist regungslos oder nur wenig aktiv. Daher können auch gute Fotos von ihnen gemacht werden. Im Anschluss an die Bestimmung

TAB 2. GROSSLAUFKÄFER (CARABUS SPEC.) MIT SCHWERPUNKT-, HAUPT- (SVK/HVK) ODER NEBENVORKOMMEN (NVK) IN WÄLDERN DER SW-MITTELGEBIRGE [5] UND DEREN BINDUNG AN TOTHOLZ ALS ÜBERWINTERUNGSLEBENSRAUM

Art	Dt. Name	SVK/HVK	NVK	Überwinterung in Totholz (Literaturquellen)
<i>Carabus arvensis</i>	Hügel-Laufkäfer	Wälder		[11], [6]
<i>Carabus auronitens</i>	Goldglänzender Laufkäfer	Wälder		[3], [6], [12]
<i>Carabus cancellatus</i>	Feld-Laufkäfer		Wälder	[3], [6], [12]
<i>Carabus convexus</i>	Kurzgewölbter Laufkäfer	Wälder		[3]
<i>Carabus glabratus</i>	Glatter Laufkäfer	Wälder		[3], [6]
<i>Carabus granulatus</i>	Gekörnter Laufkäfer	Feucht- und Nasswälder		[3], [6]
<i>Carabus hortensis</i>	Goldgruben-Laufkäfer	Wälder		[6]
<i>Carabus intricatus</i>	Blauer Laufkäfer	Wälder		[11], [3], [6]
<i>Carabus irregularis</i>	Schluchwald-Laufkäfer	Wälder		[3], [6], [12]
<i>Carabus monilis</i>	Feingestreifter Laufkäfer		Wälder	Keine Nachweise in Totholz
<i>Carabus nemoralis</i>	Hain-Laufkäfer	Wälder	Feucht- und Nasswälder	[3], [6]
<i>Carabus problematicus</i>	Blauvioletter Wald-Laufkäfer	Wälder		[3]
<i>Carabus sylvestris</i>	Bergwald-Laufkäfer	Wälder		[3], [6], [12]
<i>Carabus ulrichii</i>	Höckerstreifen-Laufkäfer		Feucht- und Nasswälder	Keine Nachweise in Totholz
<i>Carabus variolosus</i>	Schwarzer Grubenlaufkäfer	Feucht- und Nasswälder		[3], [12]
<i>Carabus violaceus</i>	Violetttrandiger Laufkäfer	Wälder		[3], [6]

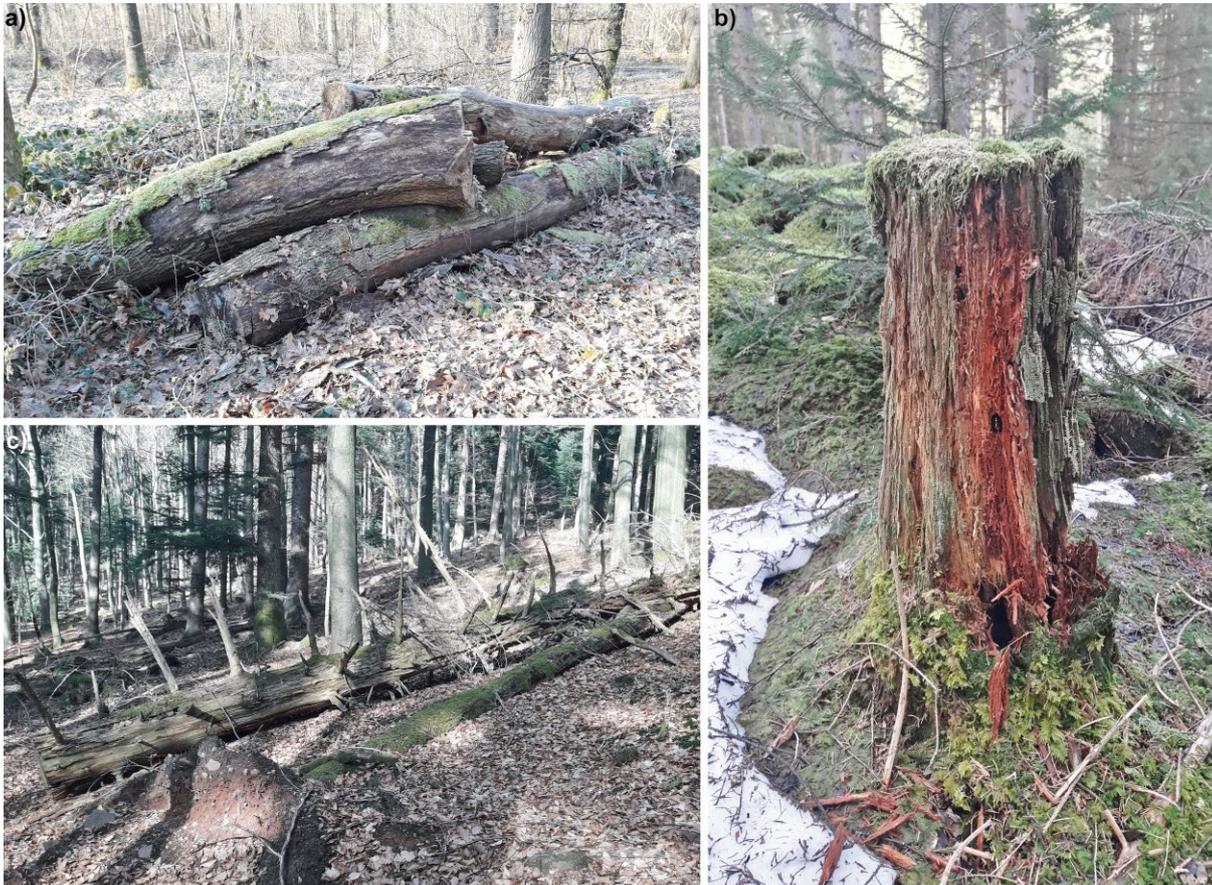


ABB. 3 Von Laufkäfern genutzte Totholzqualitäten in südwestdeutschen Wäldern. a) Am Wegrand gelagertes Buchenholz mit sich bereits lösender Rinde, unter der mehrere Exemplare von *Carabus granulatus* im Winterlager gefunden wurden. Der Fundort befindet sich in einem von Eichen und Hainbuchen dominierten Wald. b) Fichtenhochstumpf in fortgeschrittener Zersetzung und mit bereits abgelöster Rinde in einem von Fichten dominierten Wald. Im morschen, relativ trockenen Holz saß ein *Carabus auronitens*. c) Bereits entrindeter relativ starker Kronenschnitt und daneben eine vom Sturm umgeworfene Fichte, in der mehrere Individuen von *Carabus intricatus* überwinterten. Fotos: J. Buse.

und Beobachtung der Tiere sind diese ins Totholz zurück zu geben und mit Holzmaterial zu überdecken. Die Möglichkeit den Winter unbeschadet zu überstehen wird dadurch erhalten. Ein bloßes Absetzen auf dem Totholz erfüllt diese Funktion nicht, da die Tiere dann Frösten ungeschützt ausgesetzt sind.

In der Sekundarstufe ergeben sich mehrere Anknüpfungsmöglichkeiten zum Lehrplan. Zum Beispiel können Anpassungsstrategien von Tieren an extreme klimatische Bedingungen am Beispiel der Laufkäfer behandelt werden. Außerdem wäre eine Unterrichtseinheit zum Thema „Bedeutung von Totholz“ im Rahmen der Auseinandersetzung mit dem Ökosystem Wald und seiner Artenvielfalt denkbar. Ein schönes Umsetzungsbeispiel für die 7./8. Klasse inklusive Arbeitsblätter wurde jüngst unter dem Titel „Totholz – alles andere als tot!“ erarbeitet, wenn auch ohne Fokus auf Laufkäfer [13]. Dabei können auch Nistmöglichkeiten für Spechte und die im Totholz nistenden Wildbienen angesprochen werden. Das Installieren von selbstgebaute Nisthilfen für Wildbienen ist eine einfache Möglichkeit, individuelle Handlungsmöglichkeiten zu erfahren,

und kann durch das Anlegen von Totholzhaufen (für Hirschkäfer) bis hin zu einem Totholzgarten erweitert werden. Im Rahmen der Behandlung von Strukturen und funktionsmorphologischen Aspekten können Schüler sich mit den unterschiedlichen Oberkiefern bei fakultativen und obligaten Totholzbewohnern auseinandersetzen. Dabei sind die Anpassungen aufgrund unterschiedlicher Funktionen zu beschreiben und zu diskutieren.

Wichtig erscheint uns grundsätzlich bei Freilanderfassungen der sensible Umgang mit dem Totholz und dessen Bewohnern. Wild lebende Tiere dürfen nicht mutwillig oder ohne vernünftigen Grund gefangen, verletzt oder getötet werden (§ 39 BNatSchG). Großlaufkäfer (*Carabus spec.*) gehören in Deutschland zu den besonders geschützten Arten, deren Fang verboten ist und deren Ruhestätten nicht beschädigt oder zerstört werden dürfen (§ 44 BNatSchG i.V. mit BArtSchV Anlage 1). Für Forschungszwecke, Lehre und Bildung liegt im Sinne des Gesetzgebers ein vernünftiger Grund vor, von dem generellen Verbot abzuweichen (§ 39 BNatSchG). Jede aktive Suche nach Insekten im Substrat beeinträchtigt allerdings



ABB. 4 Der Gekörnte Laufkäfer (*Carabus granulatus*) sitzend in seiner selbst ausgegagten Höhlung im Totholz. Der Fund stammt vom 7.1.2021 aus der Rheinaue. Foto: J. Buse.

diesen Lebensraum; bei größeren Gruppen kann dabei leicht das komplette lokale Angebot an zur Überwinterung geeignetem Totholz betroffen sein. Für die Beurteilung der Zerstörung und Beschädigung der Lebensstätten spielt auch die „Schwere“ des Eingriffs eine Rolle, die in den allermeisten Fällen unproblematisch sein dürfte, wenn es sich um Lehr- oder Bildungszwecke handelt. So wird in diesem Rahmen stets nur stichprobenartig ein kleiner Waldbereich durchsucht. Somit ist diese Art von Untersuchungen auch nicht genehmigungsbedürftig, außer wenn sie in Schutzgebieten stattfinden. Eine zurückhaltende Herangehensweise an Untersuchungen im Totholz ist trotzdem empfehlenswert. Insbesondere die stärkeren und langen, liegenden Stämme sind qualitativ hochwertige Lebensräume für die Überwinterung. Wir schlagen deshalb vor, dass bei großen, liegenden Totholzstämmen immer nur eine Hälfte durchsucht wird und die andere Hälfte ungestört verbleibt. Dieses Vorgehen ist bei Exkursionsgruppen stets vorher anzusprechen. Eine alternative Möglichkeit stellen die gut ausgearbeiteten Angebote außerschulischer Kooperationspartner dar. Beispielhaft sind hier das Reallabor Wald in Lübeck [14] und die Angebote des Nationalparks Schwarzwald in der Wildnisbildung [15] zu nennen.

Weiterer Forschungsbedarf

Laufkäfer in Wäldern reagieren sensibel gegenüber Veränderungen der Kronenöffnung und dem Alter des Waldbestandes. Das Totholzangebot hat aber wohl für den

Artenreichtum und die Aktivitätsdichte der Laufkäfergemeinschaft in Wäldern kaum Auswirkungen [16]. Ob das Totholzangebot bei Betrachtung einzelner Arten nicht doch von Bedeutung ist, blieb bisher im Dunkeln. Die Autökologie der meisten Waldlaufkäfer ist nicht ausreichend erforscht, und hier ergeben sich noch viele Möglichkeiten für zukünftige Untersuchungen. Dabei ist vorstellbar, dass der Durchmesser, die Besonnung und der Zersetzungsgrad von Holz die Vorkommenswahrscheinlichkeit und Populationsdichte der überwinternden Arten beeinflussen können. Auch die Baumart könnte aufgrund unterschiedlicher Holzqualitäten einen Einfluss haben. Außerdem ist unklar, ob sich die relative Bedeutung von Totholz für die Überwinterung von Laufkäfern entlang klimatischer Gradienten ändert. Dazu könnte ein Blick in Gebiete mit hohem Totholzangebot, wie beispielsweise Bannwäldern, helfen. Dies sind Waldschutzgebiete in Baden-Württemberg, in denen Pflegemaßnahmen oder die Entnahme von Holz nicht erlaubt ist. In anderen Bundesländern sind sie unter dem Begriff Naturwaldreservat bekannt. Zumindest für zwei Bannwälder in über 800 m Höhenlage im Schwarzwald wurden signifikant positive Korrelationen zwischen dem Totholzangebot und der Individuenzahl Brutpflegender bzw. Brutfürsorgender Arten der Gattung *Abax* und *Molops* nachgewiesen [17]. Für die obligaten Totholzkäfer wurde gezeigt, dass bei wärmeren Umgebungstemperaturen weniger Totholz für ein vergleichbares Maß an Artenreichtum ausreicht [18], was auf Kompensationseffekte hindeutet. Dies ist grundsätzlich auch bei Laufkäfern vorstellbar, da sich in wärmerer Umgebung eine geringere Notwendigkeit ergibt, sich vor Frost zu schützen.

Zusammenfassung

Die Nutzung von Totholz als Überwinterungslebensraum durch viele fakultative Totholzbewohner ist der breiten Öffentlichkeit wenig bekannt. In diesem Beitrag werden Erkenntnisse der winterlichen Erfassung von Insekten im Totholz aus dem Gebiet des Nordschwarzwalds und der angrenzenden Rheinebene präsentiert. Die Funde zeigen, dass adulte Laufkäfer, Hummeln, Hornissen und Blattwespen regelmäßig im morschen Totholz überwintern. Anhand der in diesem Zusammenhang bedeutenden Gruppe der Laufkäfer werden ökologische Anpassungsmechanismen diskutiert. Neben Vorschlägen für eine Bearbeitung des Themas im schulischen Kontext der Primar- und Sekundarstufe wird auf die großen Wissenslücken und den Forschungsbedarf hingewiesen.

Summary

Amazing insect diversity in dead wood – the significance of dead wood for hibernating ground beetles and other insects

The fact that dead wood is used for hibernation by many facultative saproxylic organisms is little known to the general public. We present results from winter surveys of insects

in dead wood in the northern Black Forest region and the adjacent Rhine valley. Adult ground beetles, bumblebees, hornets, and sawflies are among the most frequent taxa overwintering in dead wood. Using ground beetles as a model group, we discuss ecological mechanisms of adaptation to winter conditions. We present suggestions for including this important topic in environmental education at both primary and secondary school level, where it can be worked on in a variety of ways. Finally, we identify knowledge gaps and the need for further research.

Schlagworte:

Carabus, stark zersetztes Totholz, Wald, Überwinterung, Biodiversität, Lebensraum, Lernort.

Literatur

- [1] C. Bouget et al. (2019). Les Coléoptères saproxylique de France. Catalogue écologique illustré. Muséum national d'histoire naturelle, Paris.
- [2] J. N. Stokland, J. Siitonen, B. G. Jonsson (2012). Biodiversity in Dead Wood. Cambridge University Press, Cambridge.
- [3] F. Burmeister (1939). Biologie, Ökologie und Verbreitung der europäischen Käfer auf systematischer Grundlage. 1. Band: Adephega, 1. Familiengruppe: Caraboidea. Goecke, Krefeld.
- [4] J. Schmidt, J. Trautner, G. Müller-Motzfeld (2016). Rote Liste und Gesamtartenliste der Laufkäfer (Coleoptera: Carabidae) Deutschlands. 3. Fassung, Stand April 2015. Naturschutz und Biologische Vielfalt 70(4), 139–204.
- [5] Gesellschaft für angewandte Carabidologie (Hrsg., 2009). Lebensraumpräferenzen der Laufkäfer Deutschlands – Wissensbasierter Katalog. Angewandte Carabidologie Supplement 5, 1–48.
- [6] H. Turin, L. Penev, A. Casale (2003). The Genus *Carabus* in Europe. A Synthesis. Pensoft, Sofia-Moscow.
- [7] A. V. Matalin (2008). Evolution of biennial life cycles in ground beetles (Coleoptera, Carabidae) of the Western Palearctic. in: Back to the roots and back to the future: Towards a new synthesis amongst taxonomic, ecological and biogeographical approaches in carabidology (Hrsg. L. Penev, T. Erwin, T. Assmann), Pensoft, Sofia-Moscow, 259–84.
- [8] R. Baumgartner et al. (1997). Age pyramid of a local population and viability fitness of phenotypical fractions in *Carabus auronitens* (Coleoptera, Carabidae). Italian Journal of Zoology 64(4), 19–40.
- [9] P. J. Gullan, P. S. Cranston (2005). The Insects – An Outline of Entomology. Third edition, Blackwell.
- [10] A. Ploomi et al. (2012). Seasonal cold adaptation dynamics of some carabid beetle species: *Carabus granulatus*, *Pterostichus oblongopunctatus* and *Platynus assimilis*. Forestry Studies 57, 90–96.
- [11] C. H. Lindroth (1985). The Carabidae (Coleoptera) of Fennoscandia and Denmark. Part 1. E. J. Brill & Scandinavian Science Press Ltd., Leiden, Copenhagen.
- [12] J. Trautner (Hrsg., (2017). Die Laufkäfer Baden-Württembergs. Ulmer, Stuttgart.
- [13] K.-M. Ricker, N. Andersen (2020). Totholz – alles andere als tot!. Biologie 5–10, Nr. 30.
- [14] <https://www.reallabor-wald.org>
- [15] <https://www.nationalpark-schwarzwald.de/de/erleben/angebote-fuer-gruppen/angebote-fuer-schulen>
- [16] M. Lange et al. (2014). Effects of forest management on ground-dwelling beetles (Coleoptera: Carabidae, Staphylinidae) in Central Europe are mainly mediated by changes in forest structure. Forest Ecology and Management 329, 166–76.
- [17] J. Trautner, M. Bräunicke, J. Ritze (1996). Untersuchungen zur Laufkäferfauna ausgewählter Bannwälder in Baden-Württemberg, in: Abschlussbericht zur „Faunistischen Bannwaldforschung der FVA“ (Hrsg.; Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-Württemberg), Freiburg i. Br., 144–184.
- [18] J. Müller et al. (2015). Increasing temperature may compensate for lower amounts of dead wood in driving richness of saproxylic beetles. Ecography 38 (5), 499–509.

Verfasst von:



Dr. Jörn Buse studierte Umweltwissenschaften an der Leuphana Universität Lüneburg, und dort promovierte er über xylobionte Käfergemeinschaften an Eichen. Zu seinen Forschungsthemen gehören vor allem naturschutzbiologische Fragestellungen, u. a. bei der Gruppe der Laufkäfer. Seit 2016 leitet er den Sachbereich Invertebraten und Biodiversität im Nationalpark Schwarzwald.



Michael-Andreas Fritze studierte Biologie an der Universität Bayreuth und schloss das Studium mit einer Diplomarbeit über die Biologie und Biotopbindung von mitteleuropäischen Arten der Laufkäfergattung *Chlaenius* ab. Sein Arbeitsschwerpunkt umfasst die Bewertung von Laufkäfervorkommen bei Naturschutz- und Eingriffsvorhaben im Rahmen einer freiberuflichen Tätigkeit und seit 2013 als wissenschaftlicher Mitarbeiter bei der Arbeitsgruppe für Tierökologie und Planung GmbH.



Nikolai Wollik studierte Lehramt an der Oberstufe – Allgemeinbildende Schulen – mit den Fächern Biologie und Chemie an der Universität Hamburg. Seit 2010 unterrichtet er am Johannes-Brahms-Gymnasium in Hamburg.

Korrespondenz:

Dr. Jörn Buse
Nationalpark Schwarzwald
FB 2: Ökologisches Monitoring, Forschung und
Artenschutz
Kniebisstraße 67
72250 Freudenstadt
Email: joern.buse@nlp.bwl.de

Die schwarze Wundererde aus dem Amazonasgebiet

Terra Preta – Fakten und Mythen

BRUNO GLASER



Die moderne Bodenforschung erlaubt tiefe Einblicke in die Lebensbedingungen früherer Menschen. Mit Hilfe innovativer Analysetechniken wie z. B. Biomarker- und Isotopenanalysen lassen sich Fragen zur Besiedelungsgeschichte und Nutzung von Böden klären. Die mythenumwobene Indianerschwarzerde Amazoniens, auch „Terra Preta“ (do Indio) genannt, ist seit mehr als 40 Jahren Gegenstand intensiver Forschung (Abbildung 1). Inzwischen konnte ihre Entstehung weitgehend aufgeklärt werden. Da auch viele falsche Vorstellungen über die Entstehung von Terra Preta kursieren, wird im Folgenden der Stand der wissenschaftlichen Forschung zu diesem faszinierenden Thema zusammengefasst.

Als Francisco de Orellana 1542 den Amazonas bereiste, beobachtete er viele Menschen entlang der Ufer, was auf eine dichte Besiedelung des Amazonasgebietes zu dieser Zeit schließen lässt. Spuren dieser Besiedelung sollten sich nicht nur archäologisch (z. B. in LIDAR-Luftaufnahmen), sondern auch bodenkundlich zu erkennen geben. Smith postulierte 1879 als Erster, dass die Indianerschwarzerde (Terra Preta) durch Jahrhunderte lange Deposition von Küchenabfällen entstand. Hartt beschrieb 1885 Keramikreste und Holzkohle, was die menschliche Besiedelung dieser Böden belegt. Den nächsten Meilenstein in der frühen Terra Preta-Forschung lieferte Katzer aus Leipzig, der die Indianerschwarzerde 1903 als von Menschen gemachtes Gemisch aus verkohltem Pflanzenmaterial, kompostierter organischer Substanz und Mineralboden beschrieb [1].

Natürlich oder menschgemacht?

Trotz dieser Befunde wurde zwischen 1940 und 1960 eine natürliche Terra Preta-Genese favorisiert z. B. auf der Basis von vulkanischen Aschen oder nährstoffreichen Flusssedimenten, die dann bevorzugt besiedelt wurden. Diese Theorien lassen sich jedoch leicht entkräften, da die Bodenkörnung und Mineralogie (Dominanz von Kaolinit und Sesquioxiden) der Terra Preta jener der umliegenden unfruchtbaren Böden entspricht, und es keinerlei Hinweise auf vulkanische Gläser und hydrothermale Minerale (Allophane) gibt. Erst seit Ende der 1960er Jahre setzte sich wieder die Überzeugung durch, dass Terra Preta menschlichen Ursprungs ist (Anthrosol). Ein Pionier der Terra Preta-Forschung war der holländische Bodenkundler Wim Sombroek. In seiner Dissertation publizierte er detaillierte Bodenkarten und Analysendaten von tiefschwarzen, humusreichen Böden des Belterra Plateaus nahe Santarém [2]. Er differenzierte zwischen Terra Preta (schwarz) als Siedlungsböden und Terra Mulata (braun) als Ackerböden.

Moderne Terra Preta-Forschung

Die moderne Terra Preta-Forschung begann mit dem deutschen Bodenkundler Wolfgang Zech, dem ich auch diesen Artikel widme. Er legte den Fokus auf die Aufklärung der zur Terra Preta führenden Bodenprozesse und nicht auf die reine Beschreibung dieser Böden [3]. Viele seiner Schüler widmen sich heute der Terra Preta-Forschung wie

z. B. Bruno Glaser, Johannes Lehmann, Jago Birk und Christoph Steiner (Abbildung 1).

Terra Preta entstand *in-situ* aus verschiedenen Bodentypen wie z. B. Arenosolen (Sandböden ohne Horizonte), Acrisolen (saure Tonböden), Ferralsolen (tropische Roterden), Plinthosolen (Grundwasser-beeinflusste tropische Roterden) und Cambisolen (typische Braunerden, wie sie auch bei uns vorkommen); sie sind daher nicht mit Plaggenböden vergleichbar [4]. Archäologische Untersuchungen und Radiocarbonanalysen bestätigen die präkolumbische Entstehung von Terra Preta (60 bis 1640 n. Chr. in der oberen Xingu-Region und 550 bis 1450 n. Chr. in Zentralamazonien) [4]. Terra Preta ist in Amazonien weit verbreitet, vor allem in der Nähe von Flüssen (Abbildung 2). Die Gesamtfläche wurde auf 154.000 km² geschätzt, was ca. drei Prozent Amazoniens entspricht [5].

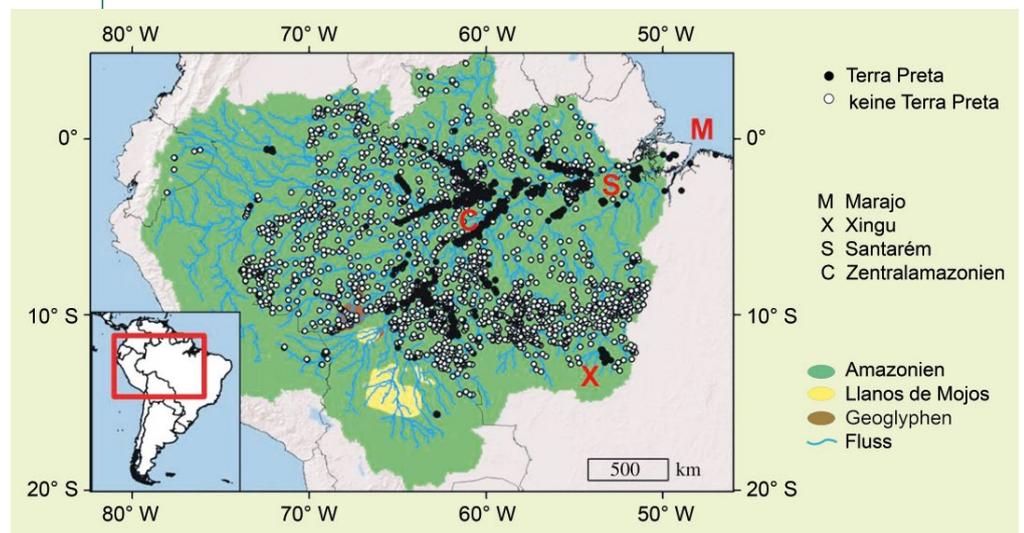
Das Besondere an Terra Preta ist der hohe Gehalt an stabilem Humus und die hohe, seit Jahrhunderten anhaltende Bodenfruchtbarkeit. Normalerweise sind tropische Böden stark verwittert, humusarm und wenig fruchtbar. Dagegen enthält Terra Preta durchschnittlich ca. 250 Tonnen organischen Kohlenstoff (C), 17 Tonnen Stickstoff (N) und 13 Tonnen Phosphor (P) pro Hektar im obersten Meter Bodentiefe – ca. die Hälfte davon in den landwirtschaftlich wichtigen obersten 30 cm, was einer Anreicherung um jeweils ca. 300 Prozent gegenüber umliegenden Böden entspricht [4].

Obwohl bereits vermutet wurde, dass der schwarze Humus von Terra



ABB. 1 Geländearbeiten zur Erforschung der Terra Preta in Amazonien. Fotos: Bruno Glaser.

ABB. 2 | VERBREITUNG VON TERRA PRETA IM AMAZONASGEBIET [5]



IN KÜRZE

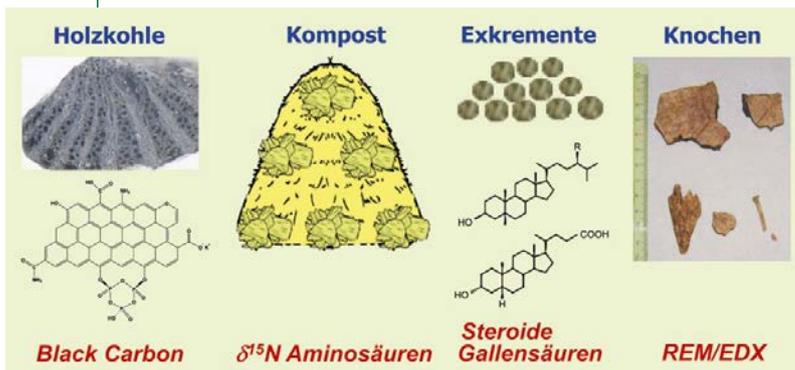
- Terra Preta entstand durch **Flächenkompostierung von Verkohlungs-rückständen** (Pflanzenkohle), Küchenabfällen einschließlich Knochen und Fischgräten und überwiegend menschlichen Exkrementen.
- **Bodenmikroorganismen schufen daraus einen nachhaltig fruchtbaren Boden** mit stabilem Humus, reich an aromatischen Strukturen.
- Die Existenz von Terra Preta beweist, dass es prinzipiell möglich ist, wenig fruchtbare Böden intensiv zu nutzen und ihre Humusgehalte und die **Fruchtbarkeit sogar zu steigern**.
- Die heutige Anwendung des Terra Preta-Konzeptes würde es erlauben, organische Reststoffe, Biotonneninhalte, Klärschlamm etc. als natürliche Ressourcen nachhaltig in Form einer **biobasierten Kreislaufwirtschaft** zu nutzen, statt sie zu entsorgen.
- Es werden weitere **neue Anwendungsmöglichkeiten** für Pflanzenkohle entwickelt wie z. B. als Tierfutter, als Baumaterial oder zur Geruchsbindung in Trenntoiletten.

Preta auf Verkohlungsrückstände zurückzuführen ist, stand der eindeutige analytische Nachweis dafür ebenso aus, wie die stichhaltige Identifizierung der Quellen für die hohen Nährstoffgehalte. Terra Preta ist zwar tiefgründig schwarz; man findet aber kaum mit bloßem Auge erkennbare Holzkohle. Die einzigen mit dem Auge erkennbaren Anzeichen für ehemalige menschliche Besiedelung sind Tonscherben und Knochenreste. Bezüglich möglicher Nährstoffquellen scheiden primäre Minerale aus, da diese in den Böden der humiden Tropen weitestgehend verwittert sind. Nur Kohlenstoff und Stickstoff könnten an Ort und Stelle theoretisch auf biologischem Wege durch Photosynthese bzw. biologische Stickstofffixierung in die Böden gekommen sein. Andere Nährstoffe müssen von außen zugeführt worden sein. Hinzu kommt die un-

gleichmäßige Verteilung von Kohlenstoff und Nährstoffen innerhalb des Bodens, was auf unterschiedliche Kohlenstoff- und Nährstoffquellen schließen lässt [6]. Daher entwickelte meine Arbeitsgruppe besondere Analysetechniken, um solche Quellen zu identifizieren. Dies gelang mit Biomarkern, die nicht nur die Nährstoffquellen eindeutig identifizieren, sondern auch über Jahrhunderte im Boden stabil bleiben. Da die präkolumbischen Bewohner Amerikas nur natürliche Ressourcen zur Verfügung hatten, kommen für die Terra Preta-Entstehung nur folgende Quellen in Frage:

1. Verkohlungsrückstände (Black Carbon, pyrogener C oder Pflanzenkohle) als Quelle für den stabilen Kohlenstoff,
2. kompostierte Küchenabfälle als Quelle für Kohlenstoff und Stickstoff,
3. menschliche oder tierische Exkremente als Quelle für Stickstoff, Phosphor und Kalium,
4. Knochen und Fischgräten als Quelle für Calcium und Phosphor.

ABB. 3 | BIOMARKER UND ANALYSETECHNIKEN ZUR ENTSCHLÜSSELUNG DER TERRA PRETA-ENTSTEHUNG



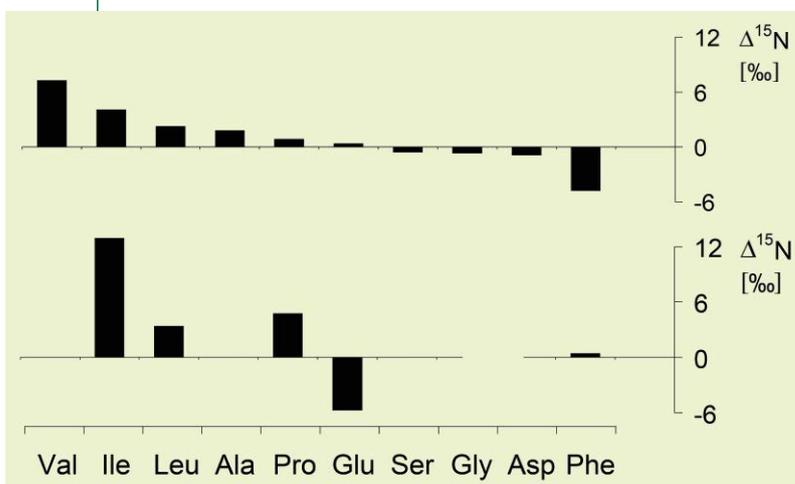
REM = Rasterelektronenmikroskopie, EDX = energiedispersive Röntgenspektroskopie. Details siehe Text.

Biomarkeranalysen zur Rekonstruktion der Terra Preta-Entstehung

Die Identifizierung der genannten Quellen erfolgte anhand der in Abbildung 3 dargestellten Biomarker und Analysetechniken. Zur Bestimmung von Verkohlungsrückständen wurde das kondensierte aromatische Kohlenstoffgerüst mit konzentrierter Salpetersäure unter hoher Temperatur und Druck oxidiert, wobei aromatische Carbonsäuren entstehen, die für polyaromatischen Kohlenstoff (Black Carbon) im Boden spezifisch sind (Abbildung 3) [7]. Bei einem Kompostierungsprozess werden organische Verbindungen nur teilweise abgebaut, weshalb es zu einer Anreicherung von schweren Isotopen kommt (v. a. ^{15}N). Organische Düngung kann man daher sehr gut mithilfe der ^{15}N -Isotopensignatur von Aminosäuren nachweisen (Abbildung 3). Bestimmte Steroide und Gallensäuren sind typisch für menschliche und tierische Exkremente (Abbildung 3). Mithilfe von Rasterelektronenmikroskopie und energiedispersiver Röntgenspektroskopie (REM/EDX) lässt sich die Elementzusammensetzung von Knochen, Fischgräten und des Bodens erkennen (Abbildung 3).

Die quantitativen Analysen ergaben, dass Terra Preta durchschnittlich 50 Tonnen Black Carbon (Holzkohle, Pflanzenkohle, engl. Biochar) pro Hektar und einem Meter Bodentiefe enthält, was einer 70-fachen Anreicherung im Vergleich zum umliegenden ungestörten Boden entspricht [8]. Dieses Ergebnis zeigt, dass Pflanzenkohle ein Schlüssel zur Entstehung von Terra Preta darstellt, obwohl Black Carbon nur ca. 20 Prozent des gesamten organischen Kohlenstoffs in Terra Preta repräsentiert. Dieses Ergebnis bedeutet aber auch, dass Pflanzenkohle im Boden die Bildung von Humus fördert. Physikalisch-chemisch ist Pflanzenkohle nicht von Holzkohle zu unterscheiden. Der Unterschied besteht in der Herstellung und Anwendung. Während Holzkohle aus (Tropen-)Holz zur Energieerzeugung

ABB. 4 | UNTERSCHIED DER STICKSTOFFISOTOPENSIGNATUR ($\Delta^{15}\text{N}$) EINZELNER AMINOSÄUREN IM BODEN



Vergleich zwischen organischer Düngung und ungedüngten Kontrollböden, oben rezente Böden, unten Terra Preta [9]. Abkürzungen der Aminosäuren: Val = Valin, Ile = Isoleucin, Leu = Leucin, Ala = Alanin, Pro = Prolin, Glu = Glutaminsäure, Ser = Serin, Gly = Glycin, Asp = Asparaginsäure, Phe = Phenylalanin.

gung verwendet wird, sollte Pflanzenkohle aus holzigen Biomasseresten zur Bodenverbesserung à la Terra Preta verwendet werden.

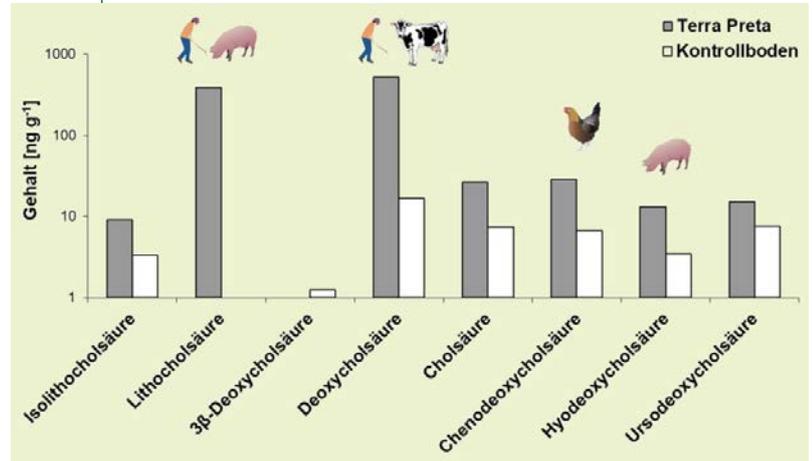
Pflanzenkohle enthält nur geringe Mengen an Nährstoffen in Form von Asche, daher müssen die Nährstoffe in der Terra Preta aus anderen Quellen stammen. Hinzu kommt, dass Brandrodung, bei der viel Asche entsteht, nicht zur Bildung von Terra Preta führt. Insbesondere der hohe Gehalt an Phosphor und die relative Armut an Kalium in der Indianerschwarzerde spricht gegen einen hohen Ascheeintrag [9]. Aus diesem Grund können allein pflanzliche Rückstände nicht die einzige Nährstoffquelle sein. Jedoch spielt Kompostierung von Küchenabfällen bei der Terra Preta-Entstehung eine große Rolle, wie sich anhand der hohen ¹⁵N-Isotopenwerte von Aminosäuren in Terra Preta nachweisen lässt (Abbildung 4) [9].

Einen Eintrag von menschlichen oder tierischen Exkrementen kann man mithilfe des Steroid- und Gallensäuremusters nachweisen (Abbildung 5). Terra Preta enthält signifikant höhere Gehalte an Coprostanol als umliegende Böden – ein deutlicher Hinweis auf Exkremente von Omnivoren (z. B. Mensch oder Schwein) [9]. Im Gallensäuremuster dominierten Lithocholsäure und Deoxycholsäure (Abbildung 5). Beides sind Indikatoren für menschliche Exkremente, da es vor der Ankunft der Europäer in Amazonien weder Schweine noch Kühe gab. Die höheren Gehalte an Chenodeoxycholsäure weisen ferner auf einen geringen Beitrag von Geflügelexkrementen hin (Abbildung 5). Ganz allgemein tragen tierische Exkremente vor allem Stickstoff und Phosphor in den Boden ein. Eine weitere potenzielle Quelle für Bodennährstoffe sind Knochen und Fischgräten, welche reichlich Calcium und Phosphor enthalten. Sie können bereits mit dem bloßen Auge in der Terra Preta entdeckt werden (Abbildung 6). Mithilfe von Rasterelektronenmikroskopie in Kombination mit energiedispersiver Röntgenspektroskopie konnten die hohen Calcium- und Phosphorgehalte der Knochen in Terra Preta bestätigt werden (Abbildung 7).

Die Rolle von Mikroorganismen

Es leuchtet ein, dass die Deponierung der oben genannten Materialien auf Böden ohne weiteren mikrobiellen Abbau zu einer massiven Akkumulation und nicht zu natürlichen Stoffkreisläufen führen würde. Daher ist die Frage berechtigt, ob Terra Preta spezielle Mikroorganismen aufweist, wie häufig angenommen wird („Terra Preta Code“). Verschiedene Autoren berichteten von einer höheren mikrobiellen Diversität in Terra Preta (14 phylogenetische Gruppen, Diversitätsindex 5,2) im Vergleich zu umliegenden Böden (9 phylogenetische Gruppen, Diversitätsindex 4,4) [10]. Andere wiesen nach, dass 42–85 Prozent des bakteriellen Mikrobioms in Terra Preta sowie in benachbarten Böden noch nicht bekannt sind [11]. Die Ergebnisse lassen den Schluss zu, dass alle bisher in Terra Preta identifizierten Mikroorganismen zur normalen Bodenflora gehören, dominiert von den meist Gram-positiven Firmicutes. Säure-

ABB. 5 GALLENSÄUREMUSTER VON TERRA PRETA IM VERGLEICH ZUM UMLIEGENDEN BODEN [9]



Die y-Achse ist logarithmisch skaliert.

liebende Acidobacteria tragen – im Vergleich zu umliegenden Böden, in denen sie 13–27 Prozent ausmachen – nur 2,5 Prozent zur Bodenflora von Terra Preta bei – vermutlich in Zusammenhang mit den höheren pH-Werten der Terra Preta.

Interessant ist ferner, dass sich die bakterielle Diversität von Terra Preta verschiedener Standorte signifikant unterscheidet, ebenso wie die von Terra Preta und Vergleichsböden an ein und demselben Standort [11]. Diese Ergebnisse machen deutlich, dass es keinen „Terra Preta Code“ gibt. Vielmehr weist jeder Boden sein spezielles Mikrobiom auf, das bei vergleichbarem Klima vor allem von Bodeneigenschaften wie z. B. dem pH-Wert oder dem Humusgehalt bestimmt wird. Ferner beweisen diese Ergebnisse, dass Terra Preta das Produkt einer *in-situ*-Kompostierung ist und nicht einer Fermentation, da Acidobacteria in Terra Preta kaum vertreten sind. Allerdings spielen Pilze



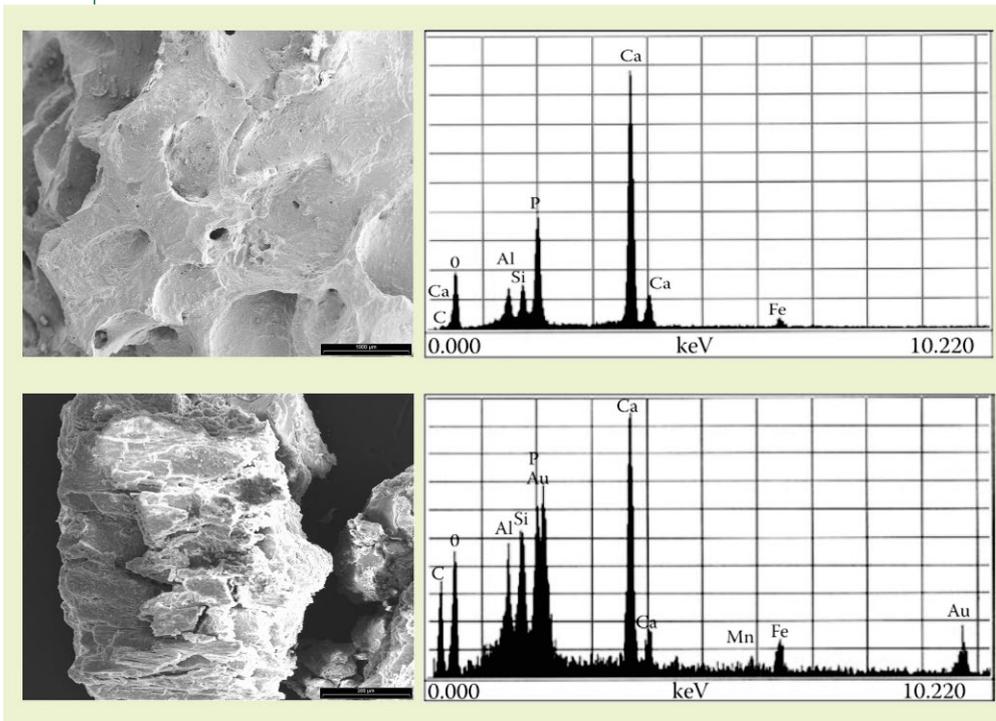
ABB. 6 Knochenreste eines Schildkrötenpanzers (oben) und von diversen Knochenfischen (unten) aus einer Terra Preta (Hatahara) Foto: Bruno Glaser.

bei der Terra Preta-Entstehung eine größere Rolle als Bakterien; ihre Rückstände dominieren im Vergleich zu bakteriellen [4].

Zusammenfassend gilt, dass sich mikrobielle Prozesse in Terra Preta zwar von jenen im umliegenden Vergleichsboden unterscheiden, dass aber auch jede Terra Preta ihr

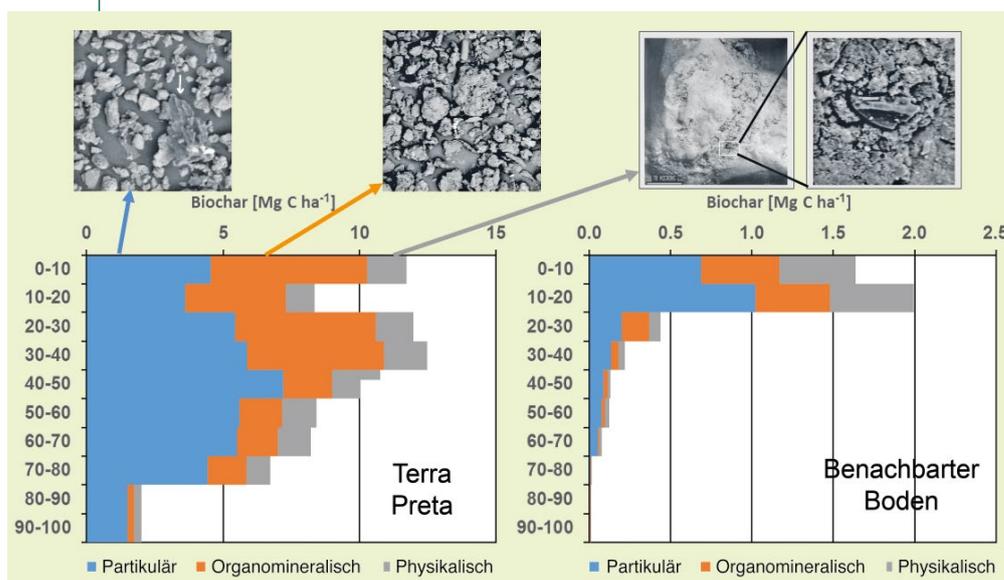
eigenes Mikrobiom besitzt. Wie in jedem Boden wird die Vielfalt der Mikroben und der von ihnen katalysierten Prozesse von äußeren Faktoren gesteuert, vor allem vom pH-Wert und der Menge und Qualität des Nahrungsangebotes. Die Anwesenheit von Pflanzenkohle spielt sicher auch eine Rolle, da diese vermutlich überwiegend durch Pilze im Boden abgebaut wird. Da aerobe Bakteriengemeinschaften dominieren, entstand eine im Durchschnitt 20 Hektar große Terra Preta durch eine *in-situ* Flächenkompostierung von Pflanzenkohle, Küchenabfällen einschließlich Knochen und Fischgräten sowie Exkrementen. Eine Fermentation in Keramikgefäßen, wie man sie häufig im Fernsehen sieht oder in Terra Preta-Büchern liest, ist aus mehreren Gründen sehr unwahrscheinlich. Erstens gibt es kaum fermentierende Bakterien in Terra Preta und zweitens müsste man ca. 200.000 m³ Erde zweimal bewegen (hin und zurück), entsprechend ca. 20 Millionen Keramiktöpfen mit je 10 Liter Inhalt. Wer schon einmal in den humiden Tropen körperlich gearbeitet hat, weiß, dass niemand so etwas freiwillig macht, außer Wissenschaftler für den Erkenntnisgewinn.

ABB. 7 | ANALYSE EINES SCHILDKRÖTENPANZERS IN EINER TERRA PRETA



Gezeigt sind Rasterelektronenmikroskopie (links) und Elementverteilung (rechts) des in Abbildung 6 gezeigten Schildkrötenpanzers (oben) und einer Terra Preta (Hatahara, unten) Fotos: Bruno Glaser.

ABB. 8 | STRUKTUR UND TIEFENVERTEILUNG VERSCHIEDENER PFLANZENKOHLE-FRAKTIONEN



Gezeigt ist die Tiefenverteilung von partikulärer (blau), organomineralisch stabilisierter (orange) und physikalisch stabilisierter (grau) Pflanzenkohle (Biochar) in Terra Preta und in dem Vergleichsboden [4].

Die Rolle von Pflanzenkohle

Aufgrund ihrer polyaromatischen Struktur ist Pflanzenkohle stabiler gegenüber mikrobiellem Abbau im Boden als andere organische Substanzen. Daher ist Pflanzenkohle auch weniger reaktiv. Aber es stellt sich die Frage, ob Pflanzenkohle im Boden mit der Mineralmatrix interagiert. Zur Beantwortung dieser Frage wurde eine Dichtefraktionierung des Bodens durchgeführt und Black Carbon in den einzelnen Fraktionen analysiert. Eine Dichtefraktionierung erlaubt die Unterteilung des Bodens in eine leichte, mittlere und schwere Fraktion, welche jeweils partikuläre, organomineralisch stabilisierte und physikalisch stabilisierte organische Sub-

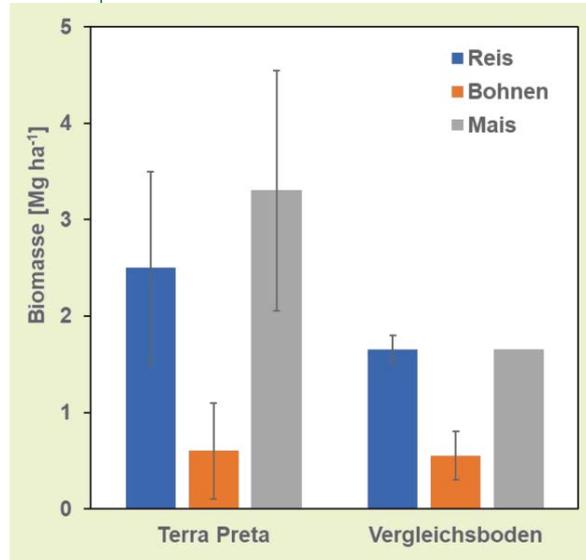
stanz enthält [12]. Überraschenderweise weist Terra Preta immer noch ca. 50 Prozent der Pflanzenkohle in partikulärer Form auf (Abbildung 8), obwohl sie sich z. T. bereits seit ca. 2000 Jahren im Boden befindet, was wiederum die Stabilität von Pflanzenkohle unterstreicht. Der Rest ist überwiegend (ca. 40%) organomineralisch stabilisiert und nur ein kleiner Teil (ca. 10%) ist physikalisch stabilisiert (Abbildung 8). Diese Ergebnisse verdeutlichen, dass Pflanzenkohle chemisch und biologisch rekalcitrant im Boden vorliegt, und eine Oxidation oder organomineralische Interaktion nur sehr langsam erfolgt. Andererseits ist bekannt, dass an Pflanzenkohle reiche Böden wie Terra Preta oder natürliche Schwarzerden (Tschernoseme) nachhaltig fruchtbar sind, was die Schlüsselrolle von Pflanzenkohle in fruchtbaren Böden unterstreicht. Die Biomasseproduktion auf Terra Preta ist ca. doppelt so hoch wie auf umliegenden Böden (Abbildung 9).

Die offensichtlichste Eigenschaft von Pflanzenkohle ist die schwarze Farbe, die auf ihren polyaromatischen Kern zurückzuführen ist, welcher für die langfristige Stabilität verantwortlich ist (Abbildung 10). Daher ist Pflanzenkohle auch zur langfristigen Kohlenstoffspeicherung im Boden geeignet (C-Sequestrierung und CO₂-Senke gegen den Klimawandel). Langfristig findet eine partielle Oxidation statt, was zur Bildung von funktionellen Gruppen (z. B. Carboxylgruppen) und zur Erhöhung der Nährstoffspeicherungsfähigkeit des Bodens führt. Physikalisch ist Pflanzenkohle sehr porös, was die Luft- und Wasserspeicherung des Bodens erhöht (Abbildung 10).

Heutige Nutzung von Pflanzenkohle zur Schließung von Stoffkreisläufen

Das Terra Preta-Phänomen beweist, dass es prinzipiell möglich ist, einen humusarmen und unfruchtbaren Boden in einen humusreichen und nachhaltig fruchtbaren Boden zu überführen [8, 9]. Vergleichbare alte Siedlungsböden gibt es übrigens auch in Europa [13]. Daher ist Terra Preta nicht nur ein „Wunderboden“ der humiden Tropen, sondern auch eine Vorlage zur Schließung von Stoffkreisläufen (Abbildung 11) bei gleichzeitiger Verbesserung von Ökosystemleistungen wie z. B. Nahrungsmittelproduktion (Abbildung 9), langfristige Kohlenstoffspeicherung und Erhöhung der Bodenfruchtbarkeit [4, 9]. Dabei spielt einerseits Pflanzenkohle eine wichtige Rolle, aber auch der Eintrag hoher Mengen an Nährstoffen (vor allem N und P) sowie deren mikrobielle Stabilisierung im Boden (Abbildung 12). In das 21. Jahrhundert übertragen können auch wir heute dieses Konzept zur Schließung von Stoffkreisläufen auf regionaler Ebene nutzen (Abbildung 12). Idealerweise wird Pflanzenkohle aus organischen Reststoffen hergestellt, für die es keine sonstige sinnvolle Verwendung gibt. Pflanzenkohle wird in Deutschland bereits kommerziell erfolgreich hergestellt z. B. mithilfe von PYREG-Anlagen (www.pyreg.de) auf Wertstoffhöfen (z. B. Abfallkreis Neckar-Odenwald) oder aus Pferdemit (z. B. Bionero GmbH in Thurnau). Ferner verdeutlicht das Terra

ABB. 9 BIOMASSEPRODUKTION AUF TERRA PRETA UND DEM UMLIEGENDEN BODEN



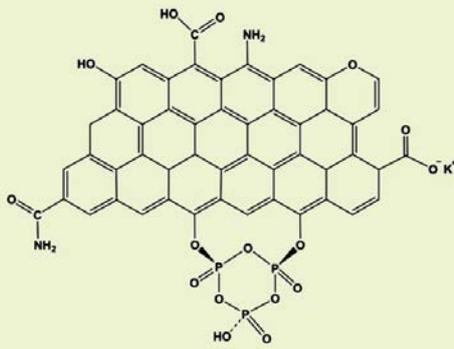
Daten aus [15].

ABB. 10 CHEMISCHE UND PHYSIKALISCHE STRUKTUR VON PFLANZENKOHLE UND DEREN AUSWIRKUNGEN AUF ÖKOSYSTEMLEISTUNGEN



Struktur

- ▶ Porosität
- ▶ kondensierte Aromaten
- ▶ funktionelle Gruppen
- ▶ labiler organischer Kohlenstoff
- ▶ Asche

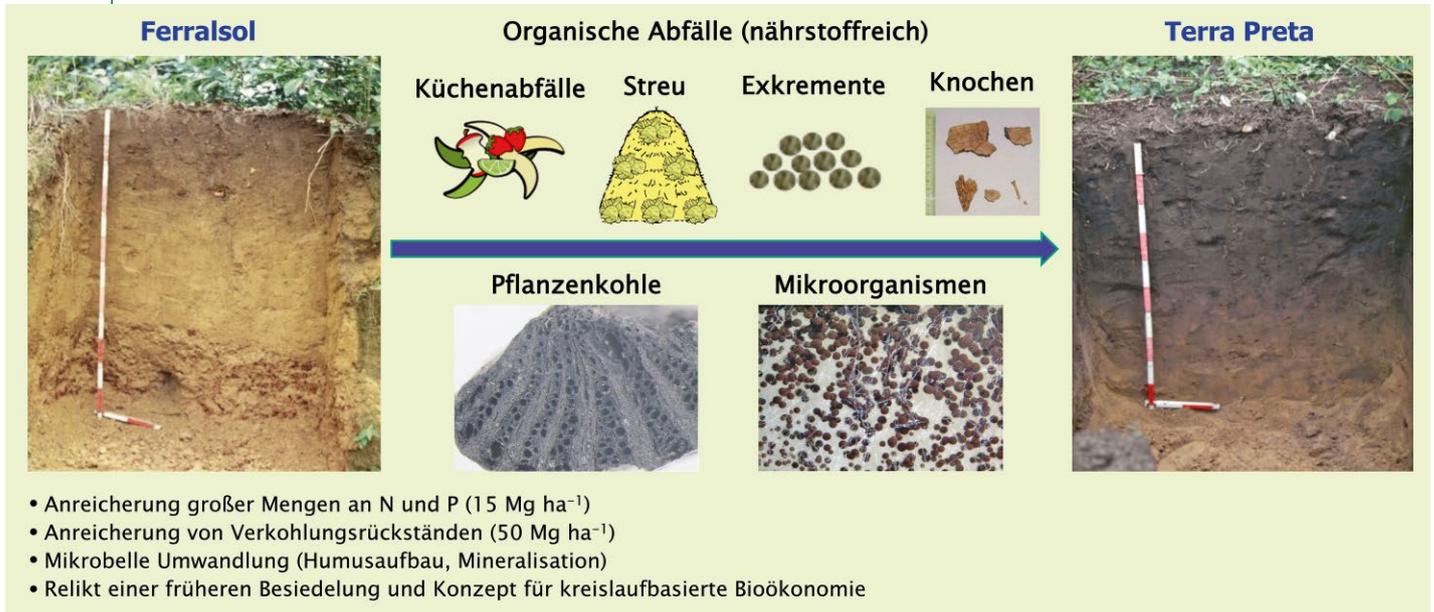


Ökosystemfunktion

- ▶ Wasserspeicherung
- ▶ Kohlenstoffspeicherung
- ▶ Nährstoffspeicherung
- ▶ Nahrung für Mikroorganismen
- ▶ Dünger

Preta-Phänomen, dass es nicht sinnvoll ist, reine Pflanzenkohle in den Boden einzubringen, um den Terra Preta-Effekt zu erzeugen. Daher ist es auch bei der gärtnerischen oder landbaulichen Anwendung von Pflanzenkohle und bei der Untersuchung ihrer ökologischen Effekte wichtig, die Nährstoffe und Mikroorganismen zu berücksichtigen.

ABB. 11 | MODELL DER TERRA PRETA-ENTSTEHUNG [9]

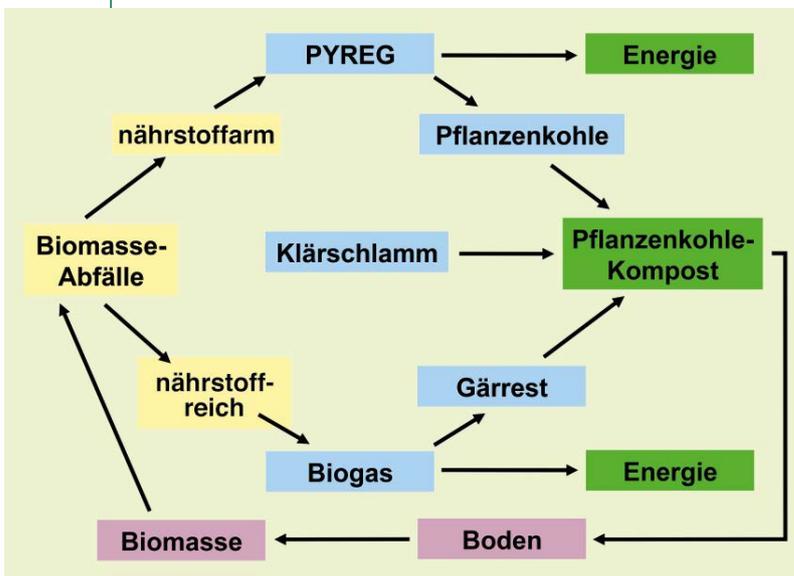


Inzwischen gibt es ca. 10.000 wissenschaftliche Studien über die ökologischen Effekte von Pflanzenkohle, die in ca. 50 Metaanalysen quantitativ und systematisch ausgewertet wurden. Die wesentlichen Ergebnisse aus diesen Metaanalysen sind: durchschnittlich 10% Ertragssteigerung, bei Bäumen sogar +40% Wachstumssteigerung, +60% Kohlenstoffspeicherung im Boden, bis zu -90% Lachgasemission (mengenabhängig), bis zu -60% Nitrat- auswaschung (mengenabhängig), bis zu 800% höhere P-Verfügbarkeit (mengenabhängig), -30% Cadmiumaufnahme in Pflanzen, -10% Bodenverdichtung, +20% Wasserspeicherung. Eine detaillierte Analyse mit entsprechenden

Abbildungen findet sich unter (<https://www.youtube.com/watch?v=zf5rbsJ3lHo&t=12s>).

Das Terra Preta-Phänomen fasziniert, weil dieser Boden in einer Gegend vorkommt, die geprägt ist von unfruchtbaren Böden und rascher Landdegradation nach Entwaldung. Daher sind die ökologischen Vorteile von Terra Preta in den humiden Tropen offensichtlich. Wenn wir allerdings heutzutage versuchen, Terra Preta in Europa zu generieren, wo es bereits natürliche Schwarzerden mit ähnlichen Eigenschaften und andere fruchtbare Böden gibt, ist die Situation anders. Hier wird es vermutlich schwer sein, die Bodenfruchtbarkeit zu erhöhen, es sei denn auf degradierten Flächen wie z. B. Bergbaufolgelandschaften. Auch hier bringt das Terra Preta-Konzept Vorteile z. B. hinsichtlich der Schließung von Stoffkreisläufen, der nachhaltigen Nutzung natürlicher Ressourcen, der Erhöhung des Kohlenstoffsinkenpotenzials und der Einsparung von Dünger (vor allem N und P). Darüber hinaus gibt es inzwischen mehr als 55 weitere Anwendungsmöglichkeiten für Pflanzenkohle, z. B. als Tierfutter, für Trenntoiletten und Baumaterial [14].

ABB. 12 | TERRA PRETA-KONZEPT ZUR SCHLIESSUNG VON REGIONALEN STOFFKREISLÄUFEN



Zusammenfassung

Terra Preta ist ein alter Siedlungsboden, geprägt durch Jahrhunderte andauernden Eintrag großer Mengen an Verkohlungsrückständen (Pflanzenkohle) und Nährstoffen, welche von den Bodenorganismen in stabilen und fruchtbaren Humus überführt wurden. Dabei dominierten aerobe Prozesse durch bodeneigene Mikroorganismen. Es gibt weder wissenschaftliche Hinweise auf anaerobe Prozesse (Fermentation), noch auf „Terra Preta-Supermikroorganismen“. Die Existenz von Terra Preta beweist, dass es prinzipiell möglich ist, langfristig Kohlenstoff und Nährstoffe im Boden zu speichern bei gleichzeitiger intensiver Nutzung für Gartenbau

oder Landwirtschaft. Die Anwendung dieses Konzeptes erlaubt unsere natürlichen Ressourcen nachhaltig in einer biobasierten Kreislaufwirtschaft zu nutzen. Darüber hinaus werden immer neue Anwendungsmöglichkeiten von Pflanzenkohle „entdeckt“, wie z. B. als Tierfutter, als Baumaterial oder zur Geruchsbindung in Trenn toiletten.

Summary

Terra Preta – facts and myths

Terra Preta resulted from long-term addition of high amounts of charcoal (biochar) and organic residues, which were decomposed in-situ by soil microorganisms. The existence of Terra Preta proves that it is principally possible to sustainably increase carbon sequestration and soil fertility while intensively using the soil for horti- and agriculture. Transferring this principle to our modern society would enable us to sustainably using our natural resources and closing anthropogenic nutrient cycles. In addition, biochar can be used for at least 55 further purposes such as animal feed, construction material, or separating toilets reducing the smell considerably.

Schlagworte:

Terra Preta, Siedlungsboden, Schwarzerde, Schließung von Stoffkreisläufen, Bodenbiogeochemie.

Literatur

- [1] F. Katzer (1903). Grundzüge der Geologie des unteren Amazonasgebietes (des Staates Pará in Brasilien), (Hrsg. Weg, L. V. von M.) Leipzig.
- [2] W. G. Sombroek (1966). Unveröffentlichte Dissertation, Wageningen.
- [3] W. Zech et al. (1979). Mitteilungen der Dtsch. Bodenkundlichen Gesellschaft 29, 709–716.
- [4] B. Glaser (2014). In: Agroecology, Ecosystems, and Sustainability, (Hrsg. Benkeblia, N.) Advances in Agroecology, CRC Press, S. 1–40.
- [5] C. H. McMichael et al. (2014). Proc. R. Soc. B Biol. Sci. 281, 20132475–20132475. <https://doi.org/10.1098/rspb.2013.2475>
- [6] J. Birk et al. (2014). DBG Mitteilungen 2007, 110, 643–644.
- [7] B. Glaser et al. (1998). Org. Geochem. 29, 811–819. [https://doi.org/10.1016/S0146-6380\(98\)00194-6](https://doi.org/10.1016/S0146-6380(98)00194-6)
- [8] B. Glaser et al. (2001). Naturwissenschaften 88, 37–41. <https://doi.org/10.1007/s001140000193>
- [9] B. Glaser, J. Birk (2012). J. Geochim. Cosmochim. Acta 82, 39–51. <https://doi.org/10.1016/j.gca.2010.11.029>
- [10] J. S. Kim et al. (2007). Soil Biol. Biochem. 39, 684–690. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2006.08.010>
- [11] B. O. Neill et al. (2009). Microb. Ecol. 58, 23–35. <https://doi.org/10.1007/s00248-009-9515-y>
- [12] B. Glaser et al. (2000). Org. Geochem. 31, 669–678. [https://doi.org/10.1016/S0146-6380\(00\)00044-9](https://doi.org/10.1016/S0146-6380(00)00044-9)
- [13] K. Wiedner et al. (2015). Catena 132, 114–125. <https://doi.org/10.1016/j.catena.2014.10.024>
- [14] H.-P. Schmidt, Ithaka-Journal (2012). 25, 13–25.
- [15] J. Lehmann et al. (2003). Plant Soil 249, 343–357. <https://doi.org/10.1023/A:1022833116184>

Der Autor:



Bruno Glaser untersuchte bereits 1986 als Laborant bei Prof. Wolfgang Zech Terra Preta. Nach dem Studium der Lebensmittelchemie an der Uni Wuppertal widmete er sich im Rahmen seiner Promotion und Habilitation an der Uni Bayreuth voll und ganz der Terra Preta- und Pflanzenkohleforschung. Er trug damit wesentlich zum heutigen Verständnis der Entstehung von Terra Preta bei. Seit 2009 ist er Professor für Bodenbiogeochemie an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, wo er diese Forschungen fortführt. Er hat mehr als 200 Fachartikel und Buchbeiträge publiziert und ist ein gefragter Experte zu Terra Preta und Pflanzenkohle.

Korrespondenz

Prof. Dr. Bruno Glaser
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
Bodenbiogeochemie
von-Seckendorff-Platz 3
06120 Halle (Saale)
Email: bruno.glaser@landw.uni-halle.de

INFORMATIONEN ZUR CORONA-IMPfung



Von früh bis spät umgibt uns das Virus – doch seriöse und verständliche Informationen zur Corona-Impfung zu finden, ist gar nicht so leicht. Deshalb hat der PKV-Verband eine Aufklärungskampagne gestartet, damit mehr Menschen die medizinischen Informationen rund um die Impfung erhalten – aufbereitet von der unabhängigen und gemeinnützigen „Stiftung Gesundheitswissen“.

Weitere Infos unter www.pkv.de/impfos

Die Vielfalt genetischer Modellsysteme kommt zurück

Eine neue Ära in der funktionellen Genetik

GREGOR BUCHER



Der etwa vier Millimeter große Rotbraune Reismehlkäfer (*Tribolium castaneum*) ist ein typischer Vorratschädling, der Getreide und andere landwirtschaftliche Erzeugnisse befällt. Für die genetische Forschung ist er inzwischen jedoch von großem Nutzen – als neues Modellsystem, in dem Evolution und Funktion von Genen untersucht werden können.

Lange Zeit gab es nur wenige Tierarten, bei denen man die Funktion von Genen untersuchen konnte. Innerhalb der Insekten wurde die Taufliege *Drosophila melanogaster* das „Haustier“ der Genetiker, während andere Insekten – auch Schadinsekten – kaum untersucht wurden. Inzwischen gibt es aber neue Methoden, die es erlauben, die Funktion von Genen in einem breiten Rahmen zu untersuchen: Die Sequenzierung von Genomen ist inzwischen sehr günstig, die Genfunktion kann gezielt ausgeschaltet werden, und es gibt ▶ transgene Methoden, die in fast allen Tieren funktionieren. Seit kurzem erweitert die ▶ Genomeditierung das Spektrum der Möglichkeiten zusätzlich. In diesem Artikel wird zunächst dargelegt, welche Vor- und Nachteile der Fokus auf einige wenige genetische Modellsysteme hat. Dann wird gezeigt, welche neuen wissenschaftlichen Möglichkeiten die Etablierung neuer Modellsysteme schafft und wie dies auch zu neuen Methoden der Schädlingsbekämpfung führen kann. Weil Insekten eine erstaunliche Vielfalt aufweisen und für den Menschen sowohl als Nützlinge als auch als Schädlinge wichtig sind, fokussiert dieser Artikel auf diese Tiergruppe. Die vorgestellten Entwicklungen lassen sich aber auch in anderen Tiergruppen und Pflanzen beobachten.

Was auch immer eine Zelle tut – sich zusammenziehen wie eine Muskelzelle, Reize weiterleiten wie Neuronen oder Viren erkennen und Antikörper produzieren wie Abwehrzellen –, immer braucht sie dafür eine Auswahl an speziellen Eiweißen, die diese Aktionen ausführen wie z. B. Aktin-Myosin im Muskel, Ionenkanäle in der Nervenzelle und Erkennungsrezeptoren auf der Zelloberfläche der Abwehrzellen. Die Bauinformation für diese Proteine ist in den Genen gespeichert und auch die Information, welche Proteine in welcher Zelle translatiert (= abgelesen und zusammengebaut) werden, steht zum großen Teil in der DNA geschrieben. Um zu verstehen, wie eine Zelle funktioniert, wie sich ein Organismus entwickelt und wie er mit der Umwelt interagiert, muss man also untersuchen, welche Gene in welcher Zelle aktiviert werden, was sie dort tun und welche Auswirkungen eine Genmutation auf den Organismus hat.

Seit Mendel gehen die funktionelle Genetik und Genomik diesen Fragen nach. In den letzten Jahrzehnten konzentrierten sich die meisten Wissenschaftler dabei auf sehr wenige Arten, so genannte ▶ genetische Modellsysteme wie die Hausmaus (*Mus musculus*), den Fadenwurm *Caenorhabditis elegans* und – ganz besonders – die Taufliege *Drosophila melanogaster*. Die Grundannahme ist, dass die in den Modellsystemen gefundenen Prinzipien allgemeingültig sind. Weil die Taufliege einerseits eine komplexe Biologie aufweist, aber eine selbst für Insekten extrem kurze Generationszeit hat, wurde dieses Modellsystem zum genetisch bestuntersuchten Tier. Historisch

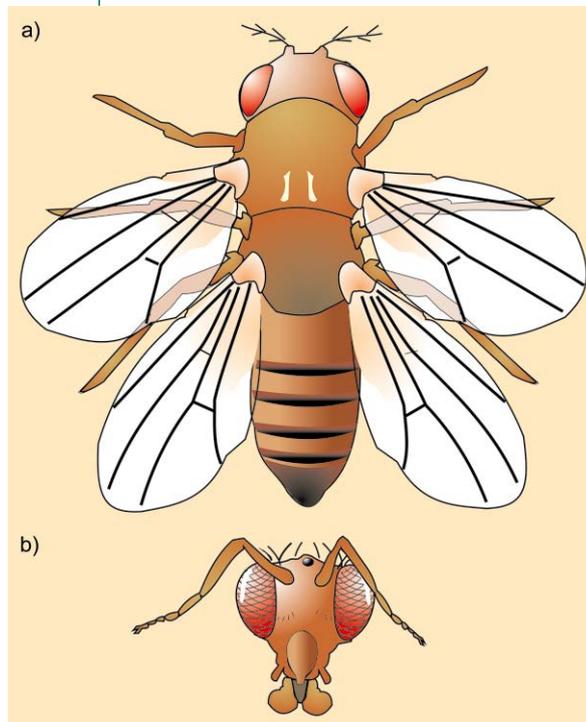
gesehen war der Fokus nicht immer so stark auf wenige Modellsysteme ausgerichtet, und seit kurzem erweitert sich die Zahl an Modellsystemen wieder.

Genetische Modellsysteme: Von der Vielfalt zur Monokultur

In den Anfängen der Genetik der Tiere hatte fast jedes Labor sein eigenes Lieblingsmodellsystem. Mitte des 19. Jahrhunderts untersuchte Johann Dzierzon Bienen und fand, dass ihr Geschlecht davon abhängt, ob sie haploid oder diploid sind. 1933 promovierte Ernst Caspari mit einer Arbeit an Mutanten der Augenfarbe bei der Motte *Ephestia kühniella*, und so genannte ► homeotische Mutationen (Abbildung 1) wurden zu Beginn des zwanzigsten Jahrhunderts bei der Taufliege *Drosophila melanogaster* sowie im Mehlkäfer *Tribolium castaneum* beschrieben. Wie kam es, dass aus dieser ursprünglichen Vielfalt der Modellsysteme die Taufliege zum zentralen genetischen Modellsystem wurde und nicht die anderen?

Bei der Auswahl eines genetischen Modellsystems gibt es drei wichtige Argumente, von denen das erste biologisch ist: Der zu untersuchende Prozess muss bei der Art vorhanden und wenn möglich typisch ausgeprägt sein – zur Untersuchung der Flügelentwicklung könnten im Prinzip also alle geflügelten Insekten dienen. Das zweite Argument ist mehr praktischer Natur: Um im Labor nutzbar zu sein, müssen die Tiere in großen Mengen leicht zu halten sein, sollten sie das ganze Jahr über viele Nachkommen erzeugen und kurze Generationszeiten haben. Zikaden mit einer Generationszeit von 17 Jahren, welche die meiste Zeit als flügellose Larven im Boden verbringen, wären hier also – wie auch viele andere Insekten – nicht besonders gut geeignet. Das dritte Argument ist historisch: Jede Arbeit an einer bestimmten Art generiert Wissen über deren Biologie, aber auch Erfahrung bei der Anwendung von Techniken, und sie führt zum Aufbau und damit Verfügbarkeit von spezifischen Ressourcen wie zum Beispiel Antikörpern, Mutanten oder detaillierten, grundlegenden Beschreibungen. Ein Wissenschaftler, der an dieser Art weiter arbeitet, baut auf diesem Vorwissen und der Erfahrung anderer auf. Dadurch wird er schneller neue Erkenntnisse gewinnen als jemand, der eine bisher wenig erforschte Art zum Untersuchungsobjekt wählt und diese Grundlagen in jahre- oder jahrzehntelangen Arbeiten im neuen Modellsystem erst erarbeiten muss, bevor die eigentlich neue Arbeit beginnt. Aufgrund dieses Synergieeffekts durch Arbeiten vieler Wissenschaftler an einem Modellsystem wurden die genetischen Grundlagen der Flügelentwicklung (und vieles andere) vor allem bei der Taufliege *D. melanogaster* untersucht. In der Morphologie können Techniken vergleichsweise leicht von einer Art auf andere übertragen werden – daher ist hier eine breite Auswahl an Untersuchungsobjekten leicht zu realisieren. Dagegen ist die Etablierung von Techniken und Ressourcen in der funktionellen Genetik sehr aufwändig und kann Jahre dauern, so dass das „historische“ Argument hier besonders schwer wiegt.

ABB. 1 | HOMEOTISCHE TRANSFORMATIONEN



a) Normalerweise haben Dipteren („Zweiflügler“) nur auf dem zweiten Thorakalsegment echte Flügel, während die Flügel auf dem dritten Thorakalsegment zu so genannten Haltern reduziert sind. Bei der hier gezeigten homeotischen Transformation wurde die Identität des dritten Segments umgewandelt, so dass es nun einem zweiten Thorakalsegment gleicht. Daher hat das Tier vier statt zwei voll entwickelte Flügel. b) Hier wurden die Antennen homeotisch in Laufbeine umgewandelt. Abb. mit freundlicher Genehmigung der Autoren und des Springer-Verlages.

IN KÜRZE

- Jahrzehntlang wurde die **Wirkweise von Genen nur in wenigen Tierarten untersucht**, weil die entsprechenden Methoden nur in den klassischen genetischen Modellorganismen Fliege, Maus, Fadenwurm und Zebrafisch zur Verfügung standen.
- Neue Methoden wie Genomsequenzierung, reverse Genetik zum Ausschalten der Genfunktion, Transgenese und Genomeditierung erlauben es nun, **viele weitere Arten zu untersuchen**.
- Dies eröffnet faszinierende Möglichkeiten für Wissenschaftler, die sich für biologische Prozesse interessieren, **die in den klassischen Modellorganismen nicht repräsentiert sind**, oder die die Evolution der Genfunktion verstehen wollen. Zudem können neue Methoden der artspezifischen Schädlingsbekämpfung entwickelt werden.
- Die Etablierung eines neuen genetischen Modellsystems bleibt ein aufwendiges Unterfangen, das Jahre und Jahrzehnte dauern kann und zu dem eine **breite Expertise in vielen verschiedenen Methoden nötig ist**. Der Reismehlkäfer (*Tribolium castaneum*) ist eines der am weitesten entwickelten neuen genetischen Modellsysteme.

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 373 erklärt.

Die Taufliege *D. melanogaster* war ursprünglich also nur eines von vielen möglichen genetischen Modellsystemen. Die mit zwei Wochen sehr kurze Generationszeit und die kleine Zahl an Chromosomen erleichterte aber die Herstellung genetischer Werkzeuge. Da immer mehr Techniken und Wissen in diesem einen Modellsystem erarbeitet wurden, wählten es zunehmend mehr Wissenschaftler und trugen ihrerseits zu Wissen und Methodenvielfalt bei. Dieser selbstverstärkende Prozess führte schließlich dazu, dass *D. melanogaster* als einzige Fliegenart zum bestuntersuchten genetischen Modell der Tiere wurde. Daher lautete noch bis vor kurzem der Rat der Insektengenetiker „Wenn Du Dich für genetische Mechanismen interessierst, dann wähle *D. melanogaster* als Modellsystem – was man dort nicht untersuchen kann, wird nicht untersucht.“

Vor- und Nachteile des Fokus auf wenige Modellsysteme

Indem sich eine starke Wissenschaftlergemeinschaft auf ein Modellsystem fokussiert und Wissen, Ressourcen und Techniken ansammelt und teilt, entsteht eine kraftvolle Synergie. Daher wurden und werden grundlegende neue Erkenntnisse zur Genfunktion zuerst bei *D. melanogaster* gewonnen, und es bleibt ratsam, dieses Modell zu verwenden, wenn es für die Fragestellung möglich ist. Allerdings hat dieser starke Fokus auch mehrere Nachteile. Erstens ist die Taufliege als stark abgeleitete Diptere (Zweiflügler) in vielerlei Hinsicht nicht typisch für Insekten, und daher können die dort gefundenen Paradigmen nur zum Teil als allgemeingültig angesehen werden. Im Gegensatz zu *D. melanogaster* ist zum Beispiel der ►Wnt-Signalweg bei fast allen Tieren (inklusive Vertebraten) für die Bestimmung des posterioren Pols nötig und die Einteilung des Abdomens in Segmente erfolgt bei fast allen Insekten – außer bei *D. melanogaster* – während eines posterioren Längenwachstums. Fast alle Insekten, außer der Fliege, entwickeln während der Embryogenese Hüllen aus extraembryonalem Gewebe und Laufbeine. Während in der Metamorphose bei *D. melanogaster* die gesamte larvale Epidermis durch eine neue ersetzt wird, übernehmen und ergänzen die meisten Insekten die larvale Epidermis lediglich. Auch auf der physiologischen Ebene gibt es wichtige Unterschiede. Zum Beispiel fehlen der Taufliege zwei Schlüsselenzyme für die Prozessierung von Neuropeptiden, die in fast allen Bilateria (bilateralsymmetrischen Tieren) vorhanden sind. Viele der Anpassungen haben vermutlich mit der extrem schnellen Entwicklung und kurzen Generationszeit der Fliege zu tun: Die Fliege ist für Insekten also in etwa so typisch wie ein Formel-1-Wagen für Autos (Abbildung 2). In mancherlei Hinsicht gelten daher andere Arten als typischer für Insektenbiologie – zum Beispiel Käfer.

Der zweite Nachteil ist, dass viele interessante biologische Phänomene in der Taufliege nicht repräsentiert sind, so dass sie dort auch nicht genetisch untersucht werden können. Dies betrifft zum Beispiel die Synthese von Abwehrgiften, soziales Verhalten, Migration über weite Strecken und so weiter. Solange genetische Forschung praktisch auf *D. melanogaster* begrenzt war, konnten diese Prozesse auf der Ebene von Genfunktionen nicht untersucht werden. Ein dritter Nachteil ist, dass man in jeder Spezies evolutive Veränderungen der Genfunktion sowie Duplikationen, Verluste oder Neuentstehung von Genen erwarten kann. Daher ist es sehr wahrscheinlich, dass wichtige Genfunktionen nicht entdeckt werden, wenn man nur eine Art untersucht. Tatsächlich ergab ein groß angelegter Vergleich zwischen Genfunktionen bei *D. melanogaster* und dem Mehlkäfer *Tribolium castaneum*, dass nur etwa die Hälfte der Gene in beiden Spezies eine wichtige Funktion hatte – etwa 40 Prozent hatten diese ausschließlich beim Mehlkäfer [1]. Solange es keine anderen Modellsysteme gab, bei denen man Genfunktion gut

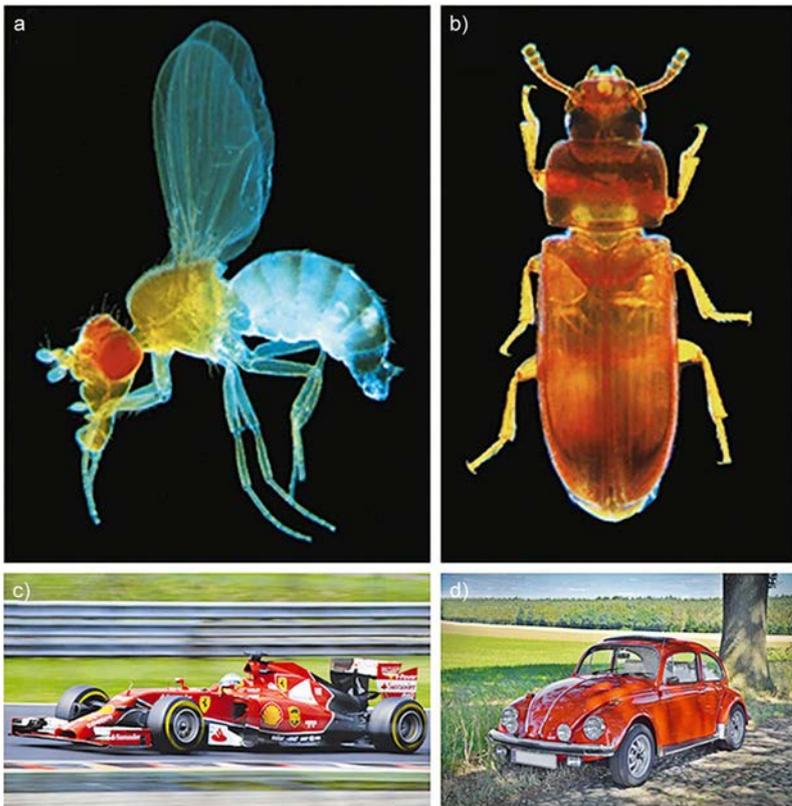


ABB. 2 a) Die Taufliege *Drosophila melanogaster* war lange Zeit das wichtigste Modellsystem der Insektengenetiker. Ein Grund dafür ist, dass sie an eine extrem rasche Fortpflanzung angepasst ist. Allerdings führt dies auch dazu, dass die Taufliege in mehreren Aspekten eine eher untypische Biologie zeigt. b) Inzwischen kann die Funktion von Genen auch in anderen Arten untersucht werden wie zum Beispiel dem Mehlkäfer *Tribolium castaneum*, der in vielen Dingen eine insektypischere Biologie zeigt. In diesem neuen Modellsystem sind Transgenese sowie Genomeditierung etabliert, und es wurde ein genomweiter RNAi-Screen durchgeführt. Dieses und andere neue Modellsysteme erweitern die Möglichkeit, wissenschaftlichen Fragestellungen nachzugehen. Die Taufliege *Drosophila melanogaster* ist als stark abgeleitetes Insekt für Autos in etwa so typisch wie ein Formel-1-Wagen (c). Käfer wie der Mehlkäfer *Tribolium castaneum* repräsentieren die Gruppe der Insekten besser, so wie ein VW-Käfer (d) für die Gruppe der Autos typischer ist als ein Formel-1-Wagen (c). Fotos: a) Ádám Urvölgyi, b) bernswaelz, beide auf www.pixabay.com.

ABB. 3 | iBEETLE-DATENBANK

The screenshot displays the iBeetle-Base website interface. At the top, it reads "iBeetle-Base A database of Tribolium RNAi phenotypes". Below the navigation bar, the "Gene information" section is expanded to show details for gene TC007492. The "General information" section lists the Tc number (TC007492) and the gene name (giant). The "Sequence information" section provides links to mRNA, CDS, and protein sequences. The "Ortholog information" section shows the closest fly homolog as *gt - giant (CG7952)*. Below this, the "Gene ontology" section is expanded to show the "iBeetle screen iB_08105". The "Phenotype after pupal injection" section lists several phenotypes: "thorax segment number increased" (penetrance > 80%), "abdomen segment number decreased" (penetrance > 80%), "posterior terminus not present" (penetrance 30% - 50%), and "affected eggs/embryos/larvae" (penetrance > 80%). An image of a Tribolium pupa is shown with asterisks marking the phenotypic changes.

Der erste genomweite RNAi-Screen in einem neuen Modellsystem wurde im Reismehlkäfer *Tribolium castaneum* durchgeführt. Nacheinander wurden die Funktion jedes Gens durch RNAi ausgeschaltet und die Veränderungen während der Entwicklung dokumentiert. In diesem Beispiel aus der iBeetle-Datenbank wurde das Gen *giant* ausgeschaltet, was unter anderem zur Ausbildung von sechs statt drei Beinpaaren führt (siehe Sternchen).

untersuchen konnte, musste die Wissenschaft mangels Alternativen mit diesen Nachteilen leben.

Neue Methoden ermöglichen Untersuchungen der Genfunktion in vielen Modellsystemen

Diese Einschränkung hat sich in den letzten Jahren glücklicherweise stark relativiert. Durch neue Techniken können nun auch viele andere Insektenarten als Modellsysteme für die Untersuchung von Genfunktion dienen. Erstens erlauben es die neuen Sequenzieretechniken, Genome mit vergleichsweise geringem Aufwand zu analysieren und damit das Genrepertoire zu bestimmen [2]. Zu-

dem kann man mit ihrer Hilfe untersuchen, welche Gene in welchen Geweben oder Zellen aktiv sind. Zweitens ermöglicht eine revers-genetische Methode, die so genannte ▶ RNA-Interferenz (RNAi), die Genfunktion auszuschalten, ohne dass komplexe genetische Werkzeuge oder die aufwendige Generierung von genetischen Mutanten nötig wären [3]. In Göttingen und Erlangen wurde sogar ein genomweiter RNAi-Screen durchgeführt, bei dem die Gene des Mehlkäfers eines nach dem anderen ausgeschaltet wurden. Darauf basierend wurde eine Datenbank mit Informationen zu den meisten Genen aufgebaut (*iBeetle*-Projekt, Abbildung 3) [4, 5]. Damit ist der Mehlkäfer sicher

eines der am weitesten entwickelten neuen genetischen Modellsysteme. Drittens wurden Genfähren entwickelt, die in fast allen Arten funktionieren, so dass auch transgene Ansätze inzwischen weiter verbreitet sind [6]. Viertens erlauben die kürzlich entdeckten Methoden zur Genomeditierung revolutionäre neue Ansätze in vielen Arten [7, 8]. Mit dieser Methode ist es nun möglich, in vielen Tieren Mutationen gezielt einzuführen, bestimmte Zelltypen fluoreszent zu markieren, genomische Inversionen herzustellen und vieles mehr.

Da all diese Methoden unabhängig von der Spezies (auch außerhalb der Insekten) funktionieren, steht theoretisch der funktionell-genetischen Untersuchung anderer Modellsysteme nichts im Wege. Leider bleiben bedeutende praktische Hürden bestehen, die dies verhindern: Kann die Spezies im Labor gehalten werden? Kann man frisch gelegte Eier oder frühe Embryonen im Ein- bis Zwei-Zellstadium effektiv sammeln? Dass es für viele Methoden nötig ist, Substanzen in die Zelle injizieren zu können, ist eine der größten Hürden: Ist es möglich, Substanzen in die Zellen früher Embryonen zu injizieren und überleben die Embryonen dies? Trotz vieler praktischer Hürden gibt es eine wachsende Wissenschaftlergemeinschaft, die in allen möglichen Modellsystemen unterschiedliche biologische Phänomene untersucht. Der Rat an junge Wissenschaftler hat sich also geändert. Er lautet nun: „Wenn Du einen biologischen Prozess bei Insekten genetisch untersuchen willst, dann wähle *D. melanogaster* als Modellsystem. Wenn du das dort nicht untersuchen kannst, dann suche und etabliere Dir ein passendes neues Modellsystem.“

Neue Fragen für die Wissenschaft

Diese methodische Weiterentwicklung erweitert die Vielfalt an wissenschaftlichen Fragen, die man auf Ebene der Genfunktion klären kann. Und so sind viele dieser Untersuchungen evolutionär motiviert: Man kennt die Funktion von Genen in der Taufliege – aber was hat sich an der Funktion dieser Gene in anderen Tieren verändert, dass sich zum Beispiel Gehirne oder andere Organe unterschiedlich entwickeln? Wie stark unterscheiden sich homologe Zellen auf genetischer und morphologischer Ebene? Eine besonders relevante Forschungsrichtung bezieht sich auf arttypische Prozesse, deren genetische Basis vorher nicht untersucht werden konnte – wie zum Beispiel die erstaunliche Trockenheitsresistenz und die harte Kutikula von Mehlkäfern, das soziale Verhalten von Hymenopteren, die Navigation von Monarchfaltern oder Mistkäfern, die Entwicklung und Funktion der extraembryonalen Membranen, die Physiologie von Abwehrdrüsen oder die insektypische Metamorphose und vieles mehr. Schließlich werden nun auch Gene untersucht, die bei den meisten Insekten und oft sogar bei Vertebraten konserviert sind, die *D. melanogaster* aber verloren hat. So wurde auf diese Art zum Beispiel ein Rezeptor für Erythropoietin-ähnliche Signalmoleküle gefunden [9], und die Funktion

von hochkonservierten Enzymen der Prozessierung von Neuropeptiden wird derzeit untersucht [10].

Neue Methoden zur artspezifischen Schädlingsbekämpfung

Die neuen Methoden eröffnen auch neue Möglichkeiten der artspezifischen Schädlingsbekämpfung. Ein Beispiel ist die Sterile-Insekten-Technik (SIT). Hier werden sterilisierte Männchen in großen Mengen freigelassen, so dass viele Weibchen des Schädlings zwar begattet werden, aber keine Nachkommen haben [11]. Da die Männchen nur Weibchen der eigenen Art begatten, ist diese Methode artspezifisch. Bei der Mittelmeerfruchtfliege (*Ceratitis capitata*, Abbildung 4) funktioniert dieses System seit Jahren sehr gut, jedoch hat es auch Nachteile: Die mit Radioaktivität sterilisierten Männchen können sich im Feld gegenüber den Wildtypmännchen nicht gut durchsetzen, und die Hälfte der gezüchteten Tiere (die Weibchen) müssen vor der Ausbringung aussortiert werden. ▶ Transgene Methoden können dazu genutzt werden, diese Aspekte effizienter zu gestalten [12]. Zudem zeigte sich, dass die Übertragung der Methode auf andere Insekten extrem schwierig blieb, solange man auf klassische Methoden wie Zufallsmutationen angewiesen war. Mittels Genomeditierung und transgenen Methoden kann SIT nun auch auf andere Insektenarten übertragen werden. Natürlich braucht es für die Anwendung dieser Methode die gesellschaftliche Akzeptanz für die Freisetzung von transgenen Tieren. Eine interessante Alternative ist es, die entsprechenden Genveränderungen, die bei *Ceratitis capitata* durch klassische Züchtung entstanden sind, durch Genomeditierung gezielt in anderen Tieren nachzubauen. Bei dieser Vorgehensweise tragen die freigesetzten Tiere kein Transgen, und die Änderungen hätten auch natürlich passieren können.



ABB. 4 Die Mittelmeerfruchtfliege (*Ceratitis capitata*) gehört zu den Bohrflieden und ist ein gefürchteter Schädling im Obst- und Gemüseanbau. Ihre Population wird unter anderem durch die Sterile-Insekten-Technik kontrolliert. Foto: Scott Bauer (US Department for Agriculture).

GLOSSAR

Gene Drive: Bei der normalen Vererbung eines diploiden Organismus nach Mendel hat jeder DNA-Abschnitt eine 50%ige Wahrscheinlichkeit, in die nächste Generation zu gelangen. Bei Gene-Drive-Systemen ist diese Wahrscheinlichkeit für ein genetisches Element erhöht und kann 100% erreichen, d. h. alle Nachkommen erben dieses Element. Dadurch setzt es sich im Laufe der Generationen durch und wird schließlich in allen Tieren einer Population homozygot zu finden sein. Neben den schon länger bekannten natürlichen Gene-Drive-Systemen werden auch künstliche Systeme für die Schädlingsbekämpfung oder Vektorkontrolle entwickelt. So könnte z. B. die Anopheles-Mücke mit Hilfe von Gene Drive so verändert werden, dass sie kein Malaria mehr übertragen kann.

Genetische Modellsysteme: Genetische Methoden sind sehr aufwändig in der Entwicklung und profitieren von kurzen Generationszeiten der Versuchstiere. Um den Aufwand der Methodenentwicklung klein zu halten, arbeiten viele Forscher daher mit den gleichen Arten und nutzen sie als genetische Modellsysteme.

Genomeditierung: Manche Bakterien besitzen einen Abwehrmechanismus gegen Viren, bei dem die virale DNA an einer bestimmten Stelle geschnitten und dadurch zerstört wird. Dieses so genannte CRISPR/Cas9-System kann experimentell auch in Tierzellen eingebracht werden, wo es die DNA im Zellkern schneiden kann. Dabei erfolgt der Schnitt an einer Stelle, die man selbst bestimmen kann, indem man eine sogenannte Leit-RNA mit der entsprechenden Sequenz erstellt. Die Leit-RNA führt dann die Nuklease spezifisch zum Zielort.

Homeotische Mutation: Sogenannte homeotische Selektorgene sind Gene, die in verschiedenen Abschnitten entlang der Längsachse eines Tiers aktiv sind und den entsprechenden Geweben eine Identität geben. Zum Beispiel gibt es homeotische Selektorgene, die für die Identität des zweiten Thoraxsegments zuständig sind, während andere das dritte Thoraxsegment spezifizieren. Für diese Aufgabe aktivieren diese Gene

hunderte von unterschiedlichen Zielgenen. Wenn nun eines dieser homeotischen Selektorgene mutiert ist, dann nehmen die entsprechenden Zellen eine andere Identität an. Wenn zum Beispiel in der Fruchtfliege das abdominale Selektorgen Ultrathorax mutiert ist, dann nimmt das dritte thorakale Segment die Identität des zweiten Segments an. Statt der Halteren im dritten Thoraxsegment hat die Diptere dann vier voll ausgebildete Flügel (Abbildung 1).

RNA-Interferenz (RNAi): RNAi ist ein sehr alter zellulärer Abwehrprozess gegen Viren und andere mobile genetische Elemente wie Transposons. Wenn die Zelle virale doppelsträngige RNA (dsRNA) erkennt, wird diese klein geschnitten und dazu verwendet, virale RNAs zu finden und zu zerstören. Wenn man experimentell dsRNA mit der Sequenz eines Insektengens in die entsprechenden Insekten einbringt, wird in deren Zellen die mRNA dieses Gens zerstört. Die Funktion eines Gens kann so ausgeschaltet werden, ohne dass es nötig ist, eine Mutation einzuführen.

Transgene Methoden: Methoden, die es erlauben, fremde DNA in das Erbgut einzuschleusen. Oft werden dazu Viren oder Transposons verwendet. Seit kurzem kommt auch die Genomeditierung zum Einsatz.

Untersuchung der Genfunktion: Wenn man ein Gen ausschaltet (z. B. durch Mutation), dann läuft der betroffene biologische Prozess nicht richtig ab. An dem, was dem Tier dann äußerlich oder physiologisch fehlt, kann man erkennen, welche Funktion das Gen hatte.

Wnt-Signalweg: Bei diesem Signalweg setzen manche Zellen Signalmoleküle frei, die so genannten Wnt-Proteine. Nach der aktiven Sekretion diffundieren diese außerhalb der Zelle und binden an Rezeptoren auf der Oberfläche anderer Zellen. Durch diese Bindung setzen sie in der Zielzelle eine Signalkaskade in Gang, die letztlich zu veränderter Genexpression in der Zielzelle führt. Der Wnt-Signalweg ist an vielen entwicklungsbiologischen Prozessen beteiligt.

In einem anderen Ansatz wird das natürliche Phänomen des Gene Drive kopiert, um Schädlinge zu bekämpfen [13]. Eine solche genetische Veränderung setzt sich in einer Population durch und kann zum Beispiel dazu genutzt werden, Schädlinge auszurotten oder genetisch so zu verändern, dass sie keinen Schaden mehr anrichten. Zum Beispiel wird diskutiert, die *Anopheles*-Mücke so zu verändern, dass sie den Malariaerreger nicht mehr übertragen kann [14]. Da bei Gene Drive die genetischen Veränderungen dauerhaft in die Populationen eingehen, müssen vor der Anwendung zusätzliche Fragen zur biologischen Sicherheit beantwortet werden. Potenziell könnte diese Methode aber helfen, verheerende Krankheiten auszurotten.

Eine alternative Möglichkeit der artspezifischen Schädlingsbekämpfung ist die RNAi-Methode. Mit RNAi kann man die Funktion von Genen ausschalten, indem man doppelsträngige RNA (dsRNA) in den Organismus einbringt. In der Schädlingsbekämpfung sprüht man dsRNA mit der Sequenz eines fürs Überleben wichtigen Gens eines Schädlings auf die Felder. Sobald der Schädling die Blätter mit

der dsRNA frisst, schaltet diese das überlebenswichtige Gen ab und der Schädling stirbt [15]. Da dsRNA ein rein biologisches Molekül ist, und die Sequenz so gewählt werden kann, dass nur ein Gen eines Schädlings getroffen wird, ist dies eine biologisch sichere und artspezifische Methode der Schädlingsbekämpfung. Allerdings ist die rasche natürliche Zersetzung der Substanz gleichzeitig ein Nachteil, weil dadurch öfter gesprüht werden muss. Eine Alternative sind transgene Pflanzen, die dsRNA selbst produzieren. Noch ist die Herstellung der dsRNA relativ teuer, und der tödliche Effekt tritt langsamer ein als bei klassischen Insektiziden. Umso wichtiger ist es, für den jeweiligen Schädling die besten Zielgene zu identifizieren, wozu wiederum die neuen Methoden zur Untersuchung der Genfunktion zum Einsatz kommen müssen [16, 17].

Auch wenn noch unklar ist, ob und welche Methoden im großen Stil eingesetzt werden – vor zwei Jahrzehnten gab es diese Optionen noch gar nicht und zunehmende Resistenzen gegen chemische Insektizide erhöhen den Druck, neue Wirkmechanismen zu entwickeln.

WIE SICH DER RAT AN INSEKTENGENETIKER GEÄNDERT HAT



Früher: „Für genetische Fragen wähle *D. melanogaster* als Modellsystem – was man dort nicht untersuchen kann, wird nicht genetisch untersucht.“



Jetzt: „Wähle *D. melanogaster*, wenn das möglich ist. Wenn nicht, dann etabliere ein passendes neues Modellsystem.“

Ausblick

Die neuen Methoden zur Untersuchung von Genfunktionen erweitern das Spektrum von Modellsystemen, die untersucht und damit auch die Fragen, die gestellt werden können. Allerdings sind die praktischen Hürden weiterhin hoch, so dass die Etablierung eines neuen Modellsystems ein aufwendiges Unterfangen ist, das nicht leichtfertig angegangen werden sollte. Zudem bleibt die Zahl an Wissenschaftlern, die an einem bestimmten neuen Modellsystem arbeiten, klein im Vergleich zu der riesigen Gemeinschaft von *D. melanogaster*-Forschern. Daher gibt es weniger Arbeitsteilung und Synergie und die Wissenschaftler müssen daher methodisch besonders interdisziplinär ausgebildet werden. Wegen der langen Geschichte, dem riesigen Wissensschatz und den großen Ressourcen, die sich über die Zeit angesammelt haben, wird die Taufliege das Hauptmodellsystem der Genfunktionsforschung bleiben. Komplementär dazu machen aber die zusätzlichen Modellsysteme weitere interessante biologische Phänomene untersuchbar, und die Methoden, die dazu entwickelt werden, inspirieren moderne Methoden der Schädlingsbekämpfung.

Zusammenfassung

*Historisch gesehen wurden viele verschiedene Tiere als genetische Modellsysteme verwendet. Später jedoch konzentrierten sich die Bemühungen auf einige wenige Tierarten, wie z. B. die Fruchtfliege *Drosophila melanogaster* innerhalb der Insekten. Ein Grund dafür sind praktische Erwägungen wie das Vorhandensein von kurzen Generationszeiten, ganzjähriger Nachkommenschaft und einfacher Haltung. Außerdem führt die gemeinsame Nutzung von Wissen, Techniken und Ressourcen, die in einer Spezies gewonnen wurden, zu starken Synergien. Dies gilt insbesondere für Techniken zur Untersuchung von Genfunktionen, die meist schwer zu etablieren sind. Neue Technologien ermöglichen es nun, die Genfunktion auch bei anderen Arten zu untersuchen, was neue Möglichkeiten in der Wissenschaft und der ökologischen Schädlingsbekämpfung eröffnet. Evolutionäre Fragen zur Genfunktion können gestellt werden, biologische Prozesse, die in der Fruchtfliege nicht*

*vertreten sind, können erforscht werden, und Gene, die in den meisten Tieren vorkommen, die *D. melanogaster* aber verloren hat, können untersucht werden. Auf diesem Weg eröffnen die neuen Techniken auch den Weg für neue Methoden der artsspezifischen Schädlingsbekämpfung wie die Sterile-Insekten-Technik, Gene Drive und RNAi.*

Summary

A new era in the study of gene functions

*Historically, many different animals were used as genetic model systems, but later, efforts focused on very few animal taxa, such as the fruit fly *Drosophila melanogaster* among insects. This is due to practical considerations such as the existence of a short generation time, the availability of offspring all year round, and the easy, uncomplicated keeping. Furthermore, the joint sharing of knowledge, techniques, and resources gained in one species lead to strong synergies. This is especially true of techniques for gene function studies, which are usually difficult to establish. Now, new technologies allow studying gene function in other species, too, opening up new opportunities in science and ecological pest control. Evolutionary questions on gene function can be asked, biological processes not found in the fruit fly can be studied, and genes present in most animals, but lost in *D. melanogaster* can be examined. Thus, the new techniques open the way to new methods of species-specific pest control like the sterile insect technique, gene drive and RNAi.*

Schlagworte:

Genetische Modellsysteme, Genomeditierung, RNA-Interferenz, Schädlingsbekämpfung.

Literatur

- [1] M. S. Hakeemi et al. (2021). Large portion of essential genes is missed by screening either fly or beetle indicating unexpected diversity of insect gene function, <https://doi.org/10.1101/2021.02.03.429118>
- [2] E. L. van Dijk et al. (2018). The Third Revolution in Sequencing Technology. *Trends Genet TIG* 34, 666–681.
- [3] A. Fire et al. (1998). Potent and specific genetic interference by double-stranded RNA in *Caenorhabditis elegans*. *Nature* 391, 806–811.
- [4] C. Schmitt-Engel et al. (2015). The iBeetle large-scale RNAi screen reveals gene functions for insect development and physiology. *Nat Commun* 6, <https://doi.org/10.1038/ncomms8822>
- [5] J. Dönitz et al. (2015). Beetle-Base: a database for RNAi phenotypes in the red flour beetle *Tribolium castaneum*. *Nucleic Acids Res* 43, D720–725.
- [6] A. J. Berghammer et al. (1999). A universal marker for transgenic insects. *Nature* 402, 370–371.
- [7] A. F. Gilles et al. (2014). Functional genetics for all: engineered nucleases, CRISPR and the gene editing revolution. *EvoDevo* 5, 43.
- [8] M. Jinek et al. (2012). Programmable Dual-RNA-Guided DNA Endonuclease in Adaptive Bacterial Immunity. *Science* 337, 816–821.
- [9] N. Hahn et al. (2017). The Insect Ortholog of the Human Orphan Cytokine Receptor CRLF3 Is a Neuroprotective Erythropoietin Receptor. *Front Mol Neurosci* 10, <https://doi.org/10.3389/fnmol.2017.00223>

- [10] S. Fritzsche, V. S. Hunnekuhl (2021). Cell-specific expression and individual function of prohormone convertase PC1/3 in *Tribolium* larval growth highlights major evolutionary changes between beetle and fly neuroendocrine systems. *Evodevo*. 12, 9.
- [11] E. F. Knipling (1955). Possibilities of Insect Control or Eradication Through the Use of Sexually Sterile Males. *J Econ Entomol* 48, 459–462.
- [12] M. F. Schetelig et al. (2009). Conditional embryonic lethality to improve the sterile insect technique in *Ceratitis capitata* (Diptera: Tephritidae). *BMC Biol* 7, 4.
- [13] B. A. Hay et al. (2021) Engineering the Composition and Fate of Wild Populations with Gene Drive. *Annu Rev Entomol* 66, 407–434.
- [14] S. James et al. (2018) Pathway to Deployment of Gene Drive Mosquitoes as a Potential Biocontrol Tool for Elimination of Malaria in Sub-Saharan Africa: Recommendations of a Scientific Working Group. *Am J Trop Med Hyg* 98, 6_Suppl, 1–49.
- [15] J. A. Baum et al. (2007) Control of coleopteran insect pests through RNA interference. *Nat Biotechnol* 25, 1322–1326.
- [16] S. Mehlhorn et al. (2021) The mustard leaf beetle, *Phaedon cochleariae*, as a screening model for exogenous RNAi-based control of coleopteran pests. *Pestic Biochem Physiol*, 104870.
- [17] J. Ulrich et al. (2015). Large scale RNAi screen in *Tribolium* reveals novel target genes for pest control and the proteasome as prime target. *BMC Genomics*, 16, <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1880-y>

Verfasst von:



Gregor Bucher studierte Zoologie und Entwicklungs-genetik an der Ludwig-Maximilians-Universität München (1997). In seiner Promotion (LMU, München) untersuchte er die Funktion von Musterbildungsgenen im Reismehlkäfer *Tribolium castaneum* und entdeckte die parentale RNAi (1998–2002). Nach zwei Jahren Kinderbetreuung und Tätigkeit als wissenschaftlicher Autor setzte er seine Karriere in Göttingen fort (2004), wo er seine unabhängige Gruppe aufbaute. 2013 wurde er mit einer DFG-Heisenberg-Professur ausgezeichnet und ist seit 2017 Professor an der Georg-August-Universität Göttingen. Er beschäftigt sich mit den genetischen Grundlagen der Entwicklung und Evolution von Kopf und Gehirn von Insekten. Außerdem hat seine Gruppe eine Reihe von transgenen Werkzeugen für *Tribolium* entwickelt. Er initiierte und leitete den ersten genomweiten RNAi-Screen bei einem Insekt außerhalb von *Drosophila* (DFG-Forschergruppe FOR1234 „iBeetle“) mit dem Ziel, den bis dahin dominierenden Kandidatengen-Ansatz zu überwinden. Er ist Gutachter für Fachzeitschriften in den Bereichen Genetik, Evolution, Entwicklungsbiologie und Entomologie sowie für eine Reihe von nationalen und internationalen Förderorganisationen. Derzeit ist er Vorstandsmitglied der Deutschen Zoologischen Gesellschaft und Fachkollegiat der DFG im Bereich Zoologie.

Korrespondenz:

Prof. Dr. Gregor Bucher
Georg-August-Universität Göttingen
Johann-Friedrich-Blumenbach Institut für Zoologie
und Anthropologie
Justus-von-Liebig-Weg 11
37077 Göttingen
Email: Gbucher1@uni-goettingen.de

BIOÖKONOMIE FÜR MINT-INTERESSIERTE JUGENDLICHE



#MINTmagie, die Kommunikationsoffensive des BMBF richtet sich an 10- bis 16-jährige und will Lust machen auf MINT-Inhalte. Unter dem Hashtag #MINTmagie ist die Kommunikationsoffensive in den sozialen Medien präsent, etwa auf YouTube. Der Animations-Clip „Klimaschutz zum Anziehen“ zeigt, an welchen innovativen Lösungen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler weltweit arbeiten, um biologische Ressourcen wie Pflanzen oder Mikroorganismen für die Herstellung von Produkten zu nutzen. Dazu gehören nicht nur Textilien aus Spinnenseide, biologisch abbaubare Sneaker, ein T-Shirt aus Holz und eine Handtasche aus veganem Apfelleder, sondern auch Möbel aus Popcorn, Eis aus Lupinen oder Burgerpattys aus Insekten. Ein Einstieg in die Bioökonomie in unter zwei Minuten – reinschauen lohnt sich!

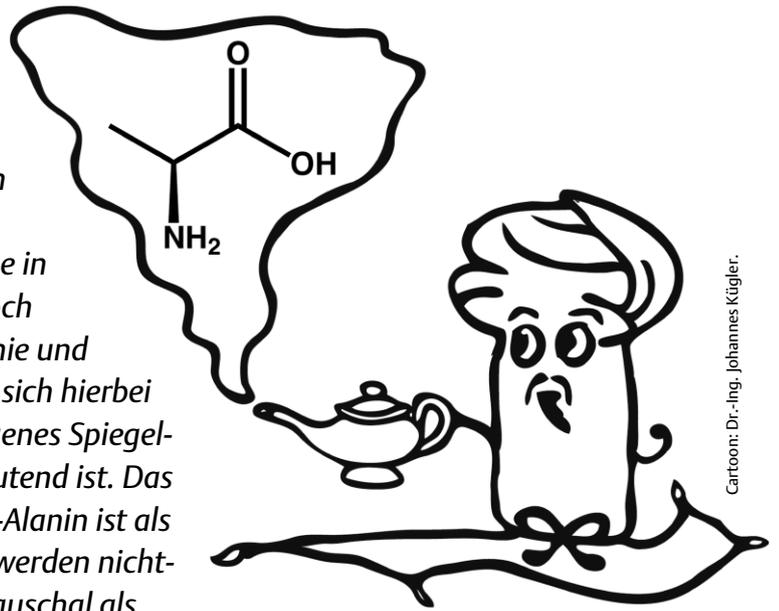
Das Video findet sich hier: www.youtube.com/watch?v=Bs2dRG7QiwM

Vorkommen, Nutzung und Produktion nicht-kanonischer Aminosäuren

Alanins Wunderlampe

JENS RUDAT | ULRIKE ENGEL

Proteine bestehen aus Aminosäuren. Alanin ist die zweithäufigste proteinogene Aminosäure (nach Leucin) und strukturell die zweiteinfachste (siehe Aufmacher). Zudem wird angenommen, dass Alanin eine der ältesten Aminosäuren in der Evolution des Lebens ist, die als Baustein für die Proteinbiosynthese in den genetischen Code aufgenommen wurde. Dennoch bleibt es vielen Studierenden außerhalb der Biochemie und vielleicht noch der Mikrobiologie verborgen, dass es sich hierbei explizit um L-Alanin handelt, dessen nicht-proteinogenes Spiegelbild D-Alanin für Bakterien mindestens ebenso bedeutend ist. Das ebenfalls nicht-proteinogene Konstitutionsisomer β -Alanin ist als Bestandteil des Coenzym A gar ubiquitär. Dennoch werden nicht-proteinogene Aminosäuren in vielen Lehrbüchern pauschal als „unnatürlich“ bezeichnet. Dabei finden sich in allen bekannten Lebensformen zahlreiche Varianten in Naturstoffen mit unterschiedlichster Funktion, wobei oft gerade die fein abgestimmte Mischung aus „ähnlich, aber eben doch ein bisschen anders“ die jeweilige Aufgabe in der Zelle ausmacht. Dies ist auch für die Medikamentenentwicklung von großer Bedeutung.



Cartoon: Dr.-Ing. Johannes Kügler.

Ohne Proteine – abgeleitet vom griechischen *proteios* = erstrangig – keine Enzyme, damit auch kein Stoffwechsel, keine Strukturen innerhalb der Zellen, kein gezielter Transport, keine Bewegung, (Immun-)Abwehr oder Regulation! Auch die Informationsträger der Biologie – DNA und die zahlreichen RNA-Varianten – werden von nicht wenigen Wissenschaftlern auf dem Gebiet der präbiotischen Evolution als Weiterentwicklung ursprünglicher Peptidnucleinsäuren (► PNA) angesehen. Entsprechende Theorien, aber auch zahlreiche experimentelle Befunde hierzu gelangen insbesondere dem Vater der präbiotischen Chemie Stanley Miller (Miller-Experiment), der neben dem Peptidgerüst als Vorläufer des heutigen (Desoxy-)Riboserückgrats auch ► Hydantoine (s. u.) bzw. Hydantoinsäure als mögliche Basis der Pyrimidinbasen erkannte. Diese wiederum können wahrscheinlich als PNA-Bestandteil Wasserstoffbrücken mit Purinbasen heutiger DNA-/RNA-Stränge ausbilden sowie selbst aus ► N-Carba-

moylaminosäuren gebildet werden [1]. Proteine und Aminosäuren sind daher auch im evolutionsgeschichtlichen Sinne als „erstrangig“ anzusehen.

In den Zellen aller bekannten Lebensformen werden Proteine anhand eines genetischen Bauplans an Ribosomen synthetisiert. In ca. 3,8 Milliarden Jahren Evolution des Lebens haben sich lediglich 22 Aminosäuren herauskristallisiert, deren Anlieferung und Verknüpfung zu Proteinen in den Zellen aller bekannten Lebensformen durch spezifische tRNAs ermöglicht wird, und die deshalb das Gros der natürlich vorkommenden Aminosäuren ausmachen. Für zwei davon – Pyrrolysin (Pyl), das in Enzymen des Methanstoffwechsels eine Rolle spielt, sowie Selenocystein (Sec) – sind spezielle Sekundärstrukturen im Proteinbauplan (mRNA) erforderlich, die zur Umwidmung eines Stopcodons führen (siehe Ausblick). Der Einbau der anderen 20 proteinogenen Standardaminosäuren ist durch den genetischen Code eindeutig vorgeschrieben, gleich-

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 385 erklärt.

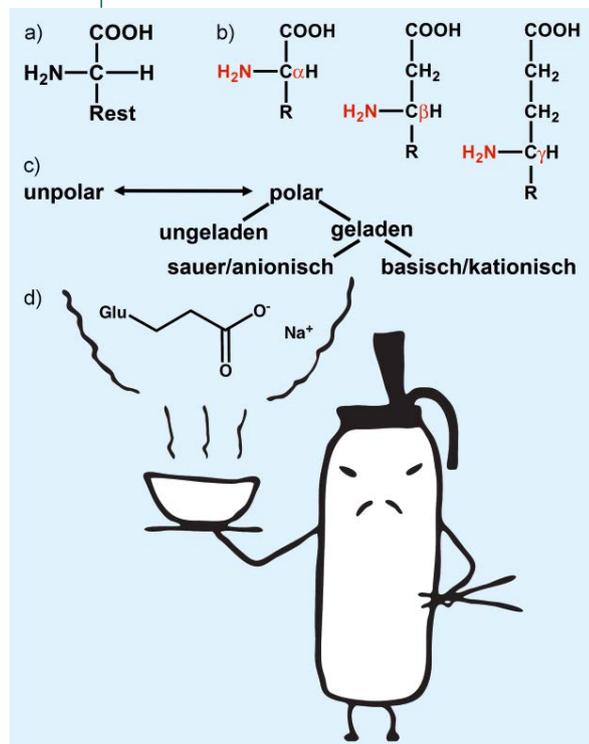
wohl nicht jedes Codon in allen Organismen verwendet wird (was sich ebenfalls nutzen lässt, vgl. wiederum den Ausblick am Ende des Artikels). Man spricht hier auch von *kanonischen* Aminosäuren (quasi „Aminosäuren von der Stange“ von griech. *kanón* = Rohrstab, Stange) oder auch von „proteinogenen“ Aminosäuren.

Die ► Alanin-Welt-Hypothese erklärt, warum die Natur nur diese 20 kanonischen Aminosäuren für die ribosomale Proteinsynthese ausgewählt hat [2]. Die meisten von ihnen sind Alaninderivate, die sich zum Aufbau der heute häufigsten Sekundärstrukturen von Proteinen eignen: den stabilen α -Helices und den β -Faltblättern, wobei α und β nichts mit der Konfiguration der Aminogruppe zu tun haben, sondern lediglich die zeitliche Reihenfolge der Entdeckung dieser Strukturen dokumentieren. Als experimenteller Beleg dieser Hypothese gilt das Alaninscanning: Hierbei werden gezielt Aminosäuren eines Proteins gegen Alanin ausgetauscht, wobei in der Regel die Sekundärstrukturen erhalten bleiben. Kommt es trotzdem zu einer massiven Strukturänderung und/oder einem Verlust der Proteinfunktion (z. B. der katalytischen Aktivität, falls es sich um ein Enzym handelt), hat man eine für dieses Protein essentielle Aminosäure detektiert.

Aminosäuren – Bausteine des Lebens, aber auch Werkzeuge von SARS-CoV-2

Korrekt müssten die in gängigen Lehrbüchern als Aminosäuren bezeichneten Moleküle α -Aminocarbonsäuren heißen: Die Carboxylgruppe am Beginn der Kohlenstoffkette bestimmt die Klassifikation als Säure, am angrenzenden C_2 -Atom – historisch α -C-Atom oder einfach C_α – befindet sich eine Aminogruppe (Abbildung 1a). Ist die Aminogruppe weiter von der Carboxylgruppe entfernt, spricht man von einer β -Aminosäure (β -AS), γ -Aminosäure usw. (Abbildung 1b). Außerdem hängen an diesem C_α noch ein H-Atom sowie der so genannte Rest „R“. Wenn dieser nicht gerade ein weiteres H ist wie bei Glycin, liegen vier unterschiedliche Substituenten am C_α vor und somit ein ► Chiralitätszentrum (Abbildung 2). Neben der Position der Aminogruppe beruhen alle Unterschiede der Aminosäuren auf den chemischen Eigenschaften des Restes, anhand dessen Polarität bzw. Ionisierbarkeit die Aminosäuren klassifiziert werden (Abbildung 1c). Diese Klassifizierung ist von erheblicher Bedeutung bei der gezielten Modifikation von Proteinen, z. B. von industriell genutzten Enzymen: Die Reste sind sowohl für die Wechselwirkungen mit dem Substrat verantwortlich (katalytische Spezifität), als auch für zahlreiche Wechselwirkungen innerhalb des Proteinmoleküls und damit für dessen Stabilität unter gegebenen Reaktionsbedingungen. So kann z. B. der Austausch eines großen unpolaren Restes im aktiven Zentrum gegen einen kleineren (etwa Leucin gegen Alanin) Platz für ein größeres Substrat schaffen, ohne die sonstigen katalytischen Eigenschaften zu verändern. Die Einführung geladener Aminosäuren kann durch ionische Wechselwirkungen zu veränderter Proteinfaltung und modifizierten

ABB. 1 | KLASIFIZIERUNG VON AMINOSÄUREN



a) Allgemeine Struktur einer proteinogenen Aminosäure. b) Klassifizierung von Aminosäuren anhand der Entfernung der Aminogruppe von der Carboxylgruppe. c) Klassifizierung von Aminosäuren anhand der chemischen Eigenschaften ihrer Reste. d) Beileibe nicht nur in der asiatischen Küche beliebt, aber zweifellos Innovationstreiber der asiatischen Vorreiterchaft der Aminosäureproduktion: Der Geschmacksverstärker Mononatriumglutamat als Folgeprodukt der sauren α -L-Aminosäure Glutaminsäure; gezeigt ist der saure, negativ geladene Rest mit Na^+ als Gegenion. Cartoon: Dr.-Ing. Johannes Kügler.

IN KÜRZE

- Da Proteine 50 Prozent der Biotrockenmasse darstellen, sind proteinogene Aminosäuren nach Wasser die **häufigsten Moleküle der belebten Natur**.
- Diese auch als „kanonisch“ bezeichneten Aminosäuren leiten sich wahrscheinlich überwiegend von Alanin ab (**Alanin-Welt-Hypothese**), tragen wie dieses die Aminogruppe am α -Kohlenstoffatom und sind L-konfiguriert.
- Weitaus weniger bekannt und häufig, aber für alle Lebensformen ebenfalls unverzichtbar, sind die **nicht-kanonischen Aminosäuren (nkAS)**: Diese tragen entweder eine ungewöhnliche funktionelle Gruppe, oder die Aminogruppe ist anders positioniert als bei den proteinogenen Aminosäuren.
- nkAS entstehen in speziellen Stoffwechselwegen und sind von der Translation ausgeschlossen; in natürlichen Proteinen findet man sie daher nur als **Ergebnis posttranslationaler Modifikationen**.
- nkAS sind Bestandteil zahlreicher **Naturstoffe und Pharmaprodukte**, im Gegensatz zu proteinogenen Aminosäuren in der Regel nicht durch mikrobielle Fermentation herstellbar und auch chemisch nur bedingt zugänglich.
- **Optimierte Enzyme** ermöglichen einen wirtschaftlichen Zugang zu diesen besonderen Molekülen und damit zu essentiellen Medikamenten wie Amoxicillin.
- Ein allgemeinverständliches **Video über enzymbasierte Verfahren** für die Herstellung von nkAS für semisynthetische Antibiotika ist hier zu sehen: <https://www.youtube.com/watch?v=BSXJbYU3UwM>

Bindungseigenschaften führen. Aktuell hält die Mutation „E484K“ in Varianten des Coronavirus SARS-CoV-2 die Welt in Atem: In den in Südafrika bzw. Brasilien vorherrschenden Varianten B.1.351 (Beta) und P.1 (Gamma) ist im 1273 Aminosäuren umfassenden viralen Spikeprotein an Position 484 die negativ geladene Glutaminsäure (E) gegen ein positiv geladenes Lysin (K) ausgetauscht, was die Bindung von Antikörpern beeinträchtigt [3]. Diese Mutation wurde kürzlich auch in Großbritannien nachgewiesen als Sonderform der B.1.1.7-Variante (Alpha). „Dabei vermutet man, dass die derzeit erhältlichen Impfstoffe gegen diese Variante eine geringere Wirksamkeit aufweisen könnten“ [4].

Industrielle Produktion proteinogener Aminosäuren und die Bedeutung der Chiralität

Aminosäuren erlangen nicht nur im Verbund Bedeutung, sondern erfüllen auch als Einzelmoleküle wichtige Funktionen und bilden eine der bedeutendsten Produktklassen

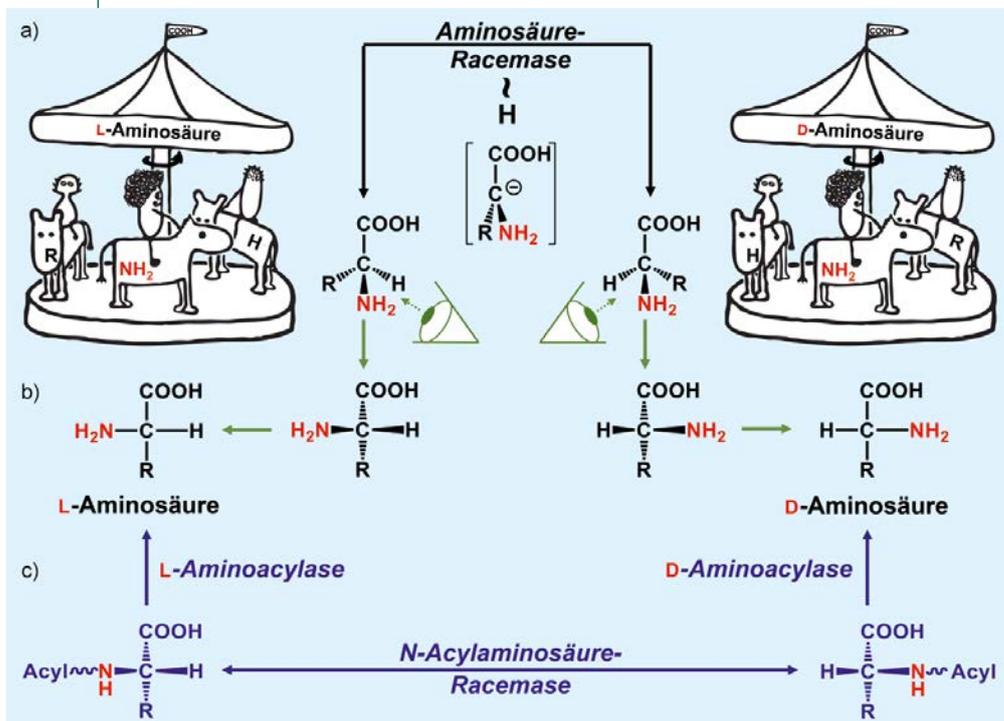
der Biotechnologie. Die bei weitem größten Margen werden durch mikrobielle Fermentation produziert, insbesondere Glutaminsäure (als Geschmacksverstärker Mononatriumglutamat, Abbildung 1d) und Lysin (Viehfutter) mit mehreren Millionen Tonnen pro Jahr. Bereits in den 1950ern wurde in Japan *Corynebacterium glutamicum* als natürlicher Produzent identifiziert und entsprechend benannt. Heute dienen optimierte Stämme dieses „Arbeitspferdes der Biotechnologie“ als Produktionsplattform für zahlreiche Aminosäuren [5, 6].

Hierbei spielt die Stereochemie der Aminosäuren eine wichtige Rolle (vgl. Abbildung 2): Die beiden Enantiomere (Spiegelbildisomere) eines chiralen Moleküls sind wie linke und rechte Hand, die sich nicht zur Deckung bringen lassen (Altgriechisch χείρ (*cheir*) = die Hand). Emil Fischer entwickelte Anfang des 20. Jahrhunderts ein Konzept zur zweidimensionalen Abbildung dreidimensionaler Strukturformeln, das insbesondere für Zucker und Aminosäuren bis heute Bestand hat. Dabei wird das Molekül so als Kette aufgezeichnet, dass das am höchsten oxidierte

Kohlenstoffatom oben steht (bei Aminosäuren ist dies die Carboxylgruppe). Vom darunterliegenden C-Atom (für proteinogene Aminosäuren das Stereozentrum C_α) zeigen nun vertikale Linien hinter die Projektionsebene, horizontale aus ihr heraus (vgl. Abbildung 2b). In dieser Projektion zeigt bei allen proteinogenen Aminosäuren die Aminogruppe nach links: Es sind α-L-Aminosäuren.

Oft findet sich daher in der Literatur der Hinweis, natürliche Aminosäuren seien allesamt L-konfiguriert (lat. *laevus*: links) und D-Aminosäuren (D-AS, lat. *dexter*: rechts) entsprechend „unnatürlich“. Korrekt ist, dass zur Proteinbiosynthese ausschließlich L-Aminosäuren (und das achirale Glycin) angeliefert werden, weshalb Proteine üblicherweise auch nur aus diesen bestehen. Allerdings finden sich verschiedenste nicht-kanonische Aminosäuren (nkAS) in zahlreichen Naturstoffen (Tabelle 1) wie übrigens auch bei Experimenten zur präbiotischen Evolution (s. o.) sowie in extraterrestrischem Material; die Bezeichnung „unnatürlich“ ist daher abwegig. Tatsächlich bilden nkAS nicht selten den Pharmakophor der betreffenden Naturstoffe, weshalb diese Verbindungsklasse seit langem im Fokus der Medikamentenentwicklung steht.

ABB. 2 | CHIRALITÄT VON AMINOSÄUREN



a) L-Aminosäuren lassen sich auch durch noch so langes Drehen nicht mit D-AS zur Deckung bringen. Aminosäure-Racemasen können jedoch die Figuren auf dem Karussell neu arrangieren, indem sie ein H-Atom entfernen und an anderer Stelle wieder anmontieren. b) Zeigt in der Fischer-Projektion die Aminogruppe nach links, spricht man von L-Aminosäuren; zeigt sie nach rechts, von D-Aminosäuren. Das Auge zeigt den Blickwinkel, den man auf das Karussell nehmen muss, um von der dreidimensionalen Strukturdarstellung auf die Fischer-Projektion zu kommen. c) An der Aminogruppe acylierte Aminosäuren (N-Acylaminosäuren) können mittels Aminoacylasen stereoselektiv hydrolysiert werden. Durch Kopplung von N-Acylaminosäureracemase und stereoselektiver Aminoacylase kann aus einem Acylaminosäureracemat die reine Aminosäure mit 100 Prozent Ausbeute gewonnen werden (dynamisch-kinetische Resolution): Hierbei kristallisiert die Aminosäure unter Bedingungen, bei denen die N-Acylaminosäure in Lösung bleibt. Cartoons in a): Dr.-Ing. Johannes Kügler.

TAB 1. NATURSTOFFE MIT BZW. AUS NICHT-KANONISCHEN AMINOSÄUREN (nkAS)

Verbindungsklasse	Verbindung	nkAS (z.T. mehrere)	Wirkung; Anmerkung
Biopolymere	Murein	2,6-Diaminopimelinsäure, D-Alanin, D-Isoglutamin, D-Glutaminsäure	Hauptbestandteil der bakteriellen Zellwand
	Kollagen	L-4-OH-Prolin, L-4-OH-Lysin	Festigkeit in tierischem Bindegewebe
Lipopeptide	Bacillomycine	D-Asparagin, D-Tyrosin, D-Serin	bakterielle Fungizide aus <i>Bacillus subtilis</i>
	Daptomycin	D-Alanin, D-Lysin, D-Asparaginsäure	Tensid; Antibiotikum bei Hautinfektionen
	Surfactin	D-Leucin	Tensid
Lantibiotika	Nisin u. a.	Lanthionin (Addition von Cystein an Dehydroalanin)	Porenbildner (Zellmembran)
Diketopiperazine (zyklische Dipeptide)	Verruculogen	6-Methoxy-Tryptophan	Mykotoxin (<i>Aspergillus</i>)
	Roquefortin C	Dehydrohistidin	Mykotoxin (<i>Penicillium</i>)
	Barettin	6-Bromotryptophan	Schwammtoxin als Fraßschutz (<i>Geodia baretta</i>)
Cyclodepsipeptide	Pacli-/Docetaxel (Taxol/Taxotere®)	2-OH- β -Phenylalanin bzw. Phenylisoserin	Alkaloid der pazifischen Eibe; Chemotherapeutika
	Jaspamid/Chondramid	β -Tyrosin sowie D-2-Bromotryptophan	Abwehrstoff (Fraßschutz) in marinen Schwämmen; auch in Myxobakterien
	Dihydroperiphyllin	(S)- β -Phenylalanin	
	Andrimid	(R)- β -Phenylalanin	
	Astin A–C	(R)- β -Phenylalanin	
Giftstoffe		Ibotensäure	Mykotoxin (Fliegenpilz)
		Hypoglycin	Toxin in unreifen Litschi
		Azetidin-2-carbonsäure	Toxin in Maiglöckchen
		β -N-Methylamino-Alanin	Neurotoxin in Cyanobakterien
Freie nkAS auch im Menschen		L-Thyroxin	Schilddrüsenhormon
		β -Alanin	Endprodukt des Pyrimidinabbaus; Baustein für Coenzym A
		γ -Aminobuttersäure (GABA)	Neurotransmitter

Nicht-kanonische Aminosäuren (nkAS) – Bausteine der Pharmaindustrie

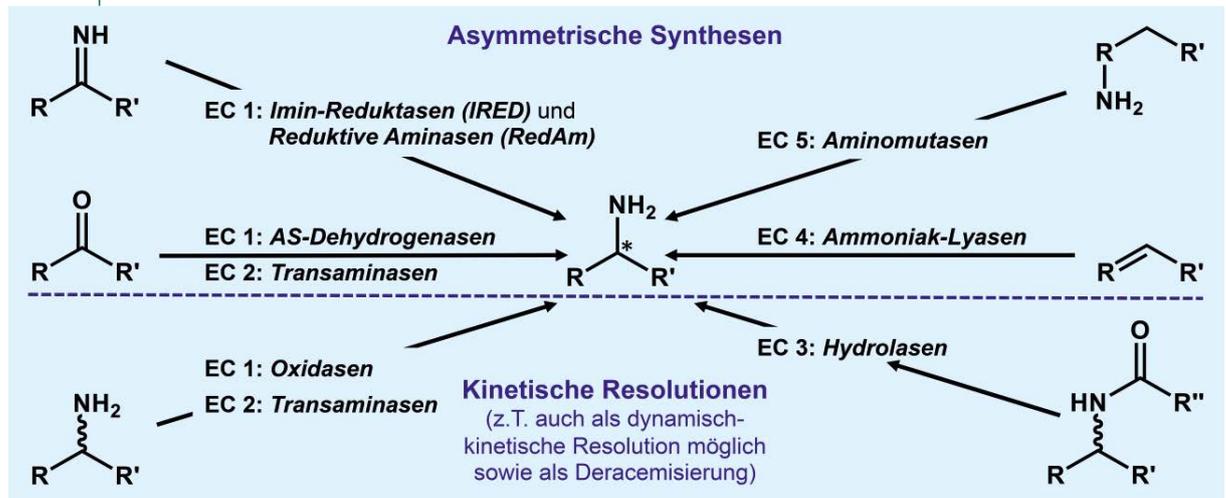
Rund 40 Prozent der auf dem Markt befindlichen Medikamente tragen mindestens eine chirale Aminogruppe, bei den Neuzulassungen niedermolekularer Pharmaka sind es sogar 90 Prozent [7]. Die hohen Reinheitsanforderungen für Pharmaka haben zur Entwicklung zahlreicher enzymatischer Verfahren zur Synthese enantiomerenreiner Amine geführt. Die Herstellung erfolgt dabei oft auf Basis einer nkAS (Tabelle 2), zum einen aus chemisch-verfahrenstechnischen Gründen: Aminosäuren lassen sich oft gut kristallisieren und dadurch einfacher als viele Amine in hoher Reinheit und Stabilität gewinnen (vgl. Legende von Abbildung 2). Durch Verknüpfung der Carboxylgruppe als Ester oder Amid ist zudem der Einbau einer Aminosäure in größere Strukturen vergleichsweise unkompliziert. Darüber hinaus spielt der Aminosäurerest, also die Seitenkette am C α , oft eine Schlüsselrolle, wenn ein Naturstoff als Leitstruktur dient. Von besonderer Bedeutung ist dabei, dass der Einbau von D-AS wie auch von β -AS eine Resistenz gegenüber proteolytischem Abbau bewirkt (vgl. bakterielle Zellwand, Abbildung 6). Dies nutzt man auch bei der Synthese von ► Peptidmimetika: Bahnbrechend war hier die

Synthese und biologische Evaluierung eines β -Peptids als Analogon des menschlichen Wachstumshormons, das tatsächlich vom Hormonrezeptor erkannt wurde – mit höherer Stabilität als das natürliche α -Peptid, gern zitiert als „beta hält besser“. Eine Zusammenstellung enzymatischer Wege zu chiralen Aminen und Aminosäuren ist in Abbildung 3 gezeigt; die bedeutendsten Gruppen der nkAS werden im Folgenden vorgestellt.

Nicht-kanonische α -L-Aminosäuren: Parkinsonmedikamente und Herbizide

L-DOPA (L-3,4-Dihydroxyphenylalanin, Abbildung 4) ist die meistverwendete reine nkAS und besitzt auch in fernen Kreisen einen gewissen Bekanntheitsgrad. Grund hierfür ist die erfolgreiche Anwendung zur Behandlung der Parkinson-Krankheit: Bei dieser kann der Neurotransmitter Dopamin nicht mehr produziert werden, der im Stoffwechsel durch Decarboxylierung aus L-DOPA gebildet wird. Da die Blut-Hirn-Schranke für geladene Moleküle undurchlässig ist, kann Dopamin nicht als Medikament von außen appliziert werden. Stattdessen erfolgt die Gabe von L-DOPA, üblicherweise in Kombination mit einem Decarboxylasehemmstoff, um den vorzeitigen körperl-

ABB. 3 | ENZYME ALS SCHLÜSSEL ZUR AMINOSÄURESYNTHESE



Die gängigsten enzymatischen Wege zur Herstellung chiraler Amine ($R' = H$) und Aminosäuren ($R' = -COOH$) bzw. für β -Aminosäuren ($R' = -CH_2-COOH$). R = beliebiger organischer Rest; EC: Enzymklasse gemäß Enzyme Commission.

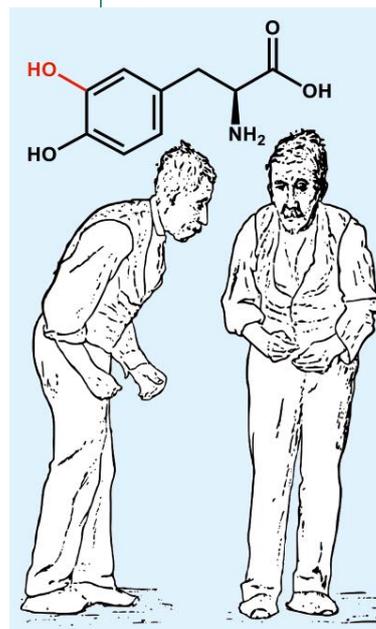
eigenen Abbau zu verzögern. Nach Passieren der Blut-Hirn-Schranke erfolgt am Wirkort die Decarboxylierung zu Dopamin [6, 7]. Die Behandlung mit L-DOPA ist seit den 1960ern etabliert, das Kombipräparat mit Decarboxylasehemmern wurde 1977 in die WHO-Liste der unentbehrlichen Arzneimittel aufgenommen. Jährlich werden > 250 t L-DOPA durch unterschiedliche Verfahren hergestellt: Die ersten Produktionsprozesse erfolgten rein chemisch durch asymmetrische Hydrierung (Monsanto Co.), für deren Entwicklung insbesondere im Zusammenhang mit der enantiomerenreinen Synthese von L-DOPA 2001 der Nobelpreis für Chemie verliehen wurde. Ab den 1990ern wurde dieser Prozess durch ein fermentatives Verfahren ersetzt, bei dem ein rekombinantes Pflanzenpathogen (*Erwinia herbicola* mit veränderter Transkriptionsregulation) die geringe Umsatzrate und mäßige Enantioselektivität des bis dahin verwendeten Rubidiumkatalysators bei Weitem übertraf und ausgehend von Catechol Raum-Zeit-Ausbeuten von $11 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \cdot \text{h}^{-1}$ ermöglichte (Ajinomoto Co., Inc.). Neuere Prozessentwicklungen zielen auf die Verwendung immobilisierter Enzyme (in diesem Fall Tyrosinhydroxylase) ausgehend von der fermentativ produzierten proteino-genen Aminosäure L-Tyrosin ab.

Glufosinat ist eine von L-Glutaminsäure abgeleitete α -Aminosäure. Die Aufnahme bewirkt eine Hemmung der pflanzlichen Glutamin-

synthetase, was weite Teile des Aminosäurestoffwechsels blockiert, so dass zunächst das Blattgewebe und letztlich die gesamte Pflanze abstirbt. Durch Einbringen eines mikrobiellen Gens für das Enzym Phosphinothricinacetyltransferase (PAT) in Nutzpflanzen werden diese resistent gegen Glufosinat. Analog zum Einsatz von Glyphosat (vormals Monsanto, nun Bayer AG) in Verbindung mit gentechnisch modifiziertem Saatgut ist es also auch hier mög-

lich, das Wachstum von Unkraut zu unterdrücken, ohne dass die Nutzpflanze beeinträchtigt wird. Dies gelang der Bayer-Tochter CropScience z. B. für eine Reissorte (LL-62: PAT-Reis). Obwohl schätzungsweise 20–30 Prozent der Agrochemikalien grundsätzlich über eine chirale Aminofunktion verfügen, wird aus Kostengründen (erheblich geringere Gewinnspanne als bei Medikamenten) überwiegend das Racemat eingesetzt. Da letztlich aber eine Wirkung auf Lebewesen mit von Chiralität geprägtem Metabolismus erfolgt, sollte der Einsatz enantiomerenreiner Produkte hier ebenfalls zu erhöhter Wirksamkeit bei deutlich geringeren Nebeneffekten führen; die ausschließliche Anwendung des wirksamen Enantiomers (für Glufosinat: L-Enantiomer) würde zudem die aufzuwendende Herbizidmenge halbieren. Die Herstellung von L-Glufosinat via ω -Transaminasen (ω -TA) ist als \triangleright Deracemisierung von *rac*-Glufosinat etabliert: Dabei wird das unerwünschte D-Enantiomer

ABB. 4 | LEBENSQUALITÄT DURCH nkAS



L-DOPA (3-Hydroxy-Tyrosin) wird zur Behandlung von Morbus Parkinson eingesetzt [7, Abbildungsnachweis siehe 8].

über eine D-Aminosäureoxidase (DAAO) zur korrespondierenden α -Ketosäure oxidiert, die ihrerseits durch eine (S)-selektive ω -TA zum L-Glufosinat aminiert wird (Abbildung 5). Diese Technologie wurde mit Umweg über die Zuvasyntha Ltd. vor kurzem (September 2020) von der BASF übernommen: „*Glu-LTM ermöglicht ein verbessertes, hochkonzentriertes Produkt zur Bekämpfung von unerwünschten Unkräutern und reduziert dabei signifikant die benötigte Menge Produkt um bis zu 50 %*“ [9].

α -D-Aminosäuren (D-AS): Fruchtbarkeitsmittel und semisynthetische Penicilline

Die oben erwähnte erheblich erhöhte Proteaseresistenz von Peptiden durch Einbau von D-AS ist bei oraler Applikation von Medikamenten von hoher Bedeutung. So bietet sich ein weites Feld zur Modifikation potenzieller Wirkstoffe, die z. T. auch nach der relevanten D-AS benannt sind: So beinhaltet Histrelin (OrionPharma GmbH) ein D-Histidin, Leuprorelin (vormals Abbott Laboratories, später Sanofi S.A.) ein D-Leucin. Beide Medikamente sind synthetische Nachbauten des Gonadotropin freisetzenden Hormons (GrH) und werden zur Behandlung von Prostatakrebs (Histrelin) bzw. Brust- und Gebärmutterkrebs (Leuprorelin) eingesetzt. Ein weiterer Vertreter dieser Wirkstoffklasse (Cetrorelix/Merck KGaA) verhindert bei der *in vitro*-Fertilisation einen vorzeitigen Anstieg des luteinisierenden Hormons (LH) und damit einen ungewollt frühen Eisprung. Diese Verbindung ist ein synthetisches Dekapeptid und enthält gleich fünf D-AS, die zudem allesamt einen nicht-kanonischen Rest tragen. Das Potenzmittel Tadalafil wird aus D-Tryptophan synthetisiert. D-Tryptophan wird durch kinetische Resolution mit Hilfe des Enzyms Tryptophanase gewonnen, das selektiv aus einer racemischen Mischung nur das L-Tryptophan spaltet (Daicel Corp.). Praktisch unmittelbar nach Ablauf des Patentschutzes wurde ein neues Herstellungsverfahren mittels ω -TA veröffentlicht. Unter seinem Handelsnamen Cialis® (Eli Lilly & Co.) hat Tadalafil als mutmaßlich erste Verbindung aus D-AS Eingang in die Popkultur gefunden [10].

D-Alanin ist als zentrale Komponente der bakteriellen Zellwand der Angriffspunkt aller Penicilline und Cephalosporine und damit rund der Hälfte der auf dem Markt befindlichen Antibiotika [5]. Diese β -Lactam-Antibiotika ähneln strukturell einem D-Ala-D-Ala-Dimer und verhindern die Zellwandneubildung durch irreversible Bindung des Enzyms Transpeptidase. Da die äußere Membran Gramnegativer Bakterien eine Barriere für natürliche β -Lactam-Antibiotika darstellt, sind diese fast ausschließlich gegen Gram-positive Bakterien wirksam, obwohl der Wirkmechanismus bei Gram-negativen identisch greifen würde. Dies führte zur Entwicklung halbsynthetischer β -Lactam-Antibiotika, die ihrerseits den Markt für die biotechnologische Produktion von D-AS öffnete: D-Phenylglycin (D-PheGly) und *para*-Hydroxy-D-Phenylglycin (*p*OH-D-

TAB 2. INDUSTRIELL BZW. PHARMAKOLOGISCH BEDEUTENDE α KAS
[ZUSAMMENGESTELLT NACH 5–7 UND 13–15]

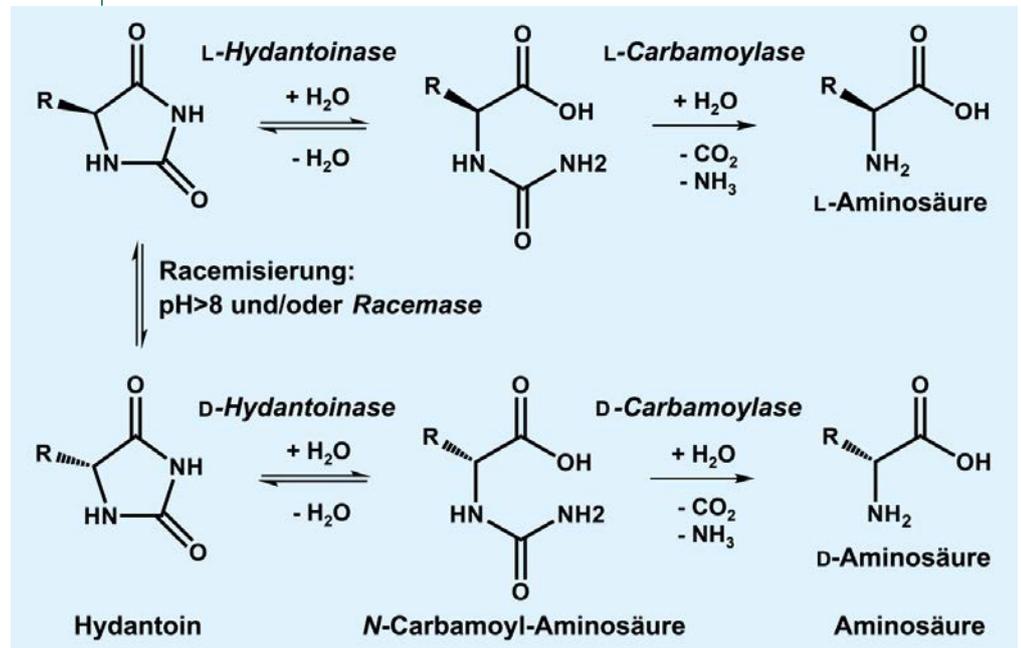
α -L-Aminosäuren (nicht-proteinogener Rest)	Medikament: Anwendung/Funktion
L-DOPA	Levodopa: Parkinsonmedikament
L-Glufosinat (Phosphinothricin)	Totalherbizid (Einsatz derzeit als Racemat)
L- <i>tert</i> -Leucin	u. a. Atazanavir: HIV-Proteasehemmer
L-Homophenylalanin	„Prils“: ACE-Hemmer (Blutdrucksenker)
L-Diaminopropansäure	Imidapril: ACE-Hemmer (s. o.)
L-Homocystein	Omapatrilat: ACE-Hemmer (s. o.)
L- α -Aminobuttersäure	Levetiracetam: Antiepileptikum
L- <i>p</i> -NO ₂ -Phenylalanin	Zolmitriptan: gegen Migräne
L-Pipecolinsäure	Ropivacain: Lokalanästhetikum
(S)-Phenyl-L-Cystein	Nelfinavir: HIV-Proteaseinhibitor
L-Azetidin-2-carbonsäure	Ximelagatran: Gerinnungshemmer
α -D-Aminosäuren	
D-Tryptophan	Tadalafil (Cialis TM): gegen erektile Dysfunktion
D-Citrullin	Cetrorelix: <i>in vitro</i> -Fertilisation
D-Phenylglycin (D-PheGly)	Ampicillin, Cefaclor: Breitbandantibiotika
<i>para</i> -Hydroxy-D-Phenylglycin (<i>p</i> -OH-D-PheGly)	Amoxicillin: Breitbandantibiotikum
D-Valin	Fluvalinat: Insektizid (Milbenbefall)
D-Glutaminsäure	Spiroglumid: Angstlöser, Beruhigungsmittel
D-Serin → daraus: Cycloserin	Psychotherapeutikum bei Angststörungen
D-Prolin	Eletriptan: Migränemedikament
D-Cyclohexylalanin	verschiedene Gerinnungshemmer
D-Phenylalanin	Nateglinid: Antidiabetikum
D- <i>p</i> -Cl-Phenylalanin und D-3-(2'-Naphthyl-)Alanin	Abarelix: Prostatakrebstherapeutikum
β -Aminosäuren bzw. nicht- α -Aminosäuren	
β -Alanin	Carnosin (Muskelaufbau)
β -Phenylalanin bzw. 3-Phenylisoserin	Taxol® und Taxotere® (Chemotherapeutika)
β -Tyrosin + Isoleucin + 2,3-Diaminopropansäure	Edeine (Antibiotika)
α -Methyl- β -Alanin (3-NH ₂ -Isobuttersäure)	Cryptophycin (Chemotherapeutikum)
3-NH ₂ -2-OH-4-Phenylbuttersäure	Bestatin (Proteasehemmer)
2-NH ₂ -cyclohex-3-en-1-carbonsäure	BAY 10-8888 (Fungizid)
3-NH ₂ -5-Methyloktansäure	Imagabalin (Kandidat gg. Angststörung)
3-NH ₂ -4,4-Dimethylpentansäure	PB2-Inhibitor (Virostatikum)
γ -Aminobuttersäure (GABA)	Neurotransmitter

PheGly) werden als Seitenketten der halbsynthetischen Penicilline Ampicillin und Amoxicillin benötigt, D-PheGly außerdem für das halbsynthetische Cephalosporin Cefaclor. Dabei werden die natürlichen Seitenketten der fermentativ mit Schimmelpilzen hergestellten β -Lactame abgespalten und durch eine dieser beiden D-AS ersetzt

allen bislang sequenzierten Genomen sind Enzyme kodiert, die Coenzym A benötigen; β -Ala ist folglich für alles Leben essentiell. Im Menschen findet sich β -Ala mit Histidin verknüpft zum Dipeptid Carnosin in millimolarer Konzentration in Hirn und Muskeln. In letzteren spielt Carnosin eine erhebliche Rolle als Puffer; dabei verhindert die β -Peptidbindung eine Hydrolyse durch Proteasen. β -Ala ist limitierend für den Aufbau des Carnosins und daher als Nahrungsergänzungsmittel insbesondere im Kraftsport populär; Studien legen zudem eine Verringerung des Muskelabbaus im Alter durch die Gabe von β -Ala nahe. Die industrielle Produktion von β -Ala erfolgt durch Ringöffnung von Propiolacton mit Ammoniak, wobei die Abwesenheit eines Chiralitätszentrums für diese rein chemische Synthese von Vorteil ist.

β -Phenylalanin (β -Phe) verfügt im Gegensatz zu β -Ala über ein Chiralitätszentrum. Folglich könnte man hier eine D- und L-Form unterscheiden, wobei aber die Fischer-Konvention bei β -AS üblicherweise nicht zur Anwendung kommt. Stattdessen gibt man entweder die absolute Konfiguration (*R*)/(*S*) oder den Drehsinn (+/-) an. (*R*)-(+)- β -Phe ist Baustein zahlreicher Naturstoffe, insbesondere der Taxane. Einer dieser aus der Pazifischen Eibe (*Taxus brevifolia*) isolierten Wirkstoffe (Taxol[®], Bristol-Myers Squibb) wird erfolgreich zur Chemotherapie bei Brust- und Eierstockkrebs eingesetzt, ebenso das halbsynthetische Taxotere[®] (Sanofi S.A.) gegen Prostatakrebs. Hierbei bindet die β -AS als Spindelgift an Mikrotubuli, blockiert die Zellteilung und treibt die Krebszelle in die Apoptose. Die effiziente Herstellung dieser Moleküle als bedeutendste Chemotherapeutika mit einem Jahresumsatz von mehreren Mrd. US-Dollar ist seit ihrer Entdeckung Gegenstand intensiver Forschung: *T. brevifolia* ist global kaum verbreitet, wächst sehr langsam, und enthält nur geringe Mengen Taxol - und dies ausschließlich in der Rinde, wo es der Eibe als Fraßschutz dient. Der Baum muss also entrindet und damit getötet werden, was eine nachhaltige Gewinnung unmöglich macht: Aus sechs gefällten 100jährigen Bäumen kann nur 1 g Taxol zur Behandlung eines einzigen Patienten sehr aufwendig extrahiert werden, was tatsächlich über Jahre den Stand der Technik zur Ermöglichung klinischer Studien darstellte. Als Folge wurde *T. brevifolia* Anfang der 1990er Jahre auf die Liste der bedrohten Arten gesetzt, bevor eine halbsynthetische Produktion aus dem Alkaloidanteil Baccatin III und dem als β -Lactam eingesetzten β -AS-Anteil etabliert werden konnte (Ojima-Holton-Kopplung/Bristol-Myers

ABB. 7 | ALLGEMEINES SCHEMA DES HYDANTOINASEVERFAHRENS [NACH 11]



Die konsekutive Hydrolyse kostengünstiger racemischer Hydantoine führt je nach Stereoselektivität der verwendeten Hydantoinasen und Carbamoylasen zu L-AS (oben) oder D-AS (unten).

Squibb). Baccatin III kann aus den Nadeln der Eibe gewonnen werden sowie neuerdings biotechnologisch aus Mikroorganismen und Zellkulturen.

Die Synthese von reinem β -Phe wie auch von anderen β -AS erfolgt derzeit als kinetische Resolution von *N*-acylierten β -AS mittels Lipasen (u. a. Evonik-Degussa GmbH), deren Ausbeute naturgemäß auf maximal 50 Prozent beschränkt ist. Als mögliche Alternative arbeiten wir (und andere) an einer asymmetrischen Synthese mittels ω -TA, die eine theoretische Ausbeute von 100 Prozent ermöglichen könnte. Dementgegen steht, dass die potenzielle Ausgangssubstanz - eine β -Ketosäure - zur spontanen Decarboxylierung neigt und daher kein stabiles Edukt darstellt. Daher wurde versucht, stattdessen den stabilen β -Ketoester zu aminieren. Hierbei erwies es sich als problematisch, dass das aktive Zentrum der ω -TA als R' (vgl. Abbildung 3) nur kleine organische Reste akzeptiert; schon das „-CH₂-COOH“ bewegt sich hier am Größelimit. In Kooperation mit der Uni Greifswald wurden zwei für große Seitenketten optimierte ω -TA zum Einsatz gebracht, gewissermaßen mit „aufgebohrtem“ aktiven Zentrum, je eine mit (*S*)- bzw. (*R*)-Selektivität. Damit glückte die Synthese beider β -Phe-Ester [13], die mittels Umesterung leicht an Folgeprodukte gekoppelt bzw. in diese eingebaut werden könnten - z. B. an die OH-Gruppe des Alkaloidanteils des Baccatin III (vgl. Abbildung 8). Des Weiteren gelang uns die gleichzeitige Reinigung und Immobilisierung einer für β -Phe aktiven ω -TA aus dem Bodenbakterium *Variovorax paradoxus* an funktionellen Magnetpartikeln, was eine erleichterte Prozessführung mit

guter Wiederverwendbarkeit ermöglicht [14]. Dasselbe Enzym konnte zudem mittels gezielter Mutagenese auf Basis von Proteinfaltungsalgorithmen thermostabilisiert werden. Dies ermöglicht oft höhere Raum-Zeit-Ausbeuten, da bei erhöhter Temperatur sowohl die Substratlöslichkeit als auch die Enzymaktivität verbessert werden (vgl. auch Abbildung 5). Generell versprechen ω -TA einen guten Zugang zu nkAS, da die in den vergangenen Jahren erheblich intensivierten Strukturuntersuchungen an diesen Enzymen eine Vorhersage modifizierter Substratsätze ermöglichen: Hierzu haben wir in Kooperation mit der Universität Stuttgart eine frei zugängliche Datenbank „ ω TAED: omega-Transaminase Engineering Database“ mit Struktur-Funktionsbeziehungen erstellt und veröffentlicht [15].

Ausblick: Modifizierte Proteine und technische Enzyme aus nkAS

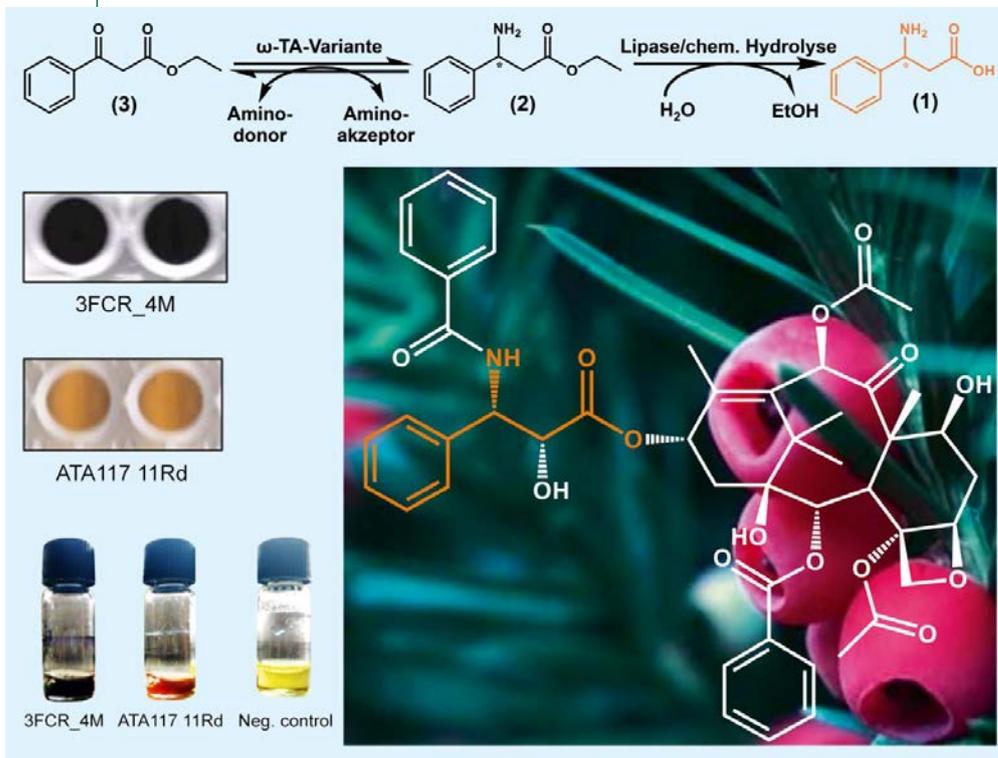
Für eine Weiterverwendung der nkAS stellt sich die Frage nach einem Einbau in Proteine und andere funktionelle Moleküle. Diese Problematik ergibt sich weniger in der chemischen Industrie (der Carbonylkohlenstoff ist leicht nukleophil angreifbar), als vielmehr in der produzierenden

Zelle, denn in der Regel sind nkAS von der Proteinbiosynthese ausgeschlossen. „In der Not frisst der Teufel Fliegen“ gilt allerdings auch für Bakterien: Modifizierte Kolibakterien, die man in einem Minimalmedium mit sehr geringen Konzentrationen bestimmter Aminosäuren zur Anzucht brachte, die sie selbst nicht herstellen konnten, zeigten nach Überführung in dasselbe Medium mit nkAS eine bereitwillige Aufnahme dieser „Fremdbausteine“. Bei zeitgleicher Induktion der Überexpression eines technischen Enzyms wurden in dieses tatsächlich nkAS eingebaut. Die so erzeugten Lipasen zeigten eine aus vorherigen Strukturuntersuchungen antizipierte Stabilisierung gegenüber erhöhten Temperaturen (bis zu 20 °C) und bis zu drei Einheiten verändertem pH-Wert bei mindestens identischer Aktivität [16].

Ein weiterer Ansatz ist die Ausschaltung selten genutzter Codons, um Möglichkeiten zur genetischen Kodierung von nkAS zu schaffen: So gibt es beispielsweise sechs Codons für Serin, die in verschiedenen Lebensformen unterschiedlich häufig genutzt werden. Hohe Beachtung erfuh hier die Totalsynthese eines modifizierten *Escherichia coli*-Genoms, das mit vier Serin-Codons und zwei (statt drei) Stopcodons auskommt (ohne UAG, das in *E. coli*

ohnehin kaum verwendet wird) und zu lebensfähigen, gleichwohl langsam wachsenden Kulturen führt [17]. Die resultierenden *E. coli* Syn61 (61 Codons statt 64) konnten mit Hilfe einer orthogonalen Pyrrolysin-tRNA-Synthetase aus dem methanogenen Archaeon *Methanosarcina mazei* (mit mutiertem Anticodon, so dass auf eingeschleuster Plasmid-DNA das im Genom vollständig ersetzte Serin-Codon TCG genutzt werden konnte) eine nkAS in Proteine einbauen. Bei dieser handelte es sich um das Lysin-Derivat *N*- ϵ -(((2-Methylcycloprop-2-en-1-yl)methoxy)carbonyl)-L-Lysin. Ebenfalls auf das UAG-Stopcodon (*amber*) zielt das orthogonale amber-Suppressor-tRNA/Aminoacyl-tRNA-Synthetase-Paar aus einem anderen Methanogenen (*Methanococcus jannaschii*) mit der Fähigkeit zum Pyrrolysin-Einbau. Dieses wird genutzt, um in Hamstereizellen (CHO) gezielt monoklonale Antikörper mit acetylierten und azidolierten Aminosäuren zu modifizieren (v. a. *p*-Acetyl- und *p*-Azido-Phenylalanin). Hierdurch ergibt sich die Möglichkeit, punktgenau Antikörper-Wirkstoff-Konjugate herzustellen [Übersicht in 18]. Dies könnte die hochspezifische und nebenwirkungsarme Krebsbehandlung mit solchen

ABB. 8 | nkAS IM KAMPF GEGEN KREBS



Das umsatzstärkste Chemotherapeutikum Paclitaxel (Taxol®) enthält als Pharmakophor ein modifiziertes β -Phenylalanin (1). In einem Screening optimierter ω -TA mit dem nach Umsetzung schwarz präzipitierenden Aminodonor OXD gelang die enantioselektive Synthese von β -Phenylalanin-Ethylester (2) durch Aminierung des korrespondierenden β -Ketoesters (3) mit Hilfe des (*S*)-selektiven Enzyms 3FCR sehr gut (schwarze Reaktionsgefäße) sowie mit geringerem Umsatz auch durch das (*R*)-selektive Enzym ATA117 (orange-braune Reaktionsgefäße). Abbildungen aus [13], Foto der Pazifischen Eibe *Taxus brevifolia* aus <https://pixabay.com>

Konjugaten, die die Chemotherapeutika praktisch ausschließlich am gewünschten Wirkort deponieren (tumorspezifische ► Chemoimmunkonjugate), erheblich wirtschaftlicher gestalten: Bei Antikörperkonjugaten über kanonische Aminosäuren entstehen immer Mischprodukte, aus denen das wirksamste aufwändig gereinigt werden muss (zumal sich mit Mischungen kaum reproduzierbare Ergebnisse erzielen lassen). Zahlreiche Chemoimmunkonjugate befinden sich derzeit in klinischen Studien, so dass hieraus vermutlich schon bald eine hohe wirtschaftliche Bedeutung erwachsen kann – wie auch andere Anwendungen dieser in höchstem Maße ortsselektiven Modifikation von Proteinen.

Angesichts dieser Fortschritte bzgl. Codon-Emanzipation und gezielter Modifikation von tRNAs und tRNA-Synthetasen ist es derzeit tatsächlich eher die fehlende nachhaltige und skalierbare Verfügbarkeit enantiomerenreiner nkAS, die einer kosteneffizienten biotechnologischen Anwendung dieser ► Erweiterung des genetischen Codes entgegensteht [19]. Enzymen wird bei der Bewältigung dieser Herausforderung die Schlüsselrolle zugesprochen (was uns zu Abbildung 3 zurückbringt) – zumal langfristig die intrazelluläre Synthese von nkAS mit der Erweiterung des genetischen Codes gekoppelt werden könnte. Für Forschungszwecke ist dieser Zweig der synthetischen Biologie längst Stand der Technik: In der Neurobiologie werden durch Erweiterung des genetischen Codes photoaktive oder fluoreszierende Aminosäuren wie Dansylalanin genutzt, um durch Einbau in licht- oder stromsensitive Enzyme Membrandepolarisationen sichtbar zu machen – seit einigen Jahren auch in Hirnen lebender Mäuse [20].

Nachdem die Bezeichnung „unnatürliche“ Aminosäuren ohnehin schon kaum berechtigt war, verschwimmen nun auch die Grenzen der weiteren Terminologie: Zumindest in begrenztem Umfang kann der Mensch mittlerweile auch bestimmen, welche Aminosäuren er als proteinogen einsetzen will. Die Vielstimmigkeit des Kanons hat also beträchtlich zugenommen, und künftige Dirigenten müssen auch über kompositorische Fähigkeiten verfügen.

Zusammenfassung

Als nicht-kanonische Aminosäuren (nkAS) fasst man alle Aminosäuren zusammen, die nicht über den genetischen Standardcode kodiert sind und entsprechend nicht über die zelluläre Proteinbiosynthese (Translation) in Proteine eingebaut werden. Die physiologisch und damit auch pharmakologisch bedeutendsten nkAS sind α -L-AS mit nicht genetisch kodierten Resten, α -D-AS sowie β -AS. Prominente Beispiele sind das Parkinsonmedikament L-DOPA, D-Phenylglycinderivate als Seitenketten von Ampicillin und Amoxicillin (bei Kindern meistverschriebene Antibiotika), sowie β -Phenylalanin in den meisteingesetzten Chemotherapeutika Taxol® und Taxotere® (u. a. gegen Brust- und Prostatakrebs). Die oft unbekanntes Biosynthesewege für nkAS und die schwierige Übertragbarkeit auf standardisierte Verfahren mit etablierten Produktionsstämmen erwies sich

GLOSSAR

Alanin-Welt-Hypothese: Nach dieser sind die heutigen α -L-konfigurierten proteinogenen Aminosäuren chemische Derivate des Alanins, durch das sich die vorherrschenden Sekundärstrukturen von Proteinen am stabilsten realisieren lassen.

Asymmetrische Synthese: Ein Molekül wird zielgerichtet mit einer festgelegten räumlichen Struktur hergestellt.

β -Lactam-Antibiotika: Die mit Abstand meistverwendeten Antibiotika (Penicilline und Cephalosporine) tragen als zentralen Baustein den β -Lactamring (zyklische β -Aminosäure).

Chemoimmunkonjugate: An bestimmte Krebszellen bindende Antikörper, an die z. B. über nkAS an einer bestimmten Stelle ein Cytostatikum gebunden ist – also eine Substanz, die die Zelle am Wachstum hindert. Damit ist eine Chemotherapie mit deutlich geringeren Nebenwirkungen möglich, da das Cytostatikum tumorspezifisch nur die Krebszellen erreicht.

Chiralitätszentrum: Chiralität ist die „Händigkeit“ eines Moleküls, dessen räumliche Anordnung eine Unterscheidung z. B. in Bild und Spiegelbild erlaubt, was bei Biomolekülen oft zu unterschiedlichen Funktionen in der Zelle führt. Als Chiralitäts- oder Stereozentrum bezeichnet man dabei denjenigen Punkt im Molekül, an dem diese besondere räumliche Anordnung vorliegt – meist in Form eines Kohlenstoffatoms mit vier unterschiedlichen Substituenten. Ein chirales Molekül kann auch mehrere Chiralitätszentren enthalten.

Deracemisierung: Ein Gemisch von Bild und Spiegelbild eines Moleküls (Racemat) wird so behandelt, dass eines der beiden gezielt in das andere überführt wird, so dass danach nur das reine Bild oder das reine Spiegelbild vorliegt.

Erweiterung des genetischen Codes (engineered genetic code): Adaptation der zellulären Proteinbiosynthese zum Einbau nicht-kanonischer Aminosäuren (nkAS). Hierzu bedarf es einer tRNA zur Erkennung und Verarbeitung einer nkAS anhand eines modifizierten bzw. freien Codons (z. B. das in Kolibakterien selten genutzte Stopcodon UAG/amber) sowie einer Aminoacyl-tRNA-Synthetase zur Beladung der tRNA mit der nkAS. Gegenstand aktueller Forschung sind zudem orthogonale Ribosomen mit einer höheren Toleranz für nkAS.

Hydantoin: Ein Stickstoffheterozyklus, aus dem nicht-kanonische α -Aminosäuren kostengünstig hergestellt werden können. Hydantoin ist dabei ein Kofferwort aus „Hydriertes Allantoin“, denn so gelang Adolf von Baeyer 1861 die erstmalige Synthese von Hydantoin.

Hydantoinaseverfahren: Ein wichtiger industrieller Prozess zur Gewinnung nicht-kanonischer Aminosäuren besteht aus einer Kaskadenreaktion der Enzyme Hydantoinase und N-Carbamoylase, die günstig herstellbare Hydantoine sequentiell stereoselektiv hydrolysieren.

Kinetische Resolution: Aus einem Gemisch von Bild und Spiegelbild eines Moleküls (Racemat) wird eines der beiden schneller oder sogar exklusiv umgesetzt, so dass das andere angereichert wird.

N-Carbamoylaminosäuren: Intermediate des Hydantoinase-Verfahrens: intramolekularer Ringschluss führt zu Hydantoinen, Hydrolyse zu Aminosäuren.

Peptidmimetika: Synthetische Moleküle mit peptidähnlichen Eigenschaften, aber meist erheblich höherer Stabilität (z. B. durch Einbau nicht-kanonischer Aminosäuren) zur Untersuchung von funktionellen Peptiden in Zellen (z. B. von Peptidhormonen).

Pharmakophor: Molekülbestandteil eines Wirkstoffes, der mit der Zielstruktur interagiert.

PNA: Peptidnukleinsäuren mit Aminosäuren statt Zuckern; werden oft als Vorläufer der heutigen DNA und RNA angesehen.

ω -Transaminasen (ω -TA): Enzyme, die den Transfer einer Aminogruppe von einem Molekül auf ein anderes katalysieren und industriell zur Synthese chiraler Aminosäuren und Amine eingesetzt werden.

in der Vergangenheit als große Herausforderung für die industrielle Herstellung. Eine Schlüsselrolle in der Produktion spielen mittlerweile Enzyme; also ausgerechnet Werkzeuge aus kanonischen Aminosäuren – und künftig vielleicht auch aus nicht-kanonischen.

Summary

Alanin and the magic lamp – occurrence, utilization and production of non-canonical amino acids

Non-canonical amino acids (ncAA) are amino acids that are not part of the standard genetic code and thus are excluded from cellular protein biosynthesis (translation). Amino acids such as α -L-amino acids with non-encoded residues, α -D-amino acids, and β -amino acids are most important as cellular metabolites and thus as pharmaceuticals. L-DOPA (remedy against Parkinson disease), D-phenylglycine and derivatives as side chains of ampicillin and amoxicillin (the antibiotics mostly prescribed for children) as well as β -phenylalanine as pharmacophore of the chemotherapeutic agents Taxol® and Taxotere® (against breast and prostate cancer a. o.) are prominent examples. The biosynthetic pathways for ncAA – often unknown – and the difficult transfer to standardized techniques with established production strains proved as a major challenge for the industrial production of these molecules in the past. Nowadays, enzymes play a key role in ncAA's production; tools that have been composed of canonical amino acids so far – and maybe of non-canonical amino acids in the near future.

Schlagnworte:

Aminosäuren, Alanin-Welt-Hypothese, Hydantoinasen, Transaminasen, L-DOPA, Penicillin, Taxol®, erweiterter genetischer Code

Literatur

- [1] J. Rudat, U. Engel (2017). Hydantoinasen – von der präbiotischen Evolution zur Aminosäureproduktion, *BIOspektrum* 01.17: 98–100.
- [2] V. Kubyskhin, N. Budisa (2019). Anticipating alien cells with alternative genetic codes: away from the alanine world, *Curr Opin Biotechnol* 60, 242–247.
- [3] R. E. Chen, X. Zhang, J. B. Case et al. (2021). Resistance of SARS-CoV-2 variants to neutralization by monoclonal and serum-derived polyclonal antibodies, *Nat Med* 27, 717–726, <https://doi.org/10.1038/s41591-021-01294-w>
- [4] Robert-Koch-Institut, SARS-CoV-2: Virologische Basisdaten sowie Virusvarianten, abgerufen am 24.06.2021, https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Virologische_Basisdaten.html
- [5] G. Fuchs (2014). Allgemeine Mikrobiologie, 9. Aufl., Georg Thieme Verlag.
- [6] K. Drauz, I. Grayson, A. Kleemann, H.-P. Krimmer, W. Leuchtenberger, C. Weckbecker, Amino acids, In: Ullmann's encyclopedia of industrial chemistry, 2012, Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA, Weinheim.
- [7] S. Wu et al. (2020). Biokatalyse: Enzymatische Synthese für industrielle Anwendungen. *Angew Chem* 132, 2–37.
- [8] R. Gowers (1886). A Manual of Diseases of the Nervous System (London: J & A Churchill, 1886), Illustration gemeinfrei aus <https://commons.wikimedia.org/w/index.php?curid=9086810>
- [9] BASF SE, BASF erwirbt von AgriMetis™ patentgeschützte L-Glufo-sinat-Ammonium Technologie. Pressemitteilung 14. September 2020: <https://www.basf.com/global/de/media/news-releases/2020/09/p-20-297.html>
- [10] D. Cameron et al., Girl from Oklahoma, In: S. Panther [Ed.]: Feel the Steel, 2009, Universal Records.
- [11] U. Engel, J. Rudat, C. Sylдатk, The Hydantoinase Process: Recent developments for the production of non-canonical amino acids. In: P. Grunwald (Ed.), *Industrial biocatalysis*, 2014, Chapter 22, 817–862, Pan Stanford Publ.
- [12] C. Slomka et al. (2017). Toward a cell-free hydantoinase process: screening for expression optimization and one-step purification as well as immobilization of hydantoinase and carbamoylase, *AMB Expr* 7, 122.
- [13] O. Buß et al. (2018). β -Phenylalanine ester synthesis from β -keto ester substrate using engineered ω -transaminases, *Molecules* 23, 1211.
- [14] S. Dold, L. Cai, J. Rudat (2017). One-step purification and immobilization of a β -amino acid aminotransferase using magnetic (M-PVA) beads, *Eng Life Sci* 16, 568–576.
- [15] O. Buß et al. (2018). The ω -transaminase engineering database (ω TAED): A navigation tool in protein sequence and structure space, *Proteins* 86, 566–580.
- [16] M. G. Hoesl et al. (2011). Lipase Congeners Designed by Genetic Code Engineering, *ChemCatChem* 3, 213–221.
- [17] J. Fredens et al. (2019). Total synthesis of *Escherichia coli* with a recoded genome, *Nature* 569, 514–518. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1192-5>
- [18] Q. Zhou (2017). Site-Specific Antibody Conjugation for ADC and Beyond, *Biomedicines* 5(4), 64. <https://doi.org/10.3390/biomedicines5040064>
- [19] H. D. Biava et al. (2020). Tackling Achilles' Heel in Synthetic Biology: Pairing Intracellular Synthesis of Noncanonical Amino Acids with Genetic-Code Expansion to Foster Biotechnological Applications, *ChemBioChem* 21(9), 1265–1273. <https://doi.org/10.1002/cbic.201900756>
- [20] I. Nikić-Spiegel (2020). Expanding the Genetic Code for Neuronal Studies, *ChemBioChem* 21, 3169–3179.

Verfasst von:



Jens Rudat, Jahrgang 1975, 1995–2000 Biologiestudium an der Universität Bonn, dortselbst anschließend Promotion im Fach Mikrobiologie, ab 2006 Gruppenleiter für Biokatalyse im Institut für Bio- und Lebensmitteltechnik_2: Technische Biologie an der Universität Karlsruhe (seit 2009 Karlsruher Institut für Technologie/KIT), 2012 Ernennung zum Akademischen Rat auf Zeit.



Ulrike Engel, Jahrgang 1982, 2000–2006 Studium der Angewandten Naturwissenschaft an der TU Bergakademie Freiberg, 2007–2012 Promotion am Institut für Bio- und Lebensmitteltechnik_2: Technische Biologie des Karlsruher Instituts für Technologie (KIT), 2012–2016 Post-Doc ebenda, seit 2016 DFG-Nachwuchsgruppenleiterin.

Korrespondenz:

Dr. Jens Rudat
BLT_2: Technische Biologie
Karlsruher Institut für Technologie (KIT)
Fritz-Haber-Weg 4
76131 Karlsruhe
E-Mail: jens.rudat@kit.edu

MIKROBEN VERSTEHEN

Mikrobielle Zwerge und Riesen

Bakterien sind mikroskopisch klein; diese Feststellung zählt zum biologischen Allgemeinwissen. Dass die größten bekannten Bakterien aber mehr als tausendmal länger sind als die kleinsten Mikroben, dürfte manchen überraschen. Bedeutende Größenunterschiede kommen auch bei eukaryotischen Organismengruppen vor. Bemerkenswert aber ist, dass Zwerg- und Riesenmikroben jeweils nur aus einer Zelle bestehen. Welche Konsequenzen die ungewöhnliche Größe für die Bakterien hat und welche Vorteile sie daraus ziehen, sind erst anfänglich untersuchte Fragen.

Sich einen tausendfachen Größenunterschied vorzustellen, gelingt am besten anhand bekannter Wesen, etwa dem winzigsten und größten lebenden Säugetier: Eine kleine Spitzmaus misst ohne Schwanz etwa drei Zentimeter, ein Blauwal kann dreißig Meter erreichen. Die eher weniger bekannten Extreme unter den Insekten, einem kolumbianischen Zwergkäfer (*Scydosella musawasensis*) und der neuseeländischen Weta-Heuschrecke (*Deinacrida heteracantha*), liegen noch bei dem etwa 500-fachen. Die Spitzenpositionen halten jedoch Einzeller. Zu den kleinsten Mikroben gehören Mycoplasmen mit 0,3 μm und die marine Art *Pelagibacter ubique* mit 0,4 μm Länge, außerdem *Actinomarina minuta* mit 0,3 μm sowie *Nanoarchaeum equitans* mit 0,4 μm Durchmesser. Eines der größten bekannten Bakterien, *Epulopiscium fishelsoni*, wird dagegen bis zu 600 μm lang und 80 μm dick. Selbst Paramecien wirken dagegen schwächling (Abbildung 1). Es fehlt nicht an Überlegungen, warum Bakterien klein sein müssen und eine Grenzgröße nicht überschreiten können. Dazu zählen das Oberflächen-Volumen-(OV)-Verhältnis, das mit der Zellgröße abnimmt und den Stofftransport über die Membran begrenzt, und die Diffusion, welche die Makromolekül- und Stoffverteilung in der Zelle und damit den Stoffwechsel limitiert [1, 2]. Die Ausweitung der Grenze zwischen Beschränkung und Größe führt zu Eigenschaften der Riesen-

bakterien, die man bei klein(st)en Mikroben nicht beobachtet.

Mikrobenzwerge

Die minimale Größe von Mikroben wird von der Notwendigkeit bestimmt, die DNA sowie Proteine des Stoffwechsels und für Strukturelemente unterzubringen. Sie wird auf 0,02 μm^3 bis 0,6 μm^3 geschätzt [1]. Mycoplasmen und Nanoarchaeen leben parasitisch, denn sie vermögen nur mit Stoffzufuhr durch ihren Wirt zu existieren (auf Schleimhäuten bzw. auf dem Archaeon *Ignicoccus*); die Wirte können auf ihre Begleiter jedoch verzichten. Die Mikroben besitzen nur ein kleines Genom (0,5–0,6 Megabasenpaare (MBp) mit 470–550 Genen), dem ein Teil der Information für einen autarken Stoffwechsel fehlt, und haben, soweit eine gängige Erklärung, damit auch ihre Größe reduziert ($\approx 0,03 \mu\text{m}^3$). Es macht den Vergleich mit *Epulopiscium* aber nicht unfair, denn auch das Riesenbakterium ist ein Symbiont. Die Genome der im Meer frei lebenden Arten von *Actinomarina* und *Pelagibacter* sind etwas größer (800 bzw. 1400 Gene) aber im Vergleich zu *E. coli* K12 (4,6 MBp; ≈ 4300 Gene) ebenfalls minimiert. *E. coli* erreicht mit dem umfangreicheren Genom etwa die zehnfache Länge. Doch bleibt das Darmbakterium gegenüber *Epulopiscium* winzig (Abbildung 1), obwohl dessen Genom mit 3,28 MBp sogar kleiner ausfällt [3]. Die Zellgröße ist also nicht streng an den Umfang des Genoms gebunden, son-

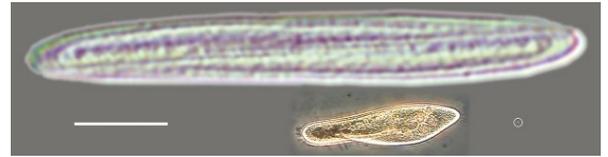


ABB. 1 Größenvergleich zwischen dem Riesenbakterium *Epulopiscium fishelsoni* (oben, stilisiert), *Paramecium caudatum* (unten, lichtmikroskopische Aufnahme) und *E. coli* (weißes Stäbchen im Kreis). Der Maßstab entspricht 100 μm .

dern eine multifaktorielle Eigenschaft [1, 4]. Stoffwechselaktivität, Wachstum und Teilung, Nährstoffangebot und ökologische Bedingungen spielen eine Rolle. So ändert sich das Zellvolumen um mindestens den Faktor zwei bis zur Teilung. Die Größenverteilung bleibt aber durch Regulation des Teilungsprozesses annähernd konstant (Zellgrößenhomöostase), dadurch artspezifisch [4] und variiert nur mit der ökologischen Umgebung. Die Diffusionskinetik stellt für kleine Mikroben keine Einschränkung dar [1]. Auch sehr lange Bakterien wie Chloroflexaceen oder Spirochaeten (*S. plicatilis* mit bis zu 250 μm) entgehen Diffusionslimitationen, indem sie einen geringen Durchmesser ($\leq 0,75 \mu\text{m}$) und damit auch ein hohes OV-Verhältnis beibehalten. Zellen von *Epulopiscium* und *Thiomargarita namibiensis* mit ihrer hundertfachen Dicke (80 μm) bzw. einem tausendfachen Durchmesser (750 μm) geraten aber an theoretische Grenzen. Was begünstigte dann die Entwicklung der *giant microbes*?

Mikrobenriesen

Die Kugelzellen des Schwefelbakteriums *Thiomargarita namibiensis* (Abbildung 2) besitzen eine voluminöse Vakuole, die etwa 98 Prozent des Zellraums einnimmt und Nitrat als Elektronenakzeptor für die Sulfidoxidation speichert [5, 6]. Das Cytoplasma ist nur 0,5 μm bis 2 μm dick und wird über die angrenzende Zellmembran versorgt. Das OV-Verhältnis einer großen Zelle (750 μm) beträgt 0,008:1 μm^{-1} , das sich zu 0,4:1 μm^{-1} erhöht, wenn man nur das Cytoplasma mit den zahlreichen

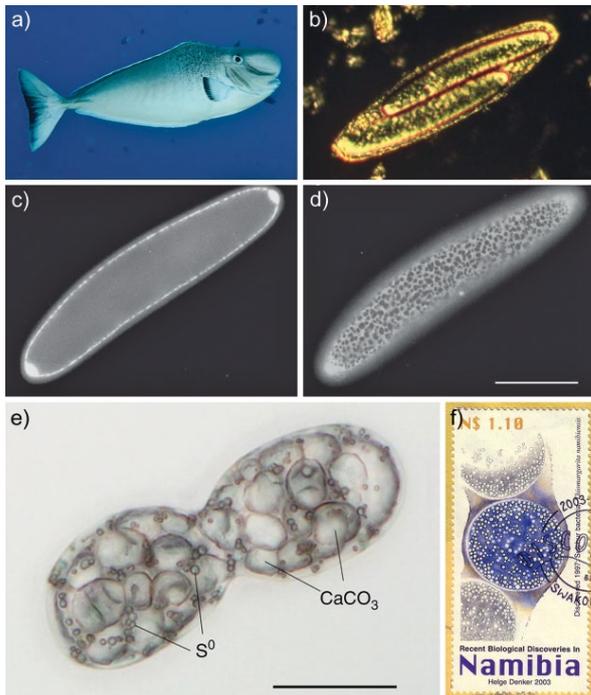


ABB. 2 a) Doktorfisch (*Naso tonganus*), Wirt von b) *Epulopiscium* sp. (Typ B) mit zwei intrazellulären Nachkommen. c) DNA-freie Mittelebene und d) periphere Region von *Epulopiscium* mit zahlreichen DNA-Partikeln. e) Zellpaar von *Achromatium oxaliferum* mit Calcit- und Schwefeleinschlüssen. Maßstäbe entsprechen in d) 100 μm und in e) 20 μm . f) Bild von *Thiomargarita namibiensis* auf einer Briefmarke von 2003 (© Regierung von Namibia). Abb. a–d) verändert aus [3], e) aus [8], jeweils gemäß CC-BY 4.0 <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0>

Schwefelpartikeln einbezieht. Für *E. coli* ($3 \mu\text{m} \times 1 \mu\text{m}$) mit einem höheren Stoffumsatz liegt der Wert bei $4,5:1 \mu\text{m}^{-1}$.

Epulopiscium fishelsoni und Verwandte sind bislang nicht kultivierbare symbiotische, bewegliche Darmbewohner von Doktorfischen (*Acanthuridae*, Abbildung 1a), die dem tagesrhythmischen Durchsatz des nährstoffreichen Darminhalts folgen [3]. Das OV-Verhältnis erreicht $0,6:1 \mu\text{m}^{-1}$ bei einem Volumen von $\approx 4 \cdot 10^5 \mu\text{m}^3$, dem 10^7 -fachen der kleinsten Mikroben. Die Riesenbakterien sind mit einem Diffusionsproblem konfrontiert. Werden Gene eines Chromosoms abgelesen, so muss entweder die mRNA zu den im Cytoplasma verteilten Ribosomen gelangen oder die lokal synthetisierten Proteine sollten sich im Cytoplasma verbreiten. Strecken von mehreren hundert Mikrometern

überbrücken diffundierende Makromoleküle aber viel zu langsam [2]. Die Lösung des Problems liegt in der Polyploidie der großen Zellen und der weiten Verteilung der Genomkopien im Cytoplasma. *Epulopiscium* verfügt in neu gebildeten Zellen über zehntausende und später je nach Zellgröße über hunderttausende DNA-Kopien [7]; bei *Achromatium oxaliferum*, einem $9 \mu\text{m} \times 15 \mu\text{m}$ bis $35 \mu\text{m} \times 95 \mu\text{m}$ großen Schwefelbakterium, sind es zumindest einige hundert [8]. Das durchschnittlich von einer Genomkopie versorgte Zellvolumen verschiedener Mikroben liegt innerhalb einer Größenordnung von $0,2 \mu\text{m}^3$ – $1,5 \mu\text{m}^3$ (Abbildung 3). Der rechnerisch hohe Volumenanteil in *A. oxaliferum* wird durch den massiven Einschluss von Calcit verfälscht (Abbildung 2e). In *Epulopiscium* ist die DNA nicht homogen über die Zelle verteilt, sondern sie konzentriert sich wie bei *Thiomargarita* in der Peripherie (Abbildung 2). Die Folgen der Kompartimentierung für das Zellzentrum (es existiert keine Vakuole) sind bislang unbekannt. Hier wachsen im Laufe des Generationszyklus die beiden Nachkommen einer Zelle heran, weshalb diese für Mikroben ungewöhnliche Art der Vermehrung auch als vivipar bezeichnet wird (Abbildung 2b). Welchen evolutionären Vorteil Riesenzellen durch ihre Größe erhalten, hängt von den jeweiligen Lebensbedingungen ab. Für *Epulopiscium* vermutet man, dass die schieren Ausmaße die Zellen vor den im Fischdarm lebenden bakterivoren Ciliaten bewahren (Abbildung 1).

Zellgröße und Ploidie

Vor einigen Jahren erkannte man, dass Monoploidie keineswegs charakteristisch für Prokaryoten ist [9]. Tatsächlich zeigt sich, dass Zellgröße und Kopienzahl des Genoms korrelieren (Abbildung 3). Hier werden zukünftige Untersuchungen noch weitere Aufschlüsse liefern. Inzwischen beginnt man auch zu verstehen, dass Polyploidie nicht nur mit der Zellgröße von Mikroben einher-

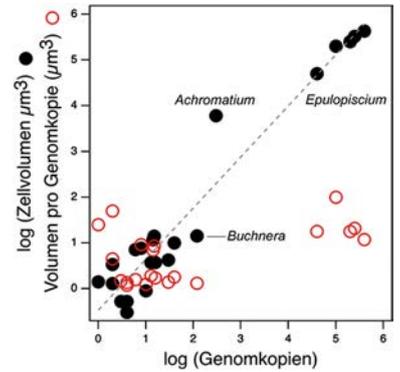


ABB. 3 Zusammenhang zwischen Anzahl der Genomkopien und Zellgröße verschiedener Prokaryoten. Besonders polyploide Bakterien sind bezeichnet, *Epulopiscium* mit ausgewählten Größen [7]. Rote Kreise markieren die dazugehörigen Volumen-Genom-Verhältnisse. Daten aus verschiedenen Quellen.

geht, sondern weitere Auswirkungen hat. Sie werden im Folgebeitrag betrachtet.

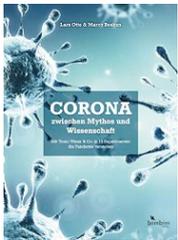
Literatur

- [1] A. L. Koch (1996) What size should a bacterium be? A question of scale. *Annu. Rev. Microbiol.* 50, 317–348.
- [2] H. N. Schulz, B. B. Jørgensen (2001) Big bacteria. *Annu. Rev. Microbiol.* 55, 105–137.
- [3] E. R. Angert (2021) Challenges faced by highly polyploid bacteria with limits on DNA Inheritance. *Genome Biol. Evol.* 13, <https://doi.org/10.1093/gbe/evab037>.
- [4] C. S. Westfall, P. A. Levin (2017) Bacterial size: Multifactorial and multifaceted. *Annu. Rev. Microbiol.* 71, 499–517.
- [5] H. Engelhardt (2021) Mikrobielle Organellen. *Biologie in unserer Zeit* 51, 288–290.
- [6] H. N. Schulz (2006) The genus *Thiomargarita*. *Prokaryotes* 6, 1156–1163.
- [7] J. E. Mendell et al. (2008) Extreme polyploidy in a large bacterium. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 105, 6730–6734.
- [8] D. Ionescu et al. (2017) Community-like genome in single cells of the sulfur bacterium *Achromatium oxaliferum*. *Nat. Commun.* 8, <https://doi.org/10.1038/s41467-017-00342-9>.
- [9] J. Soppa (2014) Polyploidy in bacteria and archaea: About desiccation resistance, giant cell size, long-term survival, enforcement by a eukaryotic host and additional aspects. *J. Mol. Microbiol. Technol.* 24, 409–419.

Harald Engelhardt,
Martinsried

EXPERIMENTE

Corona verstehen



Man merkt so gleich, dass diese für wissenschaftliche Laien mit im Handel erhältlichen Versuchsmaterialien durchführbaren (Schul-)Versuche

von einem Team entwickelt wurden, das sich in der Schulpraxis auskennt, und das „Herunterbrechen“ komplexer Sachverhalte textlich und zeichnerisch auf ein vernünftig didaktisch-methodisch reduziertes Niveau versteht. Die Modellversuche machen mit wenig technischem Aufwand vieles zu „Corona“ klar, was in den Medien zwar verbreitet wird, jedoch nicht immer fachlich vom Zuschauer nachvollziehbar ist. Als sinnvolle Ergänzung wäre zwar eine kurze Kommentierung der generellen Möglichkeiten und Grenzen von Modellen in den Naturwissenschaften schön gewesen. Aber berechtigterweise wird der Fokus auf die Experimente gerichtet: zuweilen originell und spannend in der Durchführung, einfach nachzumachen sowie aussagekräftig. Sie spielen wesentliche Wirkmechanismen der Coronaviren mit deren Folgen und Möglichkeiten der Bekämpfung wider. Der „Experimentator“ wird schrittweise durch die Versuche geführt, erfährt, was im Idealfall als Ergebnis hätte herauskommen bzw. gezeigt werden sollen und wie sich das jeweilige Phänomen erklären lässt. In Merkkästchen bietet das Autorenteam interessante umrahmende Informationen zu beispielsweise Versuchsmaterialien, biochemischen Hintergründen oder technischen Verfahren.

Zu den Themen Virenverbreitung, (Geld-)Übertragungswege, Aerosole und deren Verbreitung, verschiedene Masken auf dem Prüfstand, Praxis des Händewaschens und der Herstellung plus Wirkung

von Desinfektionsmitteln gesellen sich mathematische Modelle und Simulationen zu Testdaten, Reproduktionszahlen und eine Zukunftsprognose. Viele aus den Medien bekannte spekulative Fakten stellen sich dann ganz anders dar und ermöglichen neben einer sachlich wissenschaftlichen Bewertung auch den Freiraum für eigene Erkenntnisse und Einschätzungen. Hier geht es nicht um Besserwisserie, sondern um Sachwissen, munter geschrieben und auch mit dem einen oder anderen Spannungsbogen.

Fazit: Eine gelungene (chemische) Mixtur aus Sachinformationen, der Möglichkeit zum selbstentdeckenden Lernen mit z. T. Spaßfaktor und auch optimistischen Strömungen vor dem Hintergrund der Corona-Problematik.

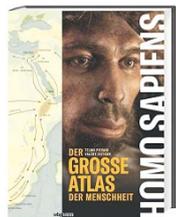
*Christiane Högermann,
Osnabrück*

Corona zwischen Mythos und Wissenschaft.

Mit Tonic Water & Co. in 13 Experimenten die Pandemie verstehen. Lars Otte, Marco Beeken, Bombini Verlag, Bonn, 2020, 196 S., 16,95 €, ISBN 978-3-946496-21-2

ANTHROPOLOGIE

Atlas der Menschheit



Unser Wissen über die Geschichte der Menschheit ist in den letzten Jahrzehnten durch viele erfolgreiche Ausgrabungen

und vor allem durch DNA-Analysen gewaltig gewachsen. Dieser Atlas, der im Original in Frankreich bei Editions Glénat 2019 erschien, ist von zwei ausgewiesenen Autoren geschrieben worden: Telmo Pievani ist ein italienischer Evolutionsbio-

loge und Philosoph, Valéry Zeitoun ein Paläoanthropologe. Beide Autoren sind Kenner der Materie und haben nun einen hervorragend illustrierten Atlas vorgelegt, der die aktuellen Forschungsergebnisse aus der Paläoanthropologie, Genetik und Geographie berücksichtigt. Es ist faszinierend zu sehen, wie man heute erklären und darstellen kann, woher wir Menschen kommen und wie wir die Erde besiedelten.

Im ersten Kapitel geht es um die Wurzeln von *Homo sapiens* in Afrika (Zeitraum 6.000.000 bis 100.000 Jahre), um die Vorfahren der Gattung *Homo* sowie die ersten Wanderungen innerhalb Afrikas und von Afrika nach Europa und Asien. Das zweite Kapitel betrachtet den Zeitraum von 500.000 bis 25.000 Jahren, mit besonderer Berücksichtigung des Neandertalers und anderen Arten/Unterarten von *H. sapiens*. Hier kommen bereits die neuen Befunde aus der Genomforschung zum Tragen, die zeigen, dass Neandertaler und Denisova-Mensch sich untereinander und vor allem mit *H. sapiens* vermischt haben, so dass auch wir heute noch, nach dem Aussterben des Neandertalers und Denisova-Menschen, ihre Gene in uns tragen.

Im Zeitraum 60.000 bis 10.000 Jahre (Kap. 3) hat sich *H. sapiens* über Asien und Europa nach Australien und in die neue Welt ausgebreitet. Ab 40.000 Jahren finden wir bereits eine hochentwickelte Kultur mit Schnitzereien, Höhlenmalereien und rituellen Bestattungen. Im 4. Kapitel geht es um die rezente Geschichte der Menschheit in den letzten 12.000 Jahren. Hier werden die vielfältigen Wanderungen der Menschen (die uns über DNA-Analysen zugänglich wurden) anschaulich und detailliert dargestellt. Auch bestimmte menschliche Phänotypen wie Hautfarbe und Laktosetoleranz werden diskutiert. Im letzten Kapitel geht es um den Zusammenhang zwischen den genetischen Daten und die mögliche Evolution der vielen menschlichen Sprachen.

Dieser Atlas zeigt Bilder von den diversen Fundstellen, den Knochenfunden und Artefakten. Wie man bei einem Atlas erwarten würde, liegt ein Schwerpunkt auf der kartografischen Darstellung der Wanderungen des Menschen und den ökologischen Rahmenbedingungen.

Dieses Buch ist hervorragend und gefällig gestaltet und für den an Evolution und Anthropologie interessierten Leser eine absolute Bereicherung. Man kann in diesem Buch mit Vergnügen schmökern und dabei viele neue Erkenntnisse gewinnen.

Michael Wink, Heidelberg

Homo sapiens.

Der große Atlas der Menschheit. Telmo Pievani und Valéry Zeitoun, wbg Theiss, Darmstadt, 2020, 208 S., 70 €, ISBN 978-3-8062-4231-7.

RATGEBER

Tiere im Garten



Andreas Barlage hat sich schon als Jugendlicher für das Gärtnern interessiert und später Gartenbau an der Uni Hannover studiert. Er kennt sich mit allen „Viechern“ aus,

die einem Hobbygärtner über den Weg laufen. Er schätzt die Nützlinge und schönen Insekten und Vögel im Garten, kann aber auch ein Lied von den Tieren singen, die einem Gärtner Kummer machen können, wie Schnecken, Wühlmäuse oder Wildschweine. Die ersten 22 jeweils ein- bis zweiseitigen Kapitel sind den Lieblingen im Garten gewidmet, also den Käfern, Schmetterlingen, Bienen, Igel und Vögeln. Die nächsten 22 Kapitel erörtern die Frage, wie man die Helfer im Garten unterstützen kann, damit sie sich

ansiedeln und wohlfühlen. In den folgenden 7 Kapitel geht es um Tiere des Bodens (Regenwürmer, Maikäfer, Maulwurf und Wühlmäuse) und dann in 23 Kapiteln um ungeliebte Gäste im Garten. Dazu zählt Andreas Barlage diverse Insekten (Blattläuse, Ameisen, Mücken, Wespen, Buchsbaumzünsler), Wühlmäuse, Schnecken, Kaninchen, Waschbären, Ratten und Co. Die Kapitel fußen auf Erfahrungen und Erlebnissen des Autors mit den diversen Tieren, aber auch auf anekdotischen Informationen und Kuriositäten aus der Gärtnere Welt. Die Kapitel sind amüsant und in leichter Sprache geschrieben; sie gehen aber kaum auf die wissenschaftlichen Hintergründe ein. Dieses Buch ist gefällig gestaltet und wird jeden Gartenliebhaber erfreuen und manchen brauchbaren Praxistipp liefern, wie man die Biodiversität im eigenen Garten nachhaltig fördern kann.

Michael Wink, Heidelberg

Wie kommt die Laus aufs Blatt?

Wissenswertes und Kurioses rund um die Tiere in unserem Garten. Andreas Barlage, Jan Thorbecke Verlag, Ostfildern 2021, 184 S., 22 €, ISBN 978-3-7995-1479-8.

ZELLBIOLOGIE

Streifzüge durch die Geschichte



Liest man den Titel dieses Buchs, denkt man vermutlich spontan an die Urväter der Zellbiologie, nämlich an Antoni van Leeuwenhoek (1632–

1723) und seine Animalcula sowie an Robert Hooke (1635–1703) und seine Cellulae. In der Tat sieht Helmut Plattner, der sicherlich vielen Biuz-Lesern als Autor des im Thieme

Verlag unterdessen in 5. Auflage erschienenen Lehrbuchs *Zellbiologie* bekannt ist, die Wiege der Zellbiologie in diesem Zeitraum und beginnt seine Streifzüge hier, um dann aber seinen Fokus sehr schnell zunächst auf Mitte/Ende des 19. und dann recht bald auf die Mitte des 20. Jahrhunderts bis in unsere Zeit zu verlegen. Denn, wie man weiß, hat das Lichtmikroskop, das zentrale Untersuchungsinstrument der Zellbiologie, einen über zweihundertjährigen Dornröschenschlaf verbracht, bevor es für wissenschaftliche Zwecke eingesetzt wurde.

Versucht man, die Geburtsstunde der Zellbiologie exakt zu datieren, wird man bald realisieren, dass dies kaum möglich ist, da sie sich über einen längeren Zeitraum nach und nach als wissenschaftliche Disziplin aus Teilbereichen verschiedener Fachrichtungen der Biologie entwickelt hat, was sich unter anderem aus den Bezeichnungen für entsprechende damalige Forschungseinrichtungen ablesen lässt. So gab es anfangs beispielsweise Institute für Mikromorphologie, Cytologie, Zellforschung oder Zellenlehre, bis sich schließlich Mitte der 1960er Jahre die Bezeichnung Zellbiologie durchsetzte. Übrigens: Erst 1965 wurde an der Universität Bonn deutschlandweit die erste Zellbiologie-Professur etabliert.

Es würde den Rahmen dieser Besprechung sprengen, wollte man die Inhalte der 18 faktenreichen Kapitel auch nur kurz referieren und kommentieren. Im Prinzip werden alle Aspekte der Zellbiologie unter dem Blickwinkel Struktur-Funktion abgedeckt, von der mikroskopischen Dimension bis in den molekularen Bereich.

Generell ist zu dem Buch zu sagen, dass es eine ausgesprochen detaillierte und fundierte, gut lesbare Darlegung der – im oben umrissenen Sinne – historischen Entwicklung vieler Facetten der Zellbiologie ist. Dabei lässt der Autor immer wieder einfließen, welche

Puzzlesteine er mit seiner Arbeitsgruppe zum Verständnis des großen Rätsels „Zelle“ beigetragen hat. Er selbst war eine wichtige Person dieses Geschehens. Das Werk ist somit keine nüchterne Historie, sondern man spürt die große Leidenschaft durch, mit der Helmut Plattner seine Forschung betrieben hat. Er erwähnt immer wieder international bekannte und anerkannte Wissenschaftler, mit denen er nicht nur kooperiert hat, sondern unterdessen auch befreundet ist. Es finden sich hin und wieder sogar privat-persönliche Anmerkungen.

Die Erforschungswege und die Forschungsergebnisse sowie die Menschen, die hinter der Forschung stehen, werden natürlich genauso wie die Forschungsschwerpunkte selektiv mit den Augen des Autors gesehen. Er hat für sich entschieden, welche Persönlichkeiten und welche Resultate erwähnt werden und welche nicht. So darf es den Leser nicht wundern, dass er in bestimmten Zusammenhängen bisweilen vergeblich nach in seinen Ohren wohlklingenden Forschernamen und Forschungsbereichen sucht.

Charakteristisch für dieses Werk sind die zahlreichen Querverweise, die es dem Leser ermöglichen, Zusammenhänge und Entwicklungen zu erkennen, bis hin zur Erläuterung der Leistung zahlreicher, auf dem Gebiet der Zellbiologie forschender Nobelpreis-Laureaten, von deren wichtigen und vielfach bahnbrechenden Erkenntnissen nicht nur berichtet wird, sondern deren Forschungsmethoden oft an Hand der Originalpublikationen erläutert werden. Man kann nur erahnen, welch unglaubliches Wissen und welch immensen Überblick der relevanten Literatur Helmut Plattner haben muss, und das über einen Zeitraum von mindestens sechs Dekaden, im Wesentlichen über seine aktive Zeit im Labor. Primär in dieser Zeitspanne sind seine *Streifzüge durch die Geschichte* angesiedelt.

Das Buch endet mit einem sehr nützlichen 73-seitigen „Serviceteil“, bestehend aus einem 22-seitigen Glossar, einem 14-seitigen Personen- sowie einem 37-seitigen Stichwortverzeichnis. In der „Zitierten Literatur“ am Ende eines jeden der 18 Kapitel findet der Leser insgesamt knapp 900 Verweise auf die im Text angesprochenen Publikationen.

Trotz dieser generell sehr positiven Einschätzung des Buches seien einige kritische Bemerkungen erlaubt: Das Softcover macht aus dem Buch einen gefürchteten Regalrutscher. Angemessener wären bei einem Buch dieses Umfangs (33 mm Dicke) und dieses Gewichts (1035 g) ein Hardcover sowie eine Fadenbindung. Angesichts der in diesem Buch behandelten Thematik und den damit verbundenen vielfältigen Querverweisen wären zwei Lesebändchen eine freundliche Aufmerksamkeit dem Leser (und somit Käufer) gegenüber gewesen. Der aus verkaufsstrategischen Erwägungen vom Verlag auf fragwürdige 39,99 Euro festgelegte Preis würde durch diese qualitativ anspruchsvollere Ausstattung dann sicherlich die 40,00-Euro-Grenze überschreiten, aber ganz bestimmt nicht wesentlich, wie der Rezensent aus eigener Erfahrung weiß.

Das sind allerdings nur fertigungstechnische Defizite. Wesentlicher ist, dass bei einem Teil der Abbildungen eine zu geringe Vergrößerung vorliegt. Insgesamt gesehen scheint auf die Wiedergabe der Abbildungen keine besondere Sorgfalt gelegt worden zu sein. Der Hintergrund mag sein, dass kein den Bildinhalten gerecht werdendes Layout zugrunde gelegt wurde. So gibt es verschiedene, vom Detailreichtum eines jeweiligen Bildes losgelöste Größen der Abbildungen und deren Platzierung auf der entsprechenden Buchseite. Zur Textgestaltung ist positiv festzuhalten, dass ein ansprechendes Layout zugrunde gelegt und ein haptisch angenehmes, mattes und nicht durchschei-

nendes, daher lesefreundliches Papier ausgewählt wurde.

Irritierend ist, dass Worttrennungen vielfach einem nicht nachzuvollziehenden System folgen. Dem Rezensenten ist zwar bewusst, dass heute, zumindest im Englischen, beispielsweise das Wort Mikroskop nicht den Silben und Wortstämmen folgend, also Mi-kro-skop, sondern nach welchen Regeln auch immer Mik-ros-kop getrennt wird. Das wird dann im Text allerdings nicht konsequent, sondern scheinbar willkürlich, nämlich mal so und mal so, gehandhabt. Dies trifft für verschiedenste lateinisch/griechisch stämmige Fachtermini zu. Verblüffend sind relativ häufige, vielfach sehr eigentümliche Worttrennungen. Hier einige Beispiele: Ras-te-relekttronenmikroskop (S. 64), Kreb-soperation (S. 83), Glukose/Na⁴-Kot-ransport (S. 92). Diese Unzulänglichkeiten schmerzen bei der Lektüre und hätten vor der Drucklegung sicherlich leicht behoben werden können. Aber es hat sich in der Endphase wohl keiner für ein finales Korrekturlesen verantwortlich gefühlt.

Gemessen an dem ungeheuren Informationsreichtum dieses Buches treten derartige Mängel allerdings rasch in den Hintergrund. Helmut Plattner legt mit dem *Abenteuer Zellbiologie* ein Werk vor, das derzeit im deutschsprachigen Raum seinesgleichen sucht und für jeden, der an historischen Zusammenhängen und Entwicklungslinien von Erkenntnissen in der Biologie interessiert ist, eine Bereicherung bedeuten wird.

Klaus Hausmann, Berlin

Abenteuer Zellbiologie – Streifzüge durch die Geschichte.

Helmut Plattner, Springer Spektrum, Heidelberg, 2021, 518 S., 39,99 €. ISBN 978-3-662-62117-2 (Printversion), 978-3-662-62118-9 (e-Book).

AUSSERSCHULISCHE LERNORTE

Tiergarten Weilburg – „Heimische“ Wildtiere in Mittelhessen

Der von HessenForst betriebene Wildpark „Tiergarten Weilburg“ liegt zwischen Westerwald und Taunus und ist eine Stätte mit langer kulturhistorischer Tradition. Zunächst im 16. Jahrhundert als gräflicher Jagd-park angelegt, werden hier in weitläufigen und naturnahen Gehegen einheimische und ehemals einheimische Wildtierarten gezeigt. Neben den Tieren geben artenreiche Laubwaldbestände zusammen mit malerischen Wiesenzügen, funkelnden Wasserflächen und historischen Gebäuden (Abbildung 1) dem fast 100 Hektar großen Park ein einzigartiges Gepräge.



ABB. 1 Historisches Bauernhaus im Kassenbereich. Foto: Gregor Schwaderlapp.

Die Geschichte des Weilburger Wildparks geht bis ins 16. Jahrhundert zurück. Damals wurden Damhirsche für jagdliche Zwecke für die ansässigen Grafen aus Holland eingeführt. Die mehrere Kilometer lange Bruchsteinmauer, die das ca. 100 ha große Gebiet einschließt, ist bis heute erhalten und steht unter Denkmalschutz. Damwild erfreute sich damals in den herrschaftlichen Wäldern einer besonderen Beliebtheit und diente der Verköstigung am Hofe. Ursprünglich stammen diese charakteristisch gefleckten Hirsche mit dem schaufelförmigen Geweih aus Klein- und Mittelasien und wurden durch die Phönizier und Römer eingeführt. In Weilburg können die

Besucher heute das Gehege dieser attraktiven Tiere durchwandern und sie so direkt und aus nächster Nähe ohne störenden Zaun beobachten.

Dem Leipziger Hofgärtner Johann Martin Petri ist die besondere landschaftliche Ästhetik des Parks zu verdanken. Schon im Eingangsbereich blickt der Besucher in ein mit Bergrücken, Wiesentälern und Weihern reichhaltig gegliedertes Landschaftsbild. Hervorzuheben ist der artenreiche und altersgemischte Baumbestand. Vor Jahrhunderten gepflanzte Eichen und Buchen, die inzwischen zu uralten, trutzigen Baumgestalten herangewachsen sind, kann man noch heute als lebende Zeitzeugen bewundern. Diese wur-

den ursprünglich als Weide- oder Hutebäume gepflanzt und dienten mit ihren Bucheckern und Eicheln als Viehweide.

Wildtiere beobachten

Durch die großräumigen, strukturreichen und mit Bäumen bestandenen Gehege, in denen sich die Tiere auch verstecken können, kommt man sich zuweilen vor wie in der freien Wildbahn. Hier bedarf es mitunter schon einmal des genauen Beobachtens, bis man die Tiere entdeckt. Besucherbefragungen zufolge macht aber gerade das den besonderen Reiz dieses Wildparks aus. Die Braunbärenanlage beispielsweise umfasst alleine 11.000 m² und beherbergt zwei Bären, die in der Tatra mütterlos aufgegriffen wurden. Mit ihrem rundlichen Gesicht, das uns durch das Kindchenschema anspricht, dem kuscheligen Fell und der Fähigkeit, sich menschenähnlich aufzurichten, zählen sie zu den Publikumslieblichen. Auch die anderen zwei großen Prädatoren der mitteleuropäischen Wälder, Luchse (Abbildung 2) und Wölfe, werden in Weilburg gepflegt. Insbesondere das Interesse an den Wölfen scheint durch die vermehrten Nachrichten über Wolfssichtungen und die daraus entstandene kontroverse Diskussion gestiegen zu sein.



ABB. 2 Zwei gut getarnte Luchse. Foto: HessenForst.

Insgesamt sind in Weilburg über 100 Tiere aus 20 Arten zu sehen. Unter den großen Paarhufern kann man neben Rothirschen und Elchen auch die stattlichen Wisente bewundern. Diese größten Landsäugetiere Europas sind eng mit dem nordamerikanischen Bison verwandt und wurden in Europa in freier Wildbahn fast ausgerottet. Die heute lebenden Wisente sind Nachkommen von wenigen, in zoologischen Gärten und Wildgehegen gehaltenen Tieren. Die wahrscheinlichen Vorfahren unserer Hausrinder, die Auerochsen (Abbildung 3), konnte man so leider nicht vor dem Aussterben retten. 1627 starb der letzte Auerochse in Polen. In Weilburg kann man sich allerdings Rinder anschauen, deren Aussehen durch gezielte Kreuzungen dem der Urrinder ziemlich nahekommt. Natürlich fehlen die allseits beliebten Wildschweine ebenso wenig wie Mufflons, Wildkatzen, Tarpäne, Przewalski-Pferde oder die verspielten Fischotter. Den Steinböcken (Abbildung 4) steht ein sich auf dem Gelände befindlicher

Steinbruch als lebensraumnahes Gehege zur Verfügung.

Biodiversität erleben

Ein besonderer Schwerpunkt stellt die Bildungsarbeit und hier speziell die Waldpädagogik dar. Es werden unterschiedlichste Führungen und Fachvorträge für alle Zielgruppen und zu speziellen Themenstellungen angeboten. Ein besonders innovatives Führungskonzept des Wildparks wurde in BiuZ 1/2017 vorgestellt und ist 2020 als offizielles Projekt der UN-Dekade Biologische Vielfalt ausgezeichnet worden. Hier können Lehrkräfte ein mit Mitmach- und Anschauungsmaterialien ausgestattetes Handwagen – das „Entdeckermobil“ – nutzen, um ihre Schüler/-innen selbst durch den Wildpark zu führen (Abbildung 5). Daneben gibt es verschiedene Lehrpfade und Lernstationen zu Themen wie Pilze, Bienen und Baumarten.

*Jürgen Strob, Forstamt Weilburg
Volker Wenzel,
Goethe-Universität Frankfurt*



ABB. 3 Auerochse in Weilburg. Foto: Dorothee Scherer.



ABB. 4 Steinbock während der Brunft. Foto: Dorothee Scherer.

BESUCHERINFORMATION

Öffnungszeiten:

Der Wildpark „Tiergarten Weilburg“ ist das ganze Jahr geöffnet.

Sommer: 9:00 Uhr bis 19:00 Uhr (letzter Einlass 18:00 Uhr)

Winter: Oktober/November: 9:00 Uhr bis 17:00 Uhr, Dezember/Januar: 9:00 Uhr bis 16:30 Uhr

Die aktuellen Corona-Bestimmungen finden Sie unter <https://www.hessen-forst.de/tiergarten-weilburg/>.

Adresse:

Wildpark Tiergarten Weilburg

Tiergartenstraße

35781 Weilburg

Tel.: 06471 626284

E-Mail: info@wildpark-weilburg.de

Hinweis für Menschen mit Behinderung:

Parkplätze für Menschen mit Behinderung befinden sich nahe des Besuchereingangs auf gleichem Geländeneiveau. Breite, feste Naturwege im ganzen Park sowie teilweise ebenes Gelände ermöglichen das Befahren mit Hand oder elektrisch betriebenen Rollstühlen jederzeit. Toiletten für Menschen mit Behinderung sind im Eingangsbereich sowie in der Gaststätte vorhanden.



ABB. 5 Entdeckermobil im Einsatz. Foto: Volker Wenzel.

AUSSERSCHULISCHE LERNORTE

Arche-Tierpark in Warder

„Nur was wir kennen, lieben und schätzen, das schützen wir auch“. Dieses Motto ist das Leitmotiv des europaweit größten Tierparks, der sich der Erhaltung und Nachzucht alter sowie inzwischen seltener, vom Aussterben bedrohter Tierrassen verschrieben hat. Dabei wird auch Wert auf die Kontrastierung zur Massentierhaltung gelegt.



ABB. 1 Der gefährdete Poitou-Esel ist mit einem Stockmaß von bis zu 150 Zentimetern so groß wie ein kleines Pferd. Alle Fotos: Lisa Iwon.

In diesem ca. 40 ha großen, behindertengerechten Landschaftspark, der aus einem Tierpark aus Privatbesitz entstanden ist, haben die Besucher die Möglichkeit, neben der direkten Begegnung in zum Teil begehbaren Gehegen mit ca. 1200 Tie-

ren aus 84 Haustierrassen und Wildstammformen viel Wissenswertes über die Rassen zu erfahren. Trägerverein ist der Arche Warder e. V., ein gemeinnütziger Verein, an den man für das Projekt spenden kann. Mehrere Satellitenstationen, die Erhaltungszucht, ein umfassendes pädagogisches Angebot, die Vernetzung mit anderen (Nach-)Züchtern einschließlich der Zusammenarbeit mit dem Agrarbereich sowie die wissenschaftliche Forschung bilden die fünf Säulen der Einrichtung. Die seltenen Rassen sind ein Beitrag zur Biodiversität und stellen einen wichtigen Genpool dar, das heißt, durch die Gesamtheit der modernen und alten Rassen erweitert sich die Breite der Genvarianten. Auch im botanischen Bereich (Bauerngarten, Kräuterspirale, Obstgärten mit beispielsweise alten Apfelsorten, Erhaltung der natürlichen Vegetation und zusätzliche Blühwiesen für Insekten) wird diesem Anspruch Rechnung getragen. Eine maximal verhaltensgerechte Haltung der Tiere wird ebenso umgesetzt,

ÖFFNUNGSZEITEN

15. März bis 1. November:
täglich ab 10.00 Uhr

Der Tierpark ist trotz der Corona-Pandemie geöffnet.
Bitte informieren Sie sich in Bezug auf die Bestimmungen unter www.arche-warder.de

Eintrittspreise:
Erwachsene/Senioren: 10 Euro
Kinder (4–17 Jahre): 7 Euro
Schüler/Studenten/Menschen mit Behinderung: 8 Euro (Erwachsene), 6 Euro (Kinder)

was sich z. B. in dem alleine schon 8 ha großen Gehege der Poitou-Esel (Abbildung 1) widerspiegelt. Weitere Bereiche mit einer großen Rassenvielfalt sind beispielsweise die Schaf-, Rinder- und Geflügelweiden (Abbildungen 2 und 3) sowie Teiche für Wasservögel. Für Familien werden kleine Holzhütten im Sommer und ganzjährig zwei Ferienwohnungen angeboten; ebenso sind touristische Angebote wie Kutschfahrten und Ponyreiten im Programm. Hinzu kommen viele Wanderrouten durch eine abwechslungsreiche Naturlandschaft. Das pädagogische Konzept vermittelt altersgerecht durch die Begegnung mit den Tieren die Sinnhaftigkeit des Erhalts alter Rassen.

Christiane Högermann, Osnabrück



ABB. 2 Das Telemarkrind stammt aus Norwegen und zählt zu den ältesten professionell gezüchteten Rinderrassen überhaupt.



ABB. 3 Das schwarze Gefieder der „Bronzepute“ weist einen starken Bronzeglanz auf.

PARTNER DES MENSCHEN

Brotweizen: vom Wildgras zur bedeutendsten Ackerpflanze weltweit

Weizen, genauer Brotweizen, ist mit einer Anbaufläche von mehr als 215 Millionen Hektar die weltweit bedeutendste Fruchtart und neben Mais und Reis von enormer Bedeutung für die Welternährung. Aus unscheinbaren Gräsern der östlichen Mittelmeerregion entstand durch natürliche Kreuzung und mit einem enormen Züchtungsaufwand der heutige Brotweizen mit einem Ertragspotenzial von bis zu 12 Tonnen je Hektar.

Mit Weizen verwandtes Getreide wird nachweislich seit mehr als 23.000 Jahren angebaut. Archäologisch ist der Anbau von Brotweizen (*Triticum aestivum*, Abbildung 1) erstmals vor etwa 8000 Jahren nachweisbar. In seiner heutigen Form vereinigt er die Erbinformation mehrerer sehr unterschiedlicher Gräser und besitzt in seinen Zellkernen einen sechsfachen Chromosomensatz. Eine natürliche Kreuzung verschiedener Arten gefolgt von einer Verdopplung der Chromosomen lässt sich in Gräsern oft beobachten und resultiert häufig in einem Zuwachs an Biomasse.

Die Wildgräser hatten mit dem heute bekannten Weizen zunächst wenig gemein und waren Bestandteil der natürlichen Vegetation des Mittelmeerraums. Dort wuchsen bereits vor 500.000 Jahren Gräser wie Ureinkorn (*Triticum urartu*), Tauschs Ziegenras (*Aegilops tauschii*) und *Aegilops speltoides*. Die natürliche Kreuzung von Ureinkorn und *Aegilops speltoides* im Zeitraum von 350.000 bis vor 150.000 Jahren resultierte in der Entstehung des tetraploiden Wildemmers (*Triticum turgidum*), aus dem durch Selektion vor etwa 10.000 bis 12.000 Jahren Emmer und Hartweizen (*Triticum durum*) hervorgingen. Erst vor etwa 7000 bis 9000 Jahren kam es zu einer erneuten natürlichen Kreuzung des Emmers mit einem *Aegilops*-Gras (*Aegilops tauschii*). Archäologische Funde zeigen, dass Weizen im fruchtbaren Halbmond, der von der östlichen Türkei über

Syrien bis nach Mesopotamien reicht, entstand [1].

Der Mensch wird sesshaft

Der gezielte Anbau von Einkorn, Emmer und später Weichweizen führte zur neolithischen Revolution, während der aus Jägern und Sammlern sesshafte Bauern wurden, die Landrassen anbauten [2]. Solche Landrassen sind mit den heute angebauten Sorten mit ihren einheitlichen Anbau-, Qualitäts- und Ertrags-eigenschaften nicht vergleichbar. Es handelte sich um eine Mischung genetisch unterschiedlicher Weizenpflanzen, die aber im Hinblick auf wichtige Eigenschaften bereits selektiert wurden. Für eine erfolgreiche Ernte mussten bestimmte Voraussetzungen vorliegen, die in wildwachsenden Populationen zuvor evolutionär von Nachteil waren.



Dies lässt sich an den unterschiedlichen Ährenformen gut erkennen (Abbildung 2a). Um eine Ernte zu ermöglichen, müssen Pflanzen möglichst gleichzeitig abreifen. Körner dürfen nicht bereits vor der Ernte ausfallen, d. h. die Ährenspindel muss so stabil sein, dass sie nicht bereits während der Ernte zerfällt (Abbildung 2b). Weitere Faktoren, die beim Blick auf heutige Getreidefelder nicht in den Sinn kommen,

ABB. 1 Moderne Weichweizensorte (*Triticum aestivum*). Fotos: A. Serfling.

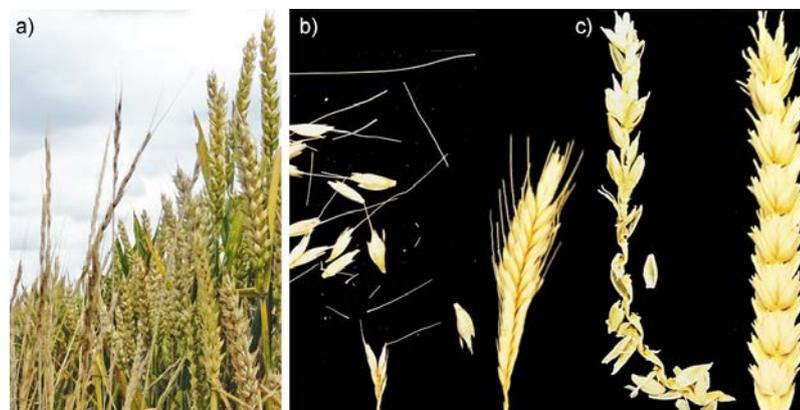


ABB. 2 a) Unterschiedliche Ährenform von *Aegilops* (links) und einer Weizensorte (rechts). b), c) Unterschied zwischen spindelbrüchigen und spindelfesten Ähren. Gezeigt sind die spindelbrüchigen Ähren des Einkorns (b) sowie die spindelfesten Ähren des Weizens (c) jeweils nach und vor dem Dreschen. Fotos: A. Serfling.



ABB. 3 Getreideernte im 16. Jahrhundert. Auffällig ist die enorme Länge der Pflanzen. Bild: Pieter Bruegel der Ältere, 1565.

die es jedoch zu verhindern galt, sind die Keimung des Kornes bereits in der Ähre, Anfälligkeit gegenüber Krankheiten oder eine geringe Keimfähigkeit des Saatguts. Diese Selektion beschränkte sich auf das natürliche Vorkommen genetischer Variabilität und berücksichtigte damit auch natürliche Kreuzungen, die in vorteilhaften Eigenschaften mündeten. Aussaat, Anbau und Ernte erfolgten bis zur Entwicklung leistungsfähiger Techniken auf einfache Weise per Hand und waren mit großen körperlichen Anstrengungen und Arbeitsaufwand verbunden, so dass ein Großteil der Bevölkerung bis ins späte Mittelalter in der Landwirtschaft arbeitete (Abbildung 3).

Züchtungsfortschritt und grüne Revolution

Erst mit Gregor Mendels Untersuchungen der Erbsen, die 1856 in den

Mendelschen Regeln mündeten, begann die Züchtung erster Weizensorten im heutigen Sinne. Die Züchtungsarbeit konzentrierte sich zunächst auf die Resistenz gegen epidemisch auftretende Krankheiten, die Weizenernten vernichten konnten und in der Folge zu Hungersnöten führten. Regelmäßig auftretende Epidemien des Schwarzrosts und anderer Getreideroste sind bis in die Zeit vor 5000 Jahren nachweisbar, sorgten aber noch 1950/51 für einen Ernteverlust von 20 Prozent in Schweden. Pilz- und Schädlingsbefall, aber auch Kälte oder Staunässe führten zu hohen Ertragsverlusten. Mit der gezielten Züchtung und der Nutzung effektiver Resistenzen, der Toleranz gegen Kälte sowie mit der Anwendung von Pflanzenschutzmitteln konnten Erträge gesichert werden. Entscheidend für die Entwicklung des Wei-

zens zur weltweit bedeutendsten Fruchtart waren mehrere Meilensteine der Weizenzüchtung: Nutzung der Mendelschen Regeln, die Gründung von Züchtungsinstituten, Definition des Sortenbegriffs und des Sortenschutzes, die Bildung von Genbanken für Weizenherkünfte, Vernetzung der Züchtergemeinde mit Forschungsinstituten (siehe Kasten), Weitergabe von Saatgut und Informationen über auftretende Krankheiten sowie die züchterische Entwicklung von Sorten mit Resistenz, kurzem Halm, hohem Ertrags- und Qualitätspotenzial.

Der Ertrag als eines der wichtigsten Kriterien entwickelte sich ab den 1950er Jahren stetig nach oben. Die grüne Revolution begann in Mexiko mit der Nutzung kurzstrohiger Sorten [3]. Diese besaßen eine stabile Halmbasis und einen kurzen Halm, waren so vor dem Umknicken geschützt und bildeten mehr fertile Blüten pro Ährchen, mehr Ährchen pro Pflanze und mehr Seitentriebe, die ebenfalls Ähren bildeten. Dies ermöglichte eine effizientere Gabe von Stickstoffdüngern. Während langstrohige Sorten bereits bei geringen Stickstoffgaben umknickten, führte die Gabe der dreifachen Menge an Stickstoff (150 kg/ha) zu einer Verdopplung der Erträge bei Kurzstrohsorten [3, 4]. Die grüne Revolution führte durch die Züchtung oben genannter Sortentypen und die Nutzung effektiver Resistenzen gegen Getreideroste sowie Verbesserungen im Pflanzenschutz zu jährlichen Ertragssteigerungen von 2–6 Prozent und ermöglichte in Indien und Pakistan stabile und steigende Erträge. Diese Länder konnten erstmals Getreide exportieren, und auch in Europa wirkten sich diese Züchtungserfolge aus. Erntete man 1960 in Deutschland im Durchschnitt noch 2,62 t je Hektar, entwickelte sich der Durchschnittsertrag bis zu einem Maximum von 8,6 t im Jahr 2014 [5].

Zukunft des Weizenanbaus

Nachdem seit den 1960er Jahren Erträge des Weizens kontinuierlich

VERNETZTE WEIZENZÜCHTUNGSFORSCHUNG

Um neue Erkenntnisse schnell in Sorten umsetzen zu können, ist die Weizenzüchtungsforschung in Deutschland in der Forschungs- und Züchtungsallianz proWeizen gebündelt, und sie ist in der internationalen "Wheat Initiative" aktiv. Bundesforschungsinstitute wie das Julius Kühn-Institut (www.julius-kuehn.de) kooperieren eng mit Universitäten im In- und Ausland, Züchtungsunternehmen, aber auch nationalen und internationalen Genbanken wie der des IPK Gatersleben und des CIMMYT (International Maize and Wheat Improvement Center).

anstiegen, stagnieren die Erntemengen oder sinken seit 2014 sogar. Grund dafür sind vor allem klimatische Veränderungen, die weltweit zu Ertragsverlusten führen. Hier werden zukünftig Sorten bereitgestellt werden müssen, die sich durch eine verbesserte Toleranz gegen Hitze und Trockenheit auszeichnen. Mit steigenden Temperaturen ändern sich auch Stressfaktoren wie Pilzkrankungen oder Befall durch Insekten, die sich durch milde Winter besser vermehren können. Sie übertragen zudem pflanzenpathogene Viren, die zu stark vermindertem Wachstum führen und nicht mit Pflanzenschutzmitteln bekämpfbar sind. Bisher existieren nur wenige oder gar keine Sorten mit Resistenz

oder Toleranz gegen Insekten und von diesen übertragene Viren. In Evaluierungsprojekten wird daher Material aus Genbanken, in denen Saatgut beispielsweise von Landrasen des Weizens und von weltweit durchgeführten Sammelreisen eingelagert ist, genutzt. Solche genetischen Ressourcen bieten die Möglichkeit, bisher nicht genutzte Resistenzen gegenüber Krankheiten zu identifizieren, aber auch die Widerstandsfähigkeit gegen Auswirkungen des Klimawandels zu verbessern [6].

Literatur

- [1] U. Maier (1996). Morphological studies of free-threshing wheat ears from a Neolithic site in southwest Germany, and the history of the naked wheats, *Veget Hist Archaeobot* 5, 39–55.
- [2] K. Tanno, G. Willcox (2006). How Fast Was Wild Wheat Domesticated?, *Science* 311(5769), 1886.
- [3] S. Abbo et al. (2006). The ripples of "The Big (agricultural) Bang": the spread of early wheat cultivation, *Genome* 49 (8), 861–863.
- [4] K. Borojevic, K Borojevic (2005). The Transfer and History of "Reduced Height Genes" (Rht) in Wheat from Japan to Europe, *Journal of Heredity* 96(4), 455–459.
- [5] <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>, abgerufen am 19.07.2021.
- [6] U. Beukert et al. (2020). The potential of hybrid breeding to enhance leaf rust and stripe rust resistance in wheat, *Theoretical and Applied Genetics* 133 (7), 2171–2181.

*Albrecht Serfling,
Quedlinburg,
albrecht.serfling@julius-kuehn.de*



Verband | Biologie, Biowissenschaften
& Biomedizin in Deutschland

Berufsfelder Biologie – hier gibt es den Überblick

Der VBIO hat achtzig spannende Porträts von Biowissenschaftlerinnen und Biowissenschaftlern im Beruf zusammengestellt. Berufsfeldübersichten, Kontaktadressen, Tipps und Internet-Links ergänzen die „Perspektiven“.

Perspektiven – Berufsbilder von und für Biologen und Biowissenschaftler

- Herausgegeben vom VBIO
- 10. überarbeitete Auflage, DIN A5, 256 Seiten, ISBN 978-3-9810923-3-2
- 14,00 Euro (inkl. Versand), 12,00 Euro (VBIO-Mitglieder),
- Direktbestellung über info@vbio.de



www.vbio.de

PERSPEKTIVEN BERUFSFELD BIOLOGIE





MANAGEMENT-FALLSTRICKE, TEIL 10

Verlustaversion

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?

Bruno Brummbär und Hanna Haselmaus trafen sich an der kleinen Quelle am Waldrand. Bruno summt vor Vergnügen, denn er hatte heute von einem riesigen Honigglas geträumt. Er war ein echtes Schleckermaul, und er liebte dieses zähe Zeugs über alles. Hanna Haselmaus beobachtete den Bären, als er gerade einen großen Schluck kühles Wasser trank. „Schmeckt’s?“, piepte die Maus. „Und wie“, bestätigte der Bär. Er leckte sich mit seiner großen Zunge über den Mund. Dann erzählte er ihr von seinem schönen Honigtraum. „Mein Leibgericht“, fügte er schwärmerisch hinzu. Die Maus nickte eifrig. Sie konnte das gut verstehen. Ihr Leibgericht waren Haselnüsse. Sie fraß zwar alles, was ihr unter die Nase kam, doch Haselnüsse waren geschmacklich einfach nicht zu toppen. Da sie gerade nichts anderes zu tun hatten, blieben beide an der Quelle sitzen und erzählten sich gegenseitig Geschichten von Honig und Haselnüssen. Als es Zeit wurde zu gehen, verabschiedeten sie sich voneinander

und machten sich auf den jeweiligen Heimweg. Im Laufe des Jahres trafen sie sich immer wieder an dieser Stelle und freundeten sich an. Die Geschichten von Honig und Nüssen fehlten dabei nie.

Als das Jahr sich zum Ende neigte, sollte eine große Weihnachtsparty aller Waldbewohner stattfinden. Die Tiere waren bereits in heller Aufregung, und zur Feier des Jahres verzichteten die meisten sogar auf ihren Winterschlaf. Schließlich war es so weit. Die Plätzchen waren gebacken, der Weihnachtsbaum stand geschmückt auf der kleinen Lichtung, und überall roch es so herrlich nach Zimt und Tannengrün. Zum Höhepunkt des Festes gab es sogar Geschenke für alle. Grüne und rote Päckchen standen liebevoll verpackt auf dem großen Baumstumpf bereit.

Bruno Brummbär war ganz aufgeregt. Was er wohl bekommen würde? Endlich war es soweit. Ungeduldig zerriss er das Papier. Was kam denn da zum Vorschein? Vorsichtig ließ er die kleinen Kügelchen

in seiner Tatze kreisen. Es waren Haselnüsse. Viele andere hatten auch schon ihre Päckchen geöffnet, als ein greller Pfiff ertönte. Erschrocken blickten die Tiere in Richtung des Raben. „Alle mal herhören“, krächzte der Rabe. „Es hat eine Verwechslung gegeben, ich bitte dies zu entschuldigen“. Leider haben wir die Päckchen falsch aufgeteilt. Bitte packt nochmal alles zusammen, dann korrigieren wir das. Ein großes Raunen ging durch die Menge. Hufe scharrten, Flügel flatterten. Die Tierwelt war nervös. Wie? Sie sollten ihre Geschenke wieder hergeben? Bruno Brummbär fand als erster seine Sprache wieder und rief entsetzt: „Zurückgeben? Nicht mit mir!“ Die Tiere um ihn herum unterstützten ihn durch heftigen Applaus. Schließlich sagte der Rabe: „Gut, wie ihr wollt, dann behält jeder das, was er jetzt bekommen hat“. Damit waren alle einverstanden. Und so kam es, dass Brummbär Bruno mit einem Säckchen Haselnüsse nach Hause kam und sich Hanna Haselmaus von nun an leckere Honigbrote zum Frühstück gönnte.

Und die Moral von der Geschicht': Meinen Besitz, den mag ich sehr, den geb' ich so schnell auch nicht mehr her.

*Ihre Andrea Hauk,
andrea.hauk@gmx.de*

FAKTENBOX

Man könnte meinen, dass der wirtschaftlich denkende Mensch immer rein rational agiert. Hier spielt uns aber unser Verstand durch die „Verlustaversion“ einen Streich. In Entscheidungssituationen verhalten wir uns nämlich ganz und gar nicht rational. Vielmehr trauern wir möglichen Verlusten durch die auftretenden Emotionen meist mehr hinterher, als uns Gewinne Freude bereiten. So würden wir eher nicht unseren gesetzlichen Urlaub reduzieren, um mehr Lohn zu bekommen. Einmal eingeführte Privilegien sind also fast nicht mehr wegzubringen. Auch tun wir uns schwer, die Aktie zu verkaufen, die ins Minus geraten ist. Lieber behalten wir sie

so lange, bis sie zumindest wieder den Einstiegskurs erreicht hat, selbst wenn die Investition dieses Geldes in unsere andere, gerade gut laufende Aktie viel mehr Gewinn bringen würde. Ganz nach dem Sprichwort „Lieber den Spatz in der Hand als die Taube auf dem Dach“ schlägt die Verlustaversion in vielen Bereichen zu. Im Produktgeschäft wird der Effekt beispielsweise dadurch sichtbar, dass Produktverantwortliche eher dazu tendieren, die sich schlecht verkaufende, alte Produktlinie immer wieder nachzubessern und weiter am Leben zu halten, statt frühzeitig in die Neuentwicklung einer weiteren Produktlinie zu investieren.

RÜCKBLICK

- 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
- 3/21 Fast Food macht den Embryo krank
- 3/21 Edmonds Urzeit
- 3/21 Das Potenzial der mRNA-Technologie
- 3/21 Das Navigationssystem der Vögel – Teil 2
- 3/21 Ökosystem Haus
- 3/21 Giftige Nahrungspflanzen
- 3/21 Maritime Funktionsmorphologie

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 Beiträgen 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 1/2022 erscheint im Februar 2022

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

Die unerwartet diversen Gifte der Hundertfüßer

Hundertfüßer verfügen über ein komplexeres und vielfältigeres Arsenal an Giften, als bisher bekannt war. Ein Grund hierfür ist vermutlich die Anpassung des Giftapparates an sehr unterschiedliche Lebensweisen und Beutetiere. Neue Studien beleuchten, wie die Giftproteine in den Hundertfüßern entstehen und evolvieren.



Gift- und Rauschpflanzen in der frühen Antike

In der Antike konnten Krankheiten und Naturphänomene noch nicht wissenschaftlich erklärt werden. Stattdessen suchten die Menschen Zuflucht in Mythen und Göttergeschichten. Unser Artikel zeigt, dass sich manches Phänomen mit unserem heutigen Wissen um Gift- und Rauschpflanzen erklären lässt.



Atacama: Die grüne Wüste Südamerikas?

Pionierorganismen wie Cyanobakterien, Grünalgen und Flechten können selbst in Wüsten Fuß fassen. Wie perfekt sie an das Leben in der Atacama-Wüste Chiles angepasst sind, und welche Strategien sie entwickelt haben, um an das benötigte Wasser und ausreichend Nährstoffe zu kommen, stellen unsere Autoren vor.



100 Jahre Forschung an Wanderheuschrecken

Schwärme von Wanderheuschrecken können ein Areal von mehr als 1000 Quadratkilometern verwüsten. Eine Bekämpfung ist heute nur durch großflächig eingesetzte Insektizide möglich. Zu erforschen, unter welchen Bedingungen sich die Schwärme bilden, ist deshalb ein wichtiger Beitrag zur Verbesserung der Lebensgrundlagen von Millionen von Menschen.



Große Artenvielfalt im Südpolarmeer

Die Tiefsee ist nicht nur der größte Lebensraum auf unserer Erde, sondern auch der am wenigsten bekannte. Im Südozean überrascht uns die Tierwelt immer wieder mit unbekanntem Artenreichtum, besonderen Anpassungen und einer Diversität, die ihresgleichen sucht.





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!

