

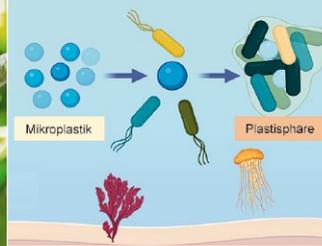
2 | 2022

VBio

Verband | Biologie, Biowissenschaften
& Biomedizin in Deutschland



ZOOLOGIE
Monogamie bei
Springaffen



MIKROBIOLOGIE
Bakterien als
Plastikmüllabfuhr

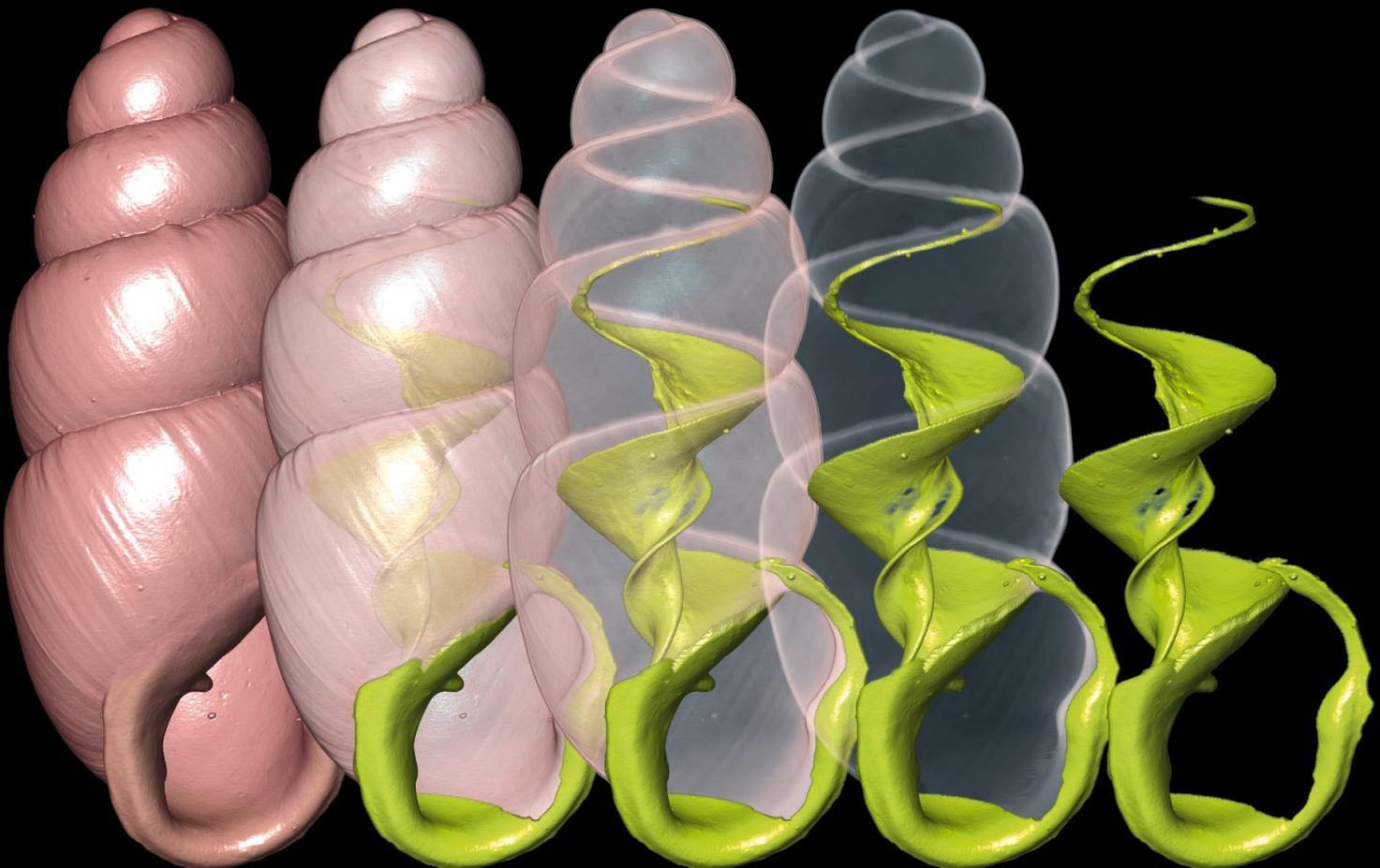


SCHULE
Die Immuno-Viren-
Show

BIOLOGIE

IN UNSERER ZEIT

**Mit Röntgen
in die dritte Dimension**



Lehrkräfteausbildung gemeinsam stärken!

Liebe Leserinnen und Leser, liebe Mitglieder des VBIO, Anfang April 2022 und damit mehr als zwei Jahre nach Beginn der Corona-Pandemie fallen die meisten staatlichen Alltagsbeschränkungen weg. In fast allen Bundesländern werden jedoch Maskenpflicht und Tests in Bildungseinrichtungen weitergeführt. Gerade in den Schulen hat die Corona-Pandemie zu einer übermäßigen Beanspruchung der Lehrkräfte ebenso wie der Schülerinnen und Schüler geführt. Stichworte sind hier das flexible Umstellen auf digitale Lernumgebungen bei mangelnder technischer Infrastruktur, aber auch pädagogische Herausforderungen wie beispielsweise Verkürzung der Lernzeit in Präsenz, der Umgang mit vulnerablen und schwer erreichbaren Gruppen oder Kontroversen zu den vorgeschriebenen Corona-Maßnahmen.

Die aktuell veröffentlichte Vodafone-Jugendstudie (2022) macht nachdenklich: 86 Prozent der 14- bis 24-Jährigen in unserem Land machen sich Sorgen um ihre Zukunft. Lediglich 23 Prozent haben die Erwartung, dass Deutschland seine selbst gesteckten Klimaziele bis 2050 erreichen wird, und nur 28 Prozent glauben, dass wir in Zukunft ein erstklassiges Bildungssystem bereitstellen können. 75 Prozent erleben die deutsche Demokratie als zu schwerfällig, um aktuelle und zukünftige Herausforderungen zu lösen. Die Corona-Pandemie hat junge Menschen geprägt, die mehrheitlich stärker als in den Jahrzehnten zuvor in eine ungewisse Zukunft blicken und Orientierung suchen. Bundespräsident Frank-Walter Steinmeier appellierte beim 10. Deutschen Schulleitungskongress in Düsseldorf in einer Video-Ansprache: „Es ist jetzt an uns, die junge Generation vor weiteren Schäden zu schützen.“ Bei Schulleitungen und Lehrkräften macht sich in der Corona-Krise ebenfalls Ernüchterung breit. Wie eine repräsentative Forsa-Umfrage im Auftrag des Verbands Bildung und Erziehung (VBE) jüngst zeigte, macht jede vierte Schulleitung ihre Arbeit aktuell ungern. Der Fach-Lehrkräftemangel wird am häufigsten als größtes Schulproblem genannt, gefolgt von Zeitmangel und Belastung als weitere Faktoren, die eine hochwertige Bildungsarbeit in den Schulen erschweren.



Prof. Dr. Kerstin Kremer ist Professorin für Biologiedidaktik an der Justus-Liebig-Universität Gießen. Sie gehört dem Präsidium des VBIO an und ist Vorsitzende der Fachsektion Didaktik der Biologie (FDdB) im VBIO.

Der Umgang mit der Fülle und Komplexität bildungsrelevanter Querschnittsthemen (wie Gesundheit, Nachhaltige Entwicklung, Digitalisierung oder Inklusion) stellt aktuell eine grundlegende Herausforderung für aktive Biologie-Lehrkräfte, aber auch für die Novellierungen der Biologie-Lehrkräfteausbildung an den Universitäten dar. Der VBIO bringt sich mit seiner Expertise in die Ausgestaltung dieser Zukunftsthemen der Bildung auf vielen Ebenen erfolgreich ein. Der Arbeitskreis Gesundheit & Biologie im VBIO hat bereits zu Beginn der Corona-Pandemie im April 2020 ein Impulspapier mit dem Titel „Der Stellenwert der biologischen Bildung angesichts der Herausforderungen von SARS-CoV-2 und Covid-19“ vorgelegt und macht damit deutlich, wie wichtig biologische Bildung in Zeiten der Corona-Pandemie ist [1]. Besonders der Biologieunterricht muss in Zeiten einer globalen Gesundheitskrise das notwendige Orientierungswissen für die Erfahrungen aus der Lebenswelt der Jugendlichen (z. B. zu Impfung, Immunität und Entstehung viraler Infektionen) bereitstellen und reflektieren. Gemeinsam mit dem Arbeitskreis Schulbiologie wurden darüber hinaus Kernideen für die Stärkung biologischer Bildung in der Schule und in der Lehrkräfteausbildung formuliert, die das Verständnis der Corona-Pandemie in die schulische Gesundheitsbildung und die Vermittlung von Wissenschaftsverständnis einordnen [2].

Vertreterinnen und Vertreter aus der Fachsektion Didaktik der Biologie (FDdB) im VBIO arbeiten im Netzwerk DiKoLAN zu digitalen Kompetenzen für das Lehramt in den Naturwissenschaften und erarbeiten didaktische Konzepte zur integrativen Vermittlung digitaler Kompetenzen im Biologieunterricht [3]. In einem gemeinsamen Positionspapier (siehe hierzu auch S. 115) haben kürzlich die fünf großen Fachgesellschaften und Dachverbände der mathematisch-naturwissenschaftlichen Fächer in Deutschland DVGeo (Geowissenschaften), DMV (Mathematik), DPG (Physik), GDCh (Chemie) und der VBIO auf die Bedeutung einer Stärkung von Fort- und Weiterbildung für Fachlehrkräfte in mathematisch-naturwissenschaftlichen Fächern hingewiesen und den verantwort-

lichen bildungspolitischen Akteuren ihre Unterstützung angeboten [4]. Biologie-Lehrkräfte brauchen nicht erst seit der Corona-Pandemie eine ernstgemeinte Unterstützung durch Fort- und Weiterbildung. Naturwissenschaftliche Erkenntnisse sowie der mediale Umgang mit diesen unterliegen einer hohen Dynamik, die sich auch in der Entwicklung des naturwissenschaftlichen Unterrichts niederschlagen muss.

Der VBIO hat sein Potential, Bildungsakteure sowie biologische und biomedizinische Fachgesellschaften unter seinem Dach zusammenzubringen, schon vielfach unter Beweis gestellt. Als erfolgreiches Beispiel seien die schon mehrfach angebotenen Fortbildungen des Landesverbandes Nordrhein-Westfalen zu Themen der Humanbiologie und Gesundheitskompetenz in Kooperation mit der Deutschen Physiologischen Gesellschaft und dem Deutschen Zentrum für Luft- und Raumfahrt genannt. Mit der Expertise aus den Fachgesellschaften für die Fort- und Weiterbildung von Biologie-Lehrkräften kann der VBIO einen wertvollen Beitrag für die fachliche Qualität eines zukunftsfähigen Biologieunterrichts leisten. Die Zusammenarbeit des VBIO mit der Konferenz Biologischer Fachbereiche (KBF) zeigt die Vielfalt und hohe Dynamik biowissenschaftlicher Studiengänge und Vertiefungsmöglichkeiten in Bachelor und Master auf. Diese Vielfalt ist eine Stärke der Biologie, für die der VBIO ein gemeinsames Dach bietet. An vielen Universitäten sind aufgrund dynamischer Veränderungen der Biologie hin zu sehr spezialisierten Studiengängen gänzlich neue Rahmenbedingungen für die fachwissenschaftliche Grundausbildung von Lehramtsstudierenden entstanden.

Darüber hinaus ist seit der Umstellung des Lehramtsstudiums auf Bachelor und Master in den meisten Bundesländern bei Beibehalten des Zwei-Fach-Studiums der fachwissenschaftliche Studienanteil beider Fächer deutlich reduziert worden. Aus diesem Missverhältnis ergeben sich zwangsläufig Ausbildungsdefizite, die wir vor dem Hintergrund der steigenden Komplexität des Unterrichtsfachs Biologie in den Blick nehmen müssen. Als ich

im letzten Jahr die Gelegenheit hatte, mit dem Alt-Präsidenten des VBIO und aktiven Wissenschaftskommunikator Wolfgang Nellen für die Rubrik „Politik und Gesellschaft“ dieser Zeitschrift über die Zukunft einer guten Lehrkräfteausbildung zu diskutieren, kam im Gesprächsverlauf die Idee des Ein-Fach-Studiums als notwendige Konsequenz der gestiegenen Anforderungen auf [5]. In vielen Gesprächen mit Lehrkräften, Fachleitungen und Fachdidaktikern bzw. Fachdidaktikerinnen an den Universitäten konnte ich seitdem erfahren, dass diese Idee für viele VBIO-Mitglieder ein möglicher Rahmen für eine zukunftsweisende Biologie-Lehrkräfteausbildung sein könnte.

Ein wesentliches Ziel des VBIO ist es, einen Beitrag zu einer solchen zukunftsweisenden Biologie-Lehrkräfteausbildung zu leisten. Dabei ist es besonders wichtig, die Herausforderungen ganzheitlich anzugehen. Unter dem VBIO-Dach werden hierfür vielfältige Expertisen aus Fachgesellschaften, Landesverbänden, der Fachsektion Didaktik der Biologie (FDdB) sowie den Arbeitskreisen Gesundheit und Biologie bzw. Schulbiologie zusammenwirken.

Literatur

- [1] https://www.vbio.de/fileadmin/user_upload/Schule/pdf/Stellungnahme_des_AK_Gesundheit__Biologie_im_VBIO_erga__nzt.pdf
- [2] https://www.vbio.de/fileadmin/user_upload/Schule/pdf/Empfehlungen_des_AK_Gesundheit__Biologie_im_VBIO.pdf
- [3] <https://dikolan.de>
- [4] Positionspapier der Fachgesellschaften zu Fort- und Weiterbildung von Lehrkräften für mathematisch-naturwissenschaftliche Fächer: https://wissenschaft-verbundet.de/gemeinsame-aktivitaeten/download/positionspapier_fortbildungen.pdf
- [5] Aus Politik und Gesellschaft: Was Lehrkräfteausbildung mit Wissenschaftskommunikation zu tun hat. Biologie in unserer Zeit, 51(4), 316–319. <https://doi.org/10.11576/biuz-4869>

Ihre





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:

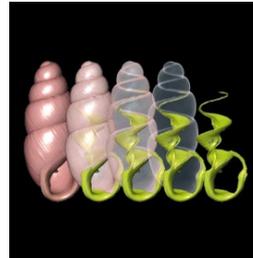
ColorDruck Solutions GmbH, Leimen.

© VBIO e.V., München, 2022.

Printed in the Federal Republic of Germany.
ISSN 0045-205 X

BIOLOGIE

2 | 2022 IN UNSERER ZEIT
www.biuz.de



Unser Titelbild zeigt eine rund 1,6 Millimeter hohe Schale der Landschnecke *Carychium indicum*, Benson, 1849, dargestellt über *volume rendering* von MikroCT-Daten. Diese Art ist ein indischer Vertreter der Zwerghornschnecken, die zu den kleinsten Landschnecken gehören. Die Gattung *Carychium* besiedelt die meisten Bereiche der Nordhalbkugel, ist also holarktisch verbreitet. Die Tiere leben in dauerhaft feuchten Bereichen wie unter Laubstreu. Der Spindel- und Mündungsbereich der Schale trägt wichtige Merkmale zur Artbestimmung. Er wurde hier getrennt (segmentiert), bei zunehmender Transparenz der Schalenwandung dargestellt, wodurch auch die Spindel mit ihren Lamellen sichtbar wird. Die hier verwendeten Farben sind Falschfarben, die vom natürlichen Bräunlich-weiß abweichen. Abb.: Bernhard Ruthensteiner.

MELDUNGEN

106 Forschung & Entwicklung, Schule & Universität, Digitale Welt, Preise, Ausstellung

POLITIK UND GESELLSCHAFT

112 Gibt es eine Datenkrise der experimentellen Wissenschaften?

115 Mathematisch-naturwissenschaftliche Gesellschaften: Fort- und Weiterbildung von Lehrkräften ist keine Freizeitgestaltung

116 Synthetische Biologie und die Transformation der Biologie

117 Exzellente Lehre an Hochschulen – Preisträgerinnen und Preisträger des Ars legendi-Fakultätenpreis Mathematik und Naturwissenschaften 2022

118 Naturwissenschaftliche Gesellschaften: Statement zum Krieg in der Ukraine

TREFFPUNKT FORSCHUNG

119 Dreiecksbeziehung zwischen Schwärmern, Käfern und Wespen

120 Schwämme als Pioniere unter dem arktischen Eis

122 Temperaturabhängige Regulation der Blütezeit

123 Habe ich eine neue Spezies entdeckt?

126 Die „Naturverbundenheit“ stärken

128 Schnelle Impfstoffentwicklung gegen Covid-19 – Bedeutung der biotechnologischen Plattform-Technologien

131 NESSI^{Plus} – ein Lehr-Lern-Labor mit bioorganischem Inhalt

MAGAZIN

188 Bücher und Medien

192 Mikroben verstehen: Mikroben leben in einer anderen Welt – Reibung

194 Außerschulische Lernorte: Die Stiftung Deutsches Meeresmuseum – Meereswelten in vier Museen

196 Partner des Menschen: Reis: Grundmahlzeit und Kulturbegleiter

198 Kolumne: Denkfehler: Enge Vertraute geben die besten Ratschläge

IM FOKUS

133 Bakterien als Plastikmüllabfuhr
Jennifer Chow | Lena Preuss | Marno Gurschke | Wolfgang Streit

142 Mit Röntgen in die dritte Dimension
Stephan Handschuh | Bernhard Ruthensteiner

156 „Wahre Treue“ bei Kupferroten Springaffen?
Eckhard W. Heymann | Sofya Dolotovskaya | Christian Roos

162 Rund, spitz, gespalten
Heinrich Eder | Werner Nachtigall

172 Der Steinschmätzer
Hannes Petrischak | Ralf Donat | Jörg Fürstenow | Peter Nitschke

181 Mit Staubsaugern und Handschuhen gegen Viren
Andreas Korn-Müller

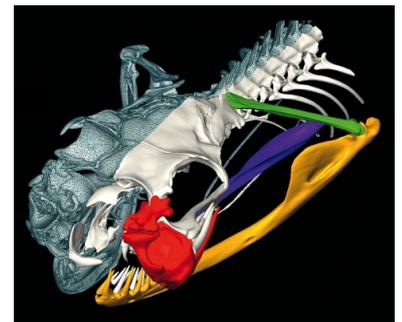
133 Bakterien als Plastikmüllabfuhr

Manche Mikroorganismen sind in der Lage, synthetische Polymere abzubauen. Damit könnten sie das Recycling von Kunststoffen verbessern und Umweltverschmutzungen vermeiden helfen.



142 Mit Röntgen in die dritte Dimension

Die Mikro-Computertomographie hat sich inzwischen auch in der Biologie als hochauflösendes, nicht-invasives bildgebendes Verfahren etabliert. Unser Artikel beleuchtet ihre technischen Grundprinzipien und Anwendungsgebiete.



162 Rund, spitz, gespalten

In der Natur begegnet man den unterschiedlichsten Flügeltypen. Ihre Form beeinflusst unter anderem Mobilität und Energieverbrauch. Wichtige Stellgrößen sind die Ausprägung der Schlankheit des Flügels sowie der Flügelspitzen.

181 Mit Staubsaugern und Handschuhen gegen Viren



Kindern die Arbeitsweise des Immunsystems näher zu bringen, ist eine besondere Herausforderung und nicht nur zu Corona-Zeiten wichtig. Unser Autor nutzt dafür in seiner Wissenschaftsshow einfache Modelle, anschauliche Vergleiche und humorvolle Comics.

156 „Wahre Treue“ bei Kupferroten Springaffen

Viele Primaten leben in Paarbeziehungen. Ob sich die Partner dabei immer „treu“ bleiben, ist aber bislang nur für wenige Arten gut untersucht. Eine Freilandstudie hat sich nun die Verhältnisse beim Kupferroten Springaffen angeschaut.



172 Der Steinschmätzer

In Deutschland ist der Steinschmätzer vom Aussterben bedroht und findet seine letzten Rückzugsgebiete in ehemaligen Truppenübungsplätzen und Bergbaufolgelandschaften. Unser Artikel zeigt, wie er von gezielten Schutzmaßnahmen profitieren kann.





Gelbbrustara (*Ara ararauna*) auf einer Palme. Foto: Christofer Silva Oliveira via Wikimedia Commons, CC BY-SA 4.0.

FORSCHUNG & ENTWICKLUNG

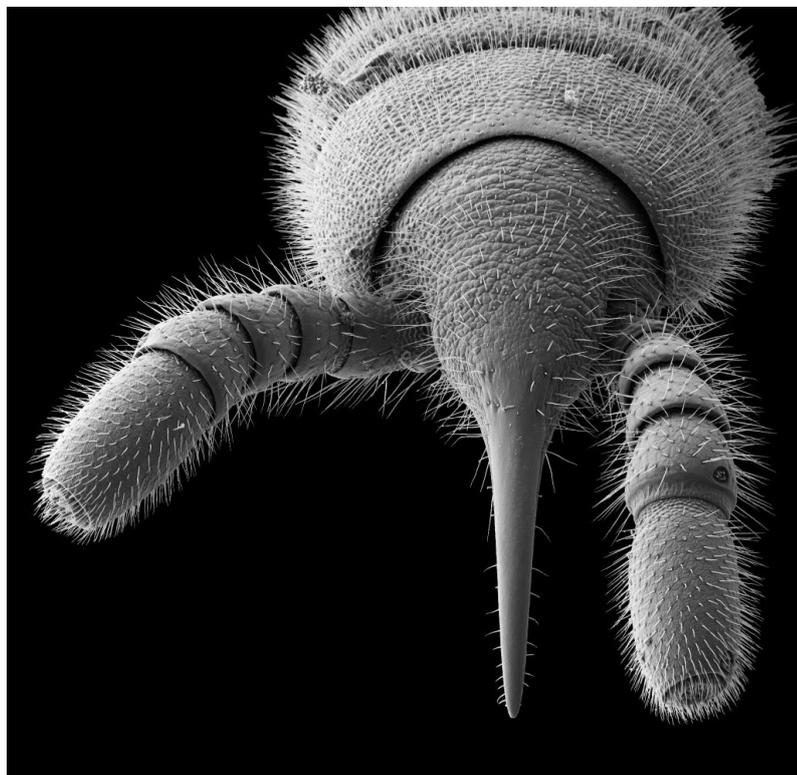
Ein internationales Team unter Leitung der Eidgenössischen Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft (WSL) hat nun erkundet, wie die Wechselwirkungen zwischen Vögeln und Palmen die Artenvielfalt in Tropenwäldern erhöht hat. Dabei machte es sich zunutze, dass die Schnabelweite der Vögel die Fruchtgröße limitiert, die dieser verzehren kann. Mit seinen Kolleginnen und Kollegen erstellte Erstautor Ian McFadden erstmals eine weltweite Karte, die Schnabel-Öffnungsweiten von 1100 fruchtfressenden Vögeln und die Größe der Früchte von 2000 Palmarten zusammenbringt. Zwei kürzlich veröffentlichte Datensätze machten dies möglich: Die Datenbank AVONET, welche die Körpermerkmale nahezu sämtlicher weltweit bekannter Vogelarten enthält, und PalmTraits, eine Datenbank für Palmen. Mit statistischen Pfadmodellen prüften die Forschenden, wie Schnabelweiten und Fruchtgrößen von Faktoren wie dem Klima, der Pflanzen-Biomasseproduktion, dem Artenreichtum und der tektonischen Erdgeschichte beeinflusst werden. Es zeigte sich, **dass die beiden Merkmale umso enger verbunden waren, je näher am Äquator die Arten lebten.** In Afrika traf dieses Muster am deutlichsten zu, auf Inseln wie Madagaskar weniger. Die enge Koppelung zwischen Schnäbeln und Palmen in Äquatornähe fand sich auf der ganzen Welt, obwohl sich die tatsächlichen Schnabel- und Fruchtgrößen zwischen den Kontinenten stark unterscheiden. Das Klima spielte im Modell keine Rolle dabei, wie eng Schnäbel und Früchte zusammenhängen, außer indirekt über die Palmenvielfalt, die in wärmeren Regionen höher ist. Nach Ansicht der Biologen stützt die Studie die Hypothese, dass die Tropen eine so hohe Artenvielfalt aufweisen, weil die Interaktionen zwischen den Arten dort stärker

sind. Diese Erkenntnis verbessert unser Grundverständnis der Tropenwälder und kann helfen, optimale Ansatzpunkte für deren Schutz zu finden.

www.wsl.ch

■ Ob nektarsaugende Schmetterlinge oder blutsaugende Mücken – die Aufnahme flüssiger Nahrung ist für viele Insekten und andere Gliederfüßer schon lange bekannt. Ein Forschungsteam aus Deutschland und der Schweiz unter Leitung des Leibniz-Instituts zur Analyse des Biodiversitätswandels (LIB) und der Universität Bonn zeigt nun: Auch Tausendfüßer nutzen eine Saugpumpe, um flüssige Nahrung aufzunehmen. Mit Hilfe von hochauflösender Tomographie sowie histologischen Methoden und Elektronenmikroskopie entdeckten die Forschenden in allen neun untersuchten Tausendfüßerarten eine Saugpumpe, die denen von Insekten auffallend ähnelt. Sie besteht aus einer Kammer, die

durch starke Muskeln geweitet werden kann. „Zusammen mit den stark abgewandelten, ausfahrbaren Mundwerkzeugen ermöglicht die Saugpumpe diesen Tausendfüßern, mehr oder weniger flüssige Nahrung einzusaugen“, erklärt Leif Moritz, Doktorand an der Universität Bonn und am LIB. Damit konnte das Forschungsteam zeigen, dass die funktionellen Werkzeuge für eine Ernährung mit flüssigen Nährstoffen **in allen großen Untergruppen der Gliederfüßer mehrmals unabhängig voneinander entstanden sind.** „Die biomechanisch-morphologischen Ähnlichkeiten zwischen den Organismengruppen machen deutlich, wie stark Selektion wirken kann, sobald eine Nahrungsquelle auch nur einen leichten evolutiven Vorteil bringt“, führt Alexander Blanke, Leiter der Arbeitsgruppe für evolutionäre Morphologie an der Universität Bonn aus. www.uni-bonn.de



Der tropische Bohrfüßer *Rhinotus purpureus* ist häufig auf Pilzen zu finden, von denen er sich vermutlich mit Hilfe einer starken Saugpumpe in seinem kleinen spitzen Kopf ernährt. Foto: Leif Moritz.

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



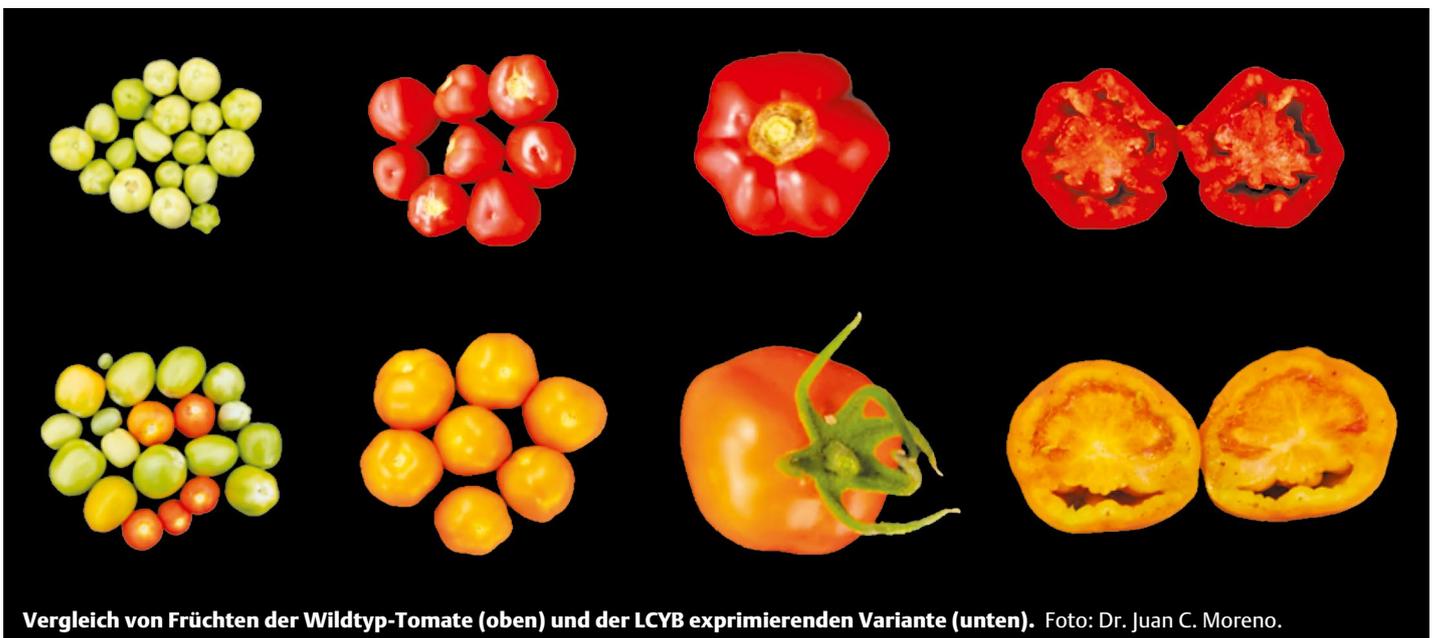
Ein Schleierling der Art *Cortinarius odorifer* (Anis-Klumpfuß). Foto: Dirk Hoffmeister (Uni Jena).

Ein bislang unbekanntes Beispiel konvergenter Evolution hat ein Forschungsteam um den Mykologen Prof. Dr. Dirk Hoffmeister aus dem Institut für Pharmazie der Universität Jena und des Leibniz-Instituts für Naturstoff-Forschung und Infektionsbiologie – Hans-Knöll-Institut gemeinsam mit Kolleginnen und Kollegen der Universität Freiburg/i. Br. in der Pilzgattung der Schleierlinge aufgespürt. „Die Schleierlinge sind

eine der artenreichsten Gattungen der Pilze überhaupt“, sagt Dirk Hoffmeister. Etwa 2.000 Arten gibt es weltweit, allein in Mitteleuropa kommen rund 500 Arten vor. Für Pilzsammler seien die Schleierlinge allerdings weniger interessant, denn die meisten Arten sind ungenießbar, etliche giftig, einige tödlich. Und das hat einen Grund: „Schleierlinge sind begnadete Chemiker“, bringt es Pilz-Experte Hoffmeister auf den

Punkt. Sie produzieren eine Vielzahl an Naturstoffen, darunter auch sogenannte Anthrachinone. „Das sind intensiv farbige und oftmals toxische Verbindungen, die von den Pilzen in großer Diversität hergestellt werden.“ Um zu untersuchen, wie der Anis-Klumpfuß (*Cortinarius odorifer*) Anthrachinone produziert, haben die Mykologen im Genom des Schleierlings nach Genen für Enzyme gesucht, die andere Pilze zur Produktion der chemischen Vorläufer dieser Substanzen nutzen. „Zu unserer Überraschung konnten wir die Gene, nach denen wir gesucht haben, jedoch nicht finden“, sagt Dirk Hoffmeister. Stattdessen entdeckten die Forschenden **Gene für bislang unbekannt Enzyme, die ebenfalls die Synthese der Anthrachinon-Vorläufer katalysieren können**. Schimmelpilze, in die die neu entdeckten Gene übertragen worden waren, zeigten die gleiche Enzymaktivität wie die Schleierlinge und waren folgerichtig auch farbig. Warum sich in der Evolution der Schleierlinge ein eigener Stoffwechselweg für die Anthrachinonproduktion entwickelt hat, muss noch beantwortet werden.

www.uni-jena.de



Vergleich von Früchten der Wildtyp-Tomate (oben) und der LCYB exprimierenden Variante (unten). Foto: Dr. Juan C. Moreno.

Bevölkerungswachstum und Klimawandel erfordern eine neue Generation von Nutzpflanzen mit höherem Ertrag, Nährwert und Toleranz gegenüber abiotischem Stress. Ein internationales Forscherteam unter der Leitung von Dr. Juan C. Moreno vom Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie konnte nun zeigen, dass Veränderungen im Carotinoid-Stoffwechsel die Stresstoleranz von Tomatenpflanzen verbessern können. In einer früheren Arbeit hatte das Team um Dr. Moreno das *DcLCYB1*-Gen aus dem Carotinoid-Biosyntheseweg der Karotte (*Daucus carota*) in Tabakpflanzen eingebracht und damit nicht nur wachstums- und entwicklungsfördernde Effekte, sondern auch eine erhöhte Toleranz gegenüber abiotischen Stressfaktoren erreicht. „Aufbauend auf diese früheren Experimente mit Tabak wollten wir herausfinden, ob andere *LCYB*-Gene, die von anderen Pflanzen oder Bakterien stammen, eine wirtschaftlich wichtige Kulturpflanze wie die Tomate beeinflussen würden“, so Dr. Moreno. In der Tat zeigte sich, dass die Einführung eines einzelnen *LCYB*-Gens in verschiedene Tomatensorten tiefgreifende Veränderungen in den Carotinoid-, Apocarotinoid- und Phytohormon-Biosynthesewegen hervorriefen. Die Stoffwechselveränderungen führten zu einer Steigerung des Fruchtertrages um bis zu 77% und zu einer 20-fachen Erhöhung des Provitamin-A-Gehaltes in den Früchten. Darüber hinaus trugen die Veränderungen im Gehalt an Schlüsselhormonen zu einer erhöhten abiotischen Stresstoleranz und einer verbesserten Haltbarkeit der Früchte bei. Dr. Moreno ist zuversichtlich: „Die Ergebnisse aus unserer Studie ebnen den Weg für die Entwicklung einer neuen Generation von Nutzpflanzen, die eine hohe Produktivität mit einer verbesserten Nährstoffzusammensetzung auf sich vereinen und zudem besser mit den durch den Klimawandel verursachten Umweltveränderungen zurechtkommen.“
www.mpimp-golm.mpg.de



Birken als Bodenreiniger für Mikroplastik. Foto: Kat Austen.

Bisher weiß man wenig darüber, wie Mikroplastik mit Landpflanzen höherer Ordnung interagiert. Jüngste Studien haben gezeigt, dass Mikroplastik in die Wurzeln landwirtschaftlich genutzter Pflanzen wie Weizen aufgenommen wird. Ein Forschungsteam des Leibniz-Instituts für Gewässerökologie und Binnenfischerei (IGB) und vom Geoforschungszentrum Potsdam (GFZ) hat in einem interdisziplinären Vorreiterprojekt des Berliner Kunststudios „Studio Austen“ nun erstmals gezeigt, dass **auch längerlebige Gehölze wie Bäume Mikroplastik in ihr Gewebe aufnehmen und speichern.** Die Hänge-Birke (*Betula pendula* Roth.) wird bereits zur Sanierung kontaminierter Böden eingesetzt, weil sie industrielle Schadstoffe und Schwermetalle in ihrem Gewebe speichern kann. Mikroben, welche die Bäume besiedeln, können dann die polyaromatischen Kohlenwasserstoffe und Schwermetalle abbauen. Da diese Baumart zudem flach unterhalb der Bodenoberfläche wurzelt, wo die Mikroplastikverschmutzung nachweislich am höchsten ist, wählte das Team die Hänge-Birke für ihre Studie aus. Die Forschenden markierten Mikroplastikkügelchen mit fluoreszierendem Farbstoff und gaben sie in die Erde von eingetopften Bäumen. Nach fünf Monaten untersuchten sie Wurzelproben mithilfe von Fluoreszenz- und konfoka-

ler Laser-Scanning-Mikroskopie. Sie fanden fluoreszierendes Mikroplastik in 5 bis 17 Prozent der untersuchten Wurzelabschnitte. „Die Aufnahmerate von Mikroplastik und die Auswirkungen auf die kurz- und langfristige Gesundheit der Bäume müssen noch untersucht werden. Aber diese Pilotstudie deutet darauf hin, dass die Birke ein echtes Potenzial für langfristige Lösungen zur Bodensanierung hat – einschließlich der Verringerung der Menge an Mikroplastik im Boden und möglicherweise im Wasser“, sagt Kat Austen, die Hauptautorin der Studie, die das Studio Austen leitet und am IGB Projektkoordinatorin für das bürgerwissenschaftliche Projekt ACTION ist.
www.igb-berlin.de

SCHULE & UNIVERSITÄT

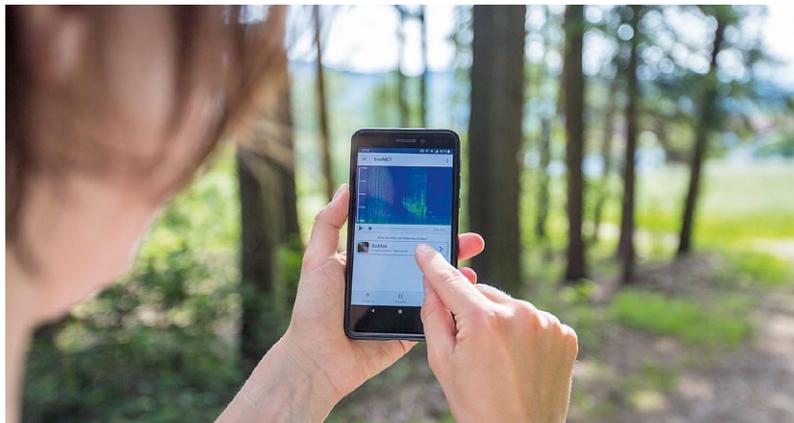
Viele Studierende widmen sich ihrem Studium mit voller Leidenschaft, haben aber oft keine konkrete Vorstellung, welchen Beruf sie später einmal ergreifen wollen. Deshalb hat der gemeinnützige Verein btS – Life Sciences Studierendeninitiative e. V. die Plattform ScieMatch entwickelt.



Diese ermittelt, basierend auf einer Selbsteinschätzung der Studierenden und Promovierenden, welche auf der Plattform vertretenen Unternehmen zu ihnen passen könnten. **Die Plattform bringt Studierende aus dieser Fachrichtung mit Unternehmen zusammen**, die sich auf ScieMatch registriert und die Matching-Fragen beantwortet haben. Dazu nehmen die Studierenden erst eine digitale Selbsteinschätzung vor, um zu ermitteln, welche beruflichen Werte ihnen wichtig sind und welche Anforderungen und Wünsche sie an mögliche Arbeitgeber und den Arbeitsalltag richten. Basierend auf diesen Eingaben macht ScieMatch dann Vorschläge, welche der Partner-Unternehmen aufgrund der Unternehmenskultur, des Berufsbilds oder anderer Faktoren wie dem Standort zu den Studierenden passen könnten. Die Studierendeninitiative btS entwickelt die Plattform ScieMatch stetig weiter und bezieht dabei das Feedback der Nutzerinnen und Nutzer sowie Rückmeldungen nach Veranstaltungen und Projekten mit ein. In einer öffentlichen Abstimmung wurde ScieMatch zur Hochschulperle des Jahres 2021 gewählt. www.stifterverband.org

DIGITALE WELT

Die Analyse von Vogelstimmdaten wird für Ornithologinnen, Ornithologen und Hobby-Vogelforscherinnen



Vogelarten identifizieren mit der Android-App BirdNET. Foto: BirdNET.

PREISE



Die Neurowissenschaftlerin Julijana Gjorgjieva erhält den Heinz Maier-Leibnitz-Preis.
Foto: Astrid Eckert (TU München).

Die Neurowissenschaftlerin Prof. Julijana Gjorgjieva erhält den Heinz Maier-Leibnitz-Preis. Er gilt als die wichtigste Auszeichnung in Deutschland für Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler in der Anfangsphase ihrer Karriere. Die Auswahl wurde von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) und dem Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) getroffen.

Gjorgjieva ist sowohl Professorin für Computational Neuroscience an der Technischen Universität München (TUM) als auch Forschungsgruppenleiterin am Max-Planck-Institut für Hirnforschung in Frankfurt am Main. Ihre Arbeit konzentriert sich darauf, zu verstehen, wie in den ersten Wochen nach der Geburt die Aktivität im Gehirn, die spontan im Nervensystem entsteht oder durch äußere Reize ausgelöst wird, die Organisation des gesamten neuronalen Netzwerks ausbildet. Ihre Gruppe **möchte auf theoretischer Ebene verstehen, wie sich neuronale Schaltkreise selbst organisieren.** Außerdem geht es darum, den Zusammenhang zwischen dem Wechsel von visuellen Reizen, etwa durch Tag und Nacht, und der Aktivität des neuronalen Netzes aufzudecken. Dafür nutzt Gjorgjieva rechnerische und mathematische Ansätze und kombiniert in der Modellierung Berechnungen an einzelnen Neuronen mit denen eines gesamten neuronalen Netzwerks. www.tum.de

und -forscher bedeutend einfacher, denn die an der Technischen Universität Chemnitz entwickelte **mobile App „BirdNET“ zur Aufzeich-**

nung und Erkennung verschiedenster Stimmen von Singvögeln ist fertig. Sie kann im *Play Store* von Google heruntergeladen werden. Das Forschungsprojekt BirdNET setzt künstliche Intelligenz und neuronale Netze ein, um Computer darin zu trainieren, mehr als 3.000 der häufigsten Vogelarten weltweit zu identifizieren. Laut neuesten Zahlen nutzen aktuell bereits rund 180.000 Menschen die App, täglich kommen 3.000 neue Nutzerinnen und Nutzer hinzu. Mehrere Gigabyte an Audio-Daten wurden bereits in das System eingespeist: „Wir verwenden die von unseren Nutzern eingespeisten Daten zur Verbesserung unseres Systems. So einen großen Datensatz aufzubauen ist nur

durch die Hilfe der App-User möglich, denn nur so kommen wir an Aufnahmen von unterschiedlichen Geräten, Orten und Geräuschkulissen“, erklärt App-Entwickler Stefan Kahl den „Citizen Science“-Ansatz seiner App. Das bedeutet, dass Nutzerinnen und Nutzer selbst aktiv am Forschungs- und Entwicklungsprozess teilnehmen können.
www.tu-chemnitz.de

AUSSTELLUNG

Waschbär, Riesenbärenklau, Tigermücke – immer mehr neue Arten kommen in unsere Region. Manche sind eine Bereicherung, aber nicht alle erweisen sich als unproblematisch. Neobiota, einheimische und invasive Arten, Rückkehrer – was verbirgt sich hinter diesen Begriffen? Wer ist tatsächlich neu hier und wer gehört vielleicht schon länger zu unserer Region, als wir denken? Wie steht es um den Wechsel in der Zusammensetzung der Arten am Oberrhein? Die **Ausstellung „Neobiota – Natur im Wandel“ im Naturkundemuseum Karlsruhe** zeigt bis zum 11. September 2022, auf welche Weise Tiere, Pflanzen und Pilze zu uns kommen, welche Auswirkungen diese Arten auf ihren neuen Lebensraum haben und wie die Zukunft aussehen könnte. Eigens angefertigte Präparate und außergewöhnliche Großmodelle in einer atmosphärischen Inszenierung laden zu einem erlebnisreichen Rundgang ein. Neben den Objekten und Texten machen Mikroskope zunächst Unsichtbares sichtbar; Filme, Interviews und Tierstimmen, Riechstationen und Elemente zum Anfassen lassen die Ausstellungsthemen mit verschiedenen Sinnen erleben. An Mitmachstationen und bei digitalen Spielen kann man selbst aktiv werden. In verschiedenen Themenbereichen vermittelt die Ausstellung „Neobiota“ so einen umfassenden Überblick über dieses hochaktuelle und spannende Thema.
www.smnk.de



Der Riesen-Bärenklau bzw. die Herkulesstaude (*Heracleum mantegazzianum*) ist ein invasiver Neobiont. Foto: SMNK.

Essen ist für uns alle lebensnotwendig! Darüber hinaus stiftet es Genuss und Gemeinschaft, es ist Teil unserer Kultur und Ausdruck unseres Lebensstils. Essen ist eine sehr persönliche Handlung, die gleichzeitig Einfluss auf Ökologie, Ökonomie und Klima weltweit hat. Mit der Ausstellung „Future Food – Essen für die Welt von morgen“ greift das **Museum für Industriekultur Osnabrück vom 24. April bis zum 13. November** eine der wichtigsten Fragen unserer Zeit auf: Wie kann das weltweite Ernährungssystem gerechter, nachhaltiger und gesünder werden? In drei

Kapiteln folgen die Besucher/-innen dem Weg unserer Lebensmittel vom Stall oder Feld bis auf den Tisch. Wie kann die Ernährung der Zukunft durch neue Ideen und Verfahren gestaltet werden? Welche Möglichkeiten bieten wissenschaftliche und technische Innovationen? Was kann jede und jeder Einzelne tun? Im vielfältigen Begleitprogramm sind die Teilnehmenden eingeladen, gemeinsam mit Wissenschaftler/-innen sowie Unternehmer/-innen über neue Ideen zu diskutieren.
www.mik-osnabrueck.de

MEINUNG

Gibt es eine Datenkrise der experimentellen Wissenschaften?

Der Kenntnisstand der Wissenschaft entwickelt sich rasant. Die Zahl der jährlichen Veröffentlichungen explodiert. So gab es im Jahr 2017 aus dem Bereich Wissenschaft und Technik 2,4 Millionen Publikationen, 750.000 mehr als zehn Jahre zuvor [1]. Die Publikationszahl wächst jährlich um etwa vier Prozent. Wie hoch ist die Qualität in der Quantität? Die Frage nach der Reproduzierbarkeit bereitgestellter Daten und damit der Zuverlässigkeit des Erkenntnisgewinns ist nicht neu und beschäftigt seit Jahren die Wissenschaftler/-innen, Zeitschrifteneditor/-innen und Förderinstitutionen. Trotzdem ist die Frage nach einer Daten- und Reproduktionskrise eher zu verneinen, allerdings benötigen wir Standards und kritische Rezeption.

Veröffentlichungen stellen Erkenntnisse aus Experimenten, Studien oder theoretischen Betrachtungen bereit. Ihr Primäranliegen ist das Verbreiten neuer Ergebnisse, Schlüsse und daraus abgeleiteter Hypothesen. Wichtig ist hier anzumerken, dass Wissenschaft einen internationalen und im Ansatz demokratischen Prozess nutzt, der im Wesentlichen auf Ehrlichkeit und Vertrauen baut. Die Gesamtheit des Wissens resultiert aus diesem globalen Vorgang. Deshalb sind Normen und Regeln international festzulegen. Den Editor/-innen und Gutachter/-innen der Journale kommt im offenen oder anonymen Peer-Review-

Verfahren eine wesentliche Rolle bei der Festlegung der Standards und ihrer Kontrolle zu.

Experimentelles Design als Kompromiss

Wissenschaftliches Arbeiten beginnt mit Hypothesen und Zielsetzungen und dem Ausarbeiten des experimentellen oder theoretischen Vorgehens, hier als „experimentelles Design“ bezeichnet. Diese Arbeiten setzen umfangreiche Investitionen an Personal, Sachmitteln und Zeit voraus. Sie entscheiden auch maßgeblich über berufliche Karrieren und wissenschaftliches Renommee. Nebenbedingungen wie begrenzte

Projektlaufzeiten und Fristen für Berichtspflichten, Verfügbarkeit von Mitarbeitenden, leistungsorientierte Mittelzuweisungen, persönliche monetäre Zuwendungen, erfolgsabhängige Anstellungen und Beförderungen und Erfolgsaussichten für Folgeanträge werden zu mitentscheidenden Faktoren beim Design der wissenschaftlichen Projekte und bestimmen den Druck zur Veröffentlichung. Diese Gemengelage widerstreitender Kräfte und Kriterien aus Primäranliegen und Nebenbedingungen führt dazu, dass das experimentelle Design als Kompromiss entsteht und nicht unbedingt mit dem Ziel der höchsten Präzision und maximalen Aussagekraft.

Krise der Reproduzierbarkeit

Wissenschaft verlangt Wiederholbarkeit der Experimente oder Studien mit ähnlichem Ergebnis. Die Angaben zu den Methoden und die Darstellung der Ergebnisse müssen hinreichend detailliert sein, um die Experimente nachvollziehen und reproduzieren zu können. In einer Befragung erklärten mehr als 70 Prozent einer Gruppe von 1576 befragten Wissenschaftler/-innen, dass ihnen die Reproduktion einzelner Ergebnisse aus der Literatur misslungen sei [2]. Die Hälfte der Befragten gab an, dass Ergebnisse aus eigenen

EINFLUSS DES EXPERIMENTELLEN DESIGNS AUF DIE AUSSAGEKRAFT

Das experimentelle Design entscheidet über die Wahrscheinlichkeit, dass die Schlussfolgerung aus einem Experiment richtig ist, und die Zuverlässigkeit, dass ein vorhandener Unterschied gefunden wird. Diese beiden Ziele sind teils gegenläufige Desiderata, wie hier beispielhaft erörtert. Es wurden Experimente durchgeführt und die erhaltenen Daten ausgewertet. Ziel des Experiments war es, real vorhandene Unterschiede zu finden oder die Hypothese eines Unterschieds zurückzuweisen, beispielsweise dass ein Pharmakon die Abwehrkraft eines Individuums stärkt. Je nach Art der Auswertung steigt hierbei die Wahrscheinlichkeit, den Unterschied zu finden (= Aussagekraft), aber auch die statistische Fehlerwahrscheinlichkeit, dass der Unterschied gar nicht existiert (Fehler 1. Art). Grünliche Schattierung markiert

gute Werte, rötliche Schattierung ungünstige Werte. Die Aussagekraft, d. h. man findet den vorhandenen Unterschied, ist umso höher je näher der Wert bei 1 als maximalem Wert liegt. Fehler 1. Art beschreibt formal die Irrtumswahrscheinlichkeit, d. h. wie wahrscheinlich es ist, dass aus den Daten ein Unterschied gefolgert wird, den es gar nicht gibt. Je kleiner der Wert ist, desto geringer ist die Wahrscheinlichkeit eines Fehlers. Er bedeutet statistisch, dass die Nullhypothese eines fehlenden Unterschieds zurückgewiesen wird und somit ein signifikanter Unterschied gefolgert wird, obwohl er tatsächlich nicht vorliegt. In anderen Worten: Die bereitgestellten Daten unterstützen nicht die Schlussfolgerung. Der Rechnung liegen ein nominaler Fehler 1. Art von 0.05 und eine nominale Aussagekraft von 0.8 zugrunde [5].

Strategie im experimentellen Design	Fehler 1. Art	Aussagekraft
Darstellen des besseren von zwei Experimenten	0,0975	0,96
Zwei von zwei durchgeführten Experimenten sind signifikant	0,0025	0,64
Darstellen des besten von drei Experimenten	0,143	0,992
Drei von drei durchgeführten Experimenten sind signifikant	0,000125	0,512
Zwei von drei durchgeführten Experimenten sind signifikant	0,00725	0,896

Versuchen in Einzelfällen nicht wiederholbar waren. Ein besonders eklatantes Beispiel wurde 2012 für präklinische Studien in der Onkologie berichtet, bei denen nur etwa 11 Prozent der ursprünglich erzielten Daten durch nachfolgende Ergebnisse bestätigt werden konnten [3].

Aus den eigenen Erfahrungen als Editor verschiedener Zeitschriften und den Diskussionen in *Editorial Boards* zeigt sich, dass in Veröffentlichungen eine Zunahme vager statistischer Angaben zu beobachten ist; beispielsweise mit der Stichprobenzahl von $n = 3$ ohne Angabe der Art der Erhebung. Der Eindruck einer gezielten Verschleierung entsteht. Die exakte Beschreibung ist aber essentiell, um die Ergebnisse angemessen zu bewerten. Je nach gewähltem experimentellen Design steigt entweder die Fehlerwahrscheinlichkeit bei gleichzeitig zunehmender Zuverlässigkeit des Auffindens eines vorhandenen Unterschieds (siehe Kasten), z. B. wenn man nur das Beste von drei Ergebnissen präsentiert. Demgegenüber sinkt die Fehlerwahrscheinlichkeit, aber gleichzeitig fällt auch die Wahrscheinlichkeit, einen vorhandenen kleineren Unterschied zu erkennen, wenn Signifikanz in allen drei durchgeführten Experimenten gefordert wird. In diesem Fallbeispiel liegt die Irrtumswahrscheinlichkeit bei 0,000125.

Umfassende Transparenz als erster Schritt

Die genaue und hinreichend umfassende Beschreibung des experimentellen Designs und der Datenlage ist der wichtige erste Schritt zur Klarstellung und Transparenz. Eine eindeutige Begrifflichkeit ist zu nutzen, die technische und biologische Replikate von unabhängigen Experimenten unterscheidet. Abbildung 1 zeigt mögliche Designs eines Labor-experiments in der Biologie anhand des Beispiels von Pflanzen, die nach ihrer Anzucht einer Behandlung und nachfolgenden Analyse unterzogen werden. Technische Replikate messen denselben Parameter in einer

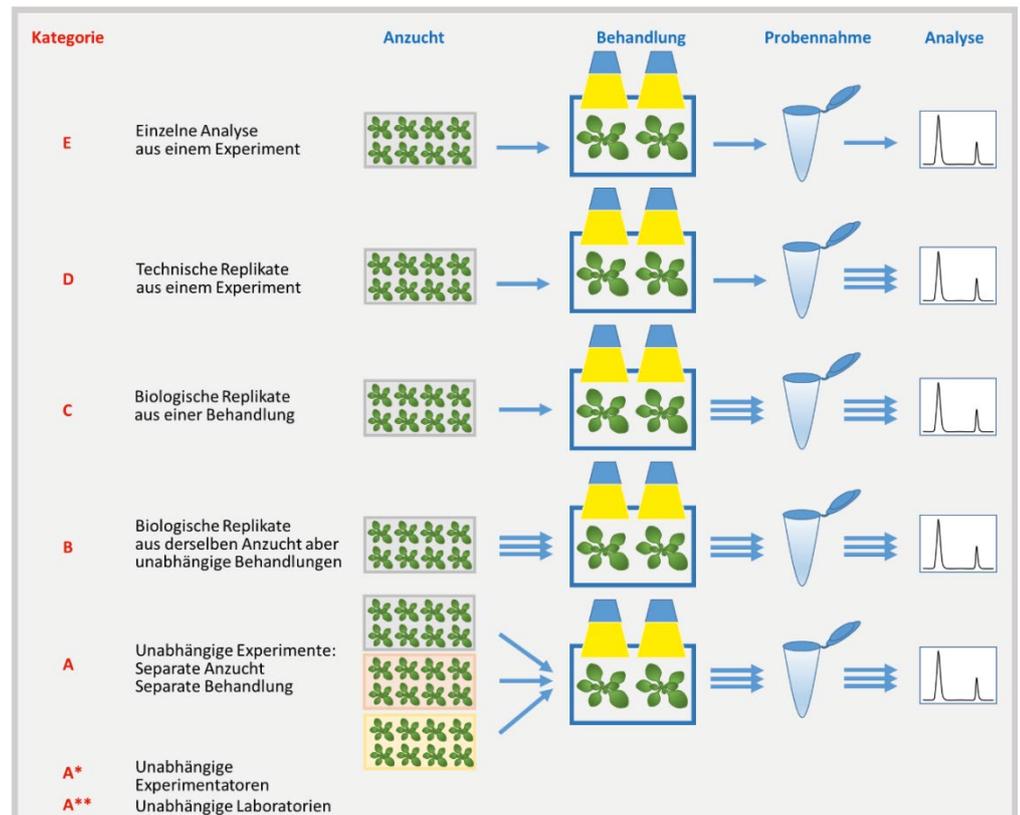


ABB. 1 Kategorisierung experimenteller Designs. Einzelne Analysen (E) und technische Replikate (D) werden biologischen Fragestellungen in der Regel nicht gerecht. Auch biologische Replikate aus einer Behandlung (C) bergen Risiken unerkannter Fehler. Unabhängige Behandlungen aus einer Anzucht (B) kann adäquat sein. Ideal ist die Kategorie (A), bei der die maximal im Labor mögliche Unabhängigkeit der Wiederholungen gewählt wird. Das Einbeziehen unabhängiger Experimentatoren (A*) und unterschiedlicher Laboratorien (A**) erhöht weiter die Sicherheit zuverlässiger Daten. Ein einzelner Pfeil zeigt eine einfache Durchführung, drei Pfeile unabhängige mehrfache Wiederholung dieses Schritts. Die im Text genannten Nebenbedingungen verhindern meist die Umsetzung eines solchen Standards.

Probe mehrmals und sind somit nur methodisch interessant. Sie zeigen die Genauigkeit der Methode. Biologische Replikate sind Messungen in unterschiedlichen Proben aus derselben Anzucht. Sie bergen die Gefahr, dass nicht evident gewordene Abweichungen im Bodensubstrat, bei der Bewässerung oder bei der Beleuchtung zu abnormalen und daher nicht reproduzierbaren Ergebnissen führen. Da diese Pflanzen gemeinsam unter denselben Bedingungen aufgewachsen sind, die aber nicht vollständig von den Experimentator/-innen erfasst sind, liefern sie gleiche Ergebnisse. Unter leicht veränderten Bedingungen, die dem Experimentator bzw. der Experimentatorin ebenfalls unbewusst sind, sind sie nicht reproduzierbar.

Erst das unabhängige Anziehen der Pflanzen mit nachfolgender Behandlung vermeidet dieses Risiko (Abbildung 1).

In der Befragung zur Reproduzierbarkeit gab ein Drittel der Forscher/-innen an, Maßnahmen zur Erhöhung der Reproduzierbarkeit getroffen zu haben [2]. Hierzu zählt als eine gängige Praxis, Schlüsselexperimente von anderen Experimentator/-innen im eigenen Labor reproduzieren zu lassen bzw. eine Auswertung einfach/doppelt verblindet durchzuführen.

Fachspezifische Standards als zweiter Schritt

Im Kompromiss zwischen Primärkriterium bester Wissenschaft und Sekundärkriterien durch andere

Zwänge erscheint es wichtig, sich in den Disziplinen auf Mindeststandards für die wünschenswerte Sorgfalt zu verständigen. Dies könnte nach Abbildung 1 je nach Art des Experiments die Kategorie A sein, nämlich die Experimente mit unabhängig angezogenem biologischem Material zu wiederholen. Abweichungen von diesem Standard müssten begründet werden. Hier lassen sich verschiedene Gründe vorstellen, beispielsweise wenn anstelle der exakten Reproduktion des Experiments anderweitig erhaltene Ergebnisse zusammengekommen die Schlussfolgerungen auf den vorliegenden Zusammenhang oder beteiligten Mechanismus unterstützen. Standards für Laborversuche unterscheiden sich von denen für Freilandversuche. Zentral bleibt die Forderung nach unabhängigen Wiederholungen der experimentellen Behandlungen [4].

Zusätzliche ethische Aspekte ergeben sich beispielsweise bei der Durchführung von Tierversuchen in der Grundlagen- und präklinischen Forschung. Die Zahl der eingesetzten Tiere darf weder zu klein noch zu groß sein. Experimente mit einer zu kleinen Zahl an Versuchstieren sind bedeutungslos, da sie unzuverlässige Ergebnisse liefern; eine zu große Tierzahl ist ethisch nicht vertretbar. Unter solchen Bedingungen kann sich in statistischen Modellierungen [5] ergeben, dass Einzelexperimente mit angemessener Tierzahl gegenüber unabhängig wiederholten Experimenten mit zu geringer Tierzahl zu bevorzugen sind. Frommlet und Heinze [5] werteten Publikationen aus, die teils ohne Replikationen und teils mit unklaren Beschreibungen in der Zeitschrift „Immunity“ erschienen waren und als repräsentativ auch für andere hochrangige Zeitschriften angesehen werden können.

Die Wichtigkeit vieler paralleler Maßnahmen

Das Konzept der *Open Science* strebt nach einer vollständigen Verfügbarkeit

wissenschaftlicher Daten, maximaler Transparenz ihrer Erhebung und freier Verfügbarkeit der Veröffentlichungen. In dieser Bewegung wurden neue Publikationsformate aufgelegt, die durch zahlreiche weitere Maßnahmen die Transparenz flankieren. Weitere Ebenen des wissenschaftlichen Systems sind einzubeziehen. Hier seien aus meiner Sicht zehn Beispiele aus verschiedenen Aktionsfeldern genannt:

- (1) Materialien und Methoden müssen umfassend und klar beschrieben werden und dürfen nicht durch Begrenzungen der Gesamtwortzahlen in den Veröffentlichungen beschnitten werden. Der Hinweis auf die Nutzung eines fertigen *kits*, in dem alle Komponenten durch eine Firma vorgegeben sind, ist ohne nähere Beschreibung ungenügend.
- (2) Wichtig erscheint, dass die Widerlegung von Hypothesen, landläufig als negative Ergebnisse beschrieben, veröffentlichbar wird und Anerkennung findet.
- (3) Die Veröffentlichung von Ergebnissen, die Daten reproduzieren, sollte erleichtert werden. Ein Ansatz ist, dies in speziellen Zeitschriften zu ermöglichen. Besser erscheint mir eine breitere Anerkennung und damit auch eine Veröffentlichung in Standardjournals. Der Link zu den vorangegangenen Studien sollte mit DOIs beispielsweise schon im Abstract erleichtert werden.
- (4) Die Zugänglichkeit zu Originaldaten verstärkt die Transparenz für den Leser bzw. die Leserin. Ich frage mich seit längerem, ob hier helfen könnte, die publizierten Daten im Supplement mit ihrem Datum der Erhebung aus dem Laborbuch zu versehen. Daraus würde besser erkennbar, ob es sich um technische, biologische Replikate oder vollständig unabhängige Experimente handelt.
- (5) Zu begrüßen ist, dass Zeitschriften vermehrt dazu übergehen, statistische Plausibilitätsprü-

fungen vorzunehmen und dabei Expert/-innen einzubinden.

- (6) Interessant ist die Idee, die Autor/-innen aufzufordern, die Grenzen ihrer eigenen Veröffentlichung zu beschreiben. Dies ist mir bei *iScience* begegnet.
- (7) Übersichtsartikel sind gehalten, Bewertungen und Kritik von Ergebnissen vorzunehmen und davon Abstand zu nehmen, eine unkommentierte Zusammenstellung anzufertigen. Solche unkritische Wiedergabe birgt die Gefahr, dass sich schwache Evidenz in der Literatur festsetzt. Hier kann allerdings auch eine Gegenposition bezogen werden, nämlich dass Bewertungen einen *Mainstream* zementieren könnten.
- (8) Das Training zur Datenbewertung, die Sensibilisierung gegenüber Fehlermöglichkeiten und die Kritikfähigkeit an Veröffentlichungen müssen gefördert werden. Das betrifft die Studierenden, *Early Career Researcher*, aber auch die gesamte wissenschaftliche Community. Der Dialog sollte lauter geführt werden.
- (9) Die Laufzeit von Forschungsprojekten sollte verlängert werden, um den Druck schnell zu veröffentlichen abzumildern. In einzelnen Formaten sind vier Jahre Förderung bereits etabliert, dies sollte Standard beispielsweise auch für Einzelsachmittelzuwendungen der DFG werden. Es gibt zahlreiche weitere Gründe für diese Forderung, die allerdings Gegenstand eines anderen Meinungsartikels sein sollte.
- (10) Im Rahmen der *Scientific Literacy* ist der Prozess des wissenschaftlichen Erkenntnisgewinns der interessierten Öffentlichkeit zu vermitteln. Dies ist eine heikle Mission, weil zu erklären ist, dass es im Sinne dieses Artikels zwar zuverlässigen und exzellenten Erkenntnisfortschritt gibt, aber auch fragwürdige Studien. Im *Web of Science* sind bereits über 225.000 Publikationen

über COVID-19 gelistet. Es drängt sich die Frage auf, welcher Anteil dieser doch in kurzer Zeit entstandenen Arbeiten wesentliche Erkenntnisse vermittelt.

Auch wenn ich weiter oben kritisch zu sehende Vorgehensweisen und Entwicklungen geschildert habe, so gibt es aus meiner Sicht keine grundsätzliche Daten- und Reproduktionskrise, denn die analytischen Möglichkeiten erlauben es, in nie dagewesener Qualität und mit hoher Präzision wertvolle Daten zu biologi-

schen Vorgängen zu generieren. Allerdings bedarf es einer kritischen Selbstkontrolle im Wissenschaftssystem, um valide Erkenntnisse von schwachen Evidenzen und fehlerhaften Befunden zu trennen. Alle Akteur/-innen sind gehalten, ihren Beitrag zur Verbesserung der Daten- und Reproduktionslage zu leisten. Dieser Meinungsartikel legt den Fokus auf Datenzuverlässigkeit, Reproduzierbarkeit und Standards – essentielle Prämissen für glaubwürdige Wissenschaft. Andere Themen der „Datenkrise“ wie die Datenflut und

Plagiate müssen zukünftigen Abhandlungen vorbehalten sein.

Literatur

- [1] K. E. White (2019). National Science Foundation InfoBrief, NSF 19–317.
- [2] M. Baker (2016). Nature 533, 452–454.
- [3] C. G. Begley, L. M. Ellis (2012). Nature 483, 530–533.
- [4] A. Rogers et al. (2021). Journal of Experimental Botany 72, 5270–5274.
- [5] F. Frommlet, G. Heinze (2021). Laboratory Animals 55, 65–75.

Karl-Josef Dietz, Bielefeld

DOI:10.11576/biuz-5392

AUS DEM VBIO

Mathematisch-naturwissenschaftliche Gesellschaften: Fort- und Weiterbildung von Lehrkräften ist keine Freizeitgestaltung

Ein Positionspapier der in der Initiative Wissenschaft-verbundet zusammengeschlossenen mathematisch-naturwissenschaftlichen Fachgesellschaften fordert Politik wie Schulträger auf, Lehrkräften mathematisch-naturwissenschaftlicher Schulfächer qualifizierte Angebote zu schaffen und die Teilnahme daran während der regulären Arbeitszeit zu erleichtern.

Mathematisch-naturwissenschaftliche Erkenntnisse sind nicht nur angesichts des Klimawandels und der Corona-Pandemie wichtiger denn je. Zugleich unterliegt die Wissenschaft einer hohen Dynamik. Dem ist bei der Fortentwicklung des mathematisch-naturwissenschaftlichen Schulunterrichts Rechnung zu tragen. Qualitativ hochwertige Fort- und Weiterbildungen für mathematisch-naturwissenschaftliche Lehrkräfte sind daher ein unverzichtbares Instrument zur stetigen Verbesserung des Unterrichts. Davon sind die fünf auf der Plattform *Wissenschaft-verbundet* zusammengeschlossenen mathematisch-naturwissenschaftlichen Gesellschaften überzeugt.

Der Dachverband der Geowissenschaften (DVGeo), die Deutsche Mathematiker-Vereinigung (DMV), die Deutsche Physikalische Gesell-

schaft (DPG), die Gesellschaft Deutscher Chemiker (GDCh) sowie der Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin in Deutschland (VBIO) vertreten deutschlandweit über 130.000 Mitglieder und haben nun ein Positionspapier zur Fort- und Weiterbildung von Lehrkräften verabschiedet. Es richtet sich sowohl an die Politik als auch an Bildungsbehörden und Schulträger und fordert diese auf, sachgerechte Angebote zu fördern und weiter zu entwickeln. Dabei muss den besonderen Bedürfnissen der mathematisch-naturwissenschaftlichen Schulfächer Rechnung getragen werden. Nötig sind fachliche und fachdidaktische Fortbildungsangebote sowie Formate, die beide Elemente verbinden. Der wissenschaftliche Fortschritt sowie die aktuellen Herausforderungen der Unterrichtsent-

wicklung z. B. in Bezug auf die Digitalisierung müssen berücksichtigt werden. Essenziell dafür ist eine hinreichende finanzielle als auch organisatorische Unterstützung. Insbesondere sind Lehrkräfte für Fort- oder Weiterbildungsmaßnahmen ausreichend und unkompliziert vom Unterricht freizustellen. Die mathematisch-naturwissenschaftlichen Gesellschaften betonen dabei ganz explizit, dass Fort- oder Weiterbildungen keineswegs nur in die Abendstunden oder die Wochenenden geschoben werden dürfen, sondern selbstverständlich zur und in die Gesamtarbeitszeit gehören.

Sie finden das Positionspapier im Wortlaut unter https://wissenschaft-verbundet.de/gemeinsame-aktivitaeten/download/positionspapier_fortbildungen.pdf

DOI:10.11576/biuz-5393



ABB. 1 Qualitativ hochwertige Fort- und Weiterbildungen für mathematisch-naturwissenschaftliche Lehrkräfte sind ein unverzichtbares Instrument zur stetigen Verbesserung des Unterrichts. Foto: DPG / Anja Metzelthin

AUS DEM VBIO

Synthetische Biologie und die Transformation der Biologie

Die Synthetische Biologie (SynBio) ist eine interdisziplinäre Forschungsdisziplin, welche die Biologie mit der Ingenieurwissenschaft verbindet. Damit verbunden ist eine Transformation von einer deskriptiven zu einer produktiven Wissenschaft – so sieht es jedenfalls unsere Mitgliedsgesellschaft, die German Association for Synthetic Biology (GASB e. V.). Sie zieht dabei auch die Parallele zur Chemie, die sich vor mehr als 100 Jahren ähnlich gewandelt hat.



Ziel der Synthetischen Biologie ist es, künstliche biologische Systeme zu entwerfen, zu bauen, zu testen und zu optimieren. Doch angesichts des, im Vergleich zu anderen Forschungszweigen, recht jungen Alters der Synthetischen Biologie gab es so gut wie keine Anlaufstellen für Information und Vernetzung der einzelnen Akteure oder Infrastruktur zur Karriereförderung bestrebt Wissenschaftler/-innen. Um dieses Vakuum zu füllen, der Community einen Fokuspunkt zu bieten und die Synthetische Biologie als Disziplin zu etablieren, wurde 2017 die *German Association for Synthetic Biology* (GASB e. V.) gegründet. Ein wichti-

ges Augenmerk liegt dabei darauf, dass die Gesamtheit der Synthetischen Biologie in all ihren Facetten repräsentiert wird (Abbildung 1). Inzwischen engagiert sich GASB in vielen Bereichen, um die SynBio weiter zu etablieren und als Schlüsseldisziplin des 21. Jahrhunderts voranzutreiben.

In Selbstverständnis, Aufbau und Struktur unterscheidet sich GASB von anderen Organisationen. Die GASB ist durch eine agile Bottom-up-Struktur charakterisiert. Der Vorstand und viele der aktiven Mitglieder sind zumeist junge Forschende und Studierende, während das beratende Gremium (*Advisory Board*) mit etablierten Gruppenleiter/-innen und Professor/-innen besetzt ist. Dies führt zu einem regelmäßigen Wechsel in der Führungsebene und einer besonderen Dynamik in der GASB. Allen Akteuren der SynBio soll es so einfach wie möglich gemacht werden, aktiv an den Vereinszielen mitzuarbeiten. So befinden sich die Projekte und Aktivitäten der GASB in einem stetigen Wandel, da immer wieder frische Perspektiven und neue Ideen hinzukommen.

Das zurzeit größte Event der Organisation und inzwischen fester Bestandteil des SynBio-Kalenders ist die jährlich stattfindende, wissenschaftliche Konferenz (GASB Konferenz), die an wechselnden Standorten mit lokalen Partnern umgesetzt wird. Abgesehen von Vorträgen und Postern, wie sie auf jeder Konferenz zu finden sind, beschreitet die GASB mit *Breakout Sessions* zu verschie-

denen Themen, wie z. B. die Synthetische Biologie in den Medien oder visionären Vorträgen über die Zukunft SynBios, einen neuen Weg, um die Diskussion in der Gemeinschaft zu diesen Themen zu fördern. Ein innovatives Format, welches die GASB ebenfalls nutzt, ist das SynBio World Cafe: In Kleingruppen diskutieren verschiedene Akteure der SynBio zu kontroversen Statements. So verbessern wir die Vernetzung der verschiedenen Bereiche wie akademische Forschung, Start-ups und Risikokapital, Industrie und Politik der Synthetischen Biologie. Die Ergebnisse der Diskussionen sind unter anderem in ein Impulspapier für die Bundesregierung eingeflossen.

Auch politisch und gesellschaftlich ist GASB engagiert. Neben Stellungnahmen zur europäischen Gerichtshofentscheidung zu CRISPR/Cas-Methoden, verschiedenen Reports, oder Strategiepapieren hat GASB vor den Bundestagswahlen an die Parteien Wahlprüfsteine versandt und die Ergebnisse auf ihrer Website veröffentlicht. Die GASB wendet sich aber auch an die breite Öffentlichkeit. Zusammen mit dem Verein „Ökoprogessive Agrarwende“ richtet die GASB in regelmäßigen Abständen digitale Diskussionsrunden zu verschiedenen Themen an der Schnittstelle Synthetische Biologie und Nachhaltigkeit aus. Zusammen mit dem Haus der Wissenschaft Braunschweig werden außerdem „Watch Parties“ zur Netflix-Serie Biohackers und anderen Videos mit Bezug zur Synthetischen Biologie veranstaltet. Mit anschließenden Expertendiskussionen dienen diese Veranstaltungen der Wissenschaftskommunikation.

Trotz des hohen internationalen Momentums müssen innerhalb Deutschlands noch einige Hürden überwunden werden, um die Synthetische Biologie vollständig als Disziplin zu etablieren und zur Schlüsseltechnologie weiterzuentwickeln. Aus diesem Grund ist die GASB auch im Bereich (Aus-)Bildung im Rahmen der Synthetischen Biologie aktiv. Ein aktuelles Bestreben der GASB ist

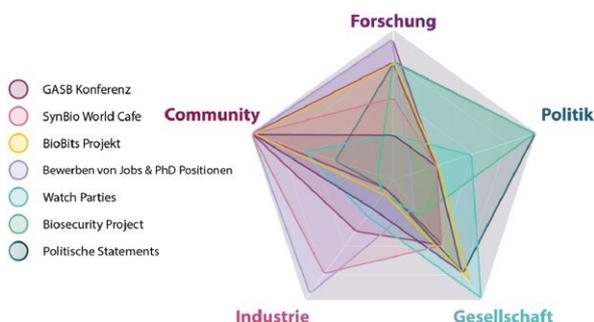


ABB. 1 Die fünf Ecken des abgebildeten Netzdiagramms stellen die fünf großen Bereiche dar, auf die die verschiedenen Aktivitäten von GASB ausgerichtet sind (die deutsche SynBio Community, die akademische Forschung, die allgemeine Gesellschaft, die Politik und die Industrie). Die abgebildeten Aktivitäten schlagen unterschiedlich stark entlang der fünf Achsen aus und zeigen so an, in welchem Maße sich das jeweilige Projekt auf den einen oder anderen Bereich fokussiert.

dabei, die Synthetische Biologie in den Klassenraum von Oberstufen zu bringen, um Schüler/-innen möglichst früh Zugang und Verständnis zu ermöglichen. Dazu werden so genannte BioBits-Kits zur Verfügung gestellt: Diese bestehen aus einer Vielzahl von DNA-Bausteinen und einer Lösung, die die zelluläre Proteinsynthese-Maschinerie enthält. Durch das Kombinieren unterschiedlicher Bausteine sind Schüler/-innen in der Lage, verschiedene genetische Schaltkreise und Netzwerke zu bauen. Je nachdem wie das Experiment verläuft, fluoresziert die Probe in der Lichtbox grün oder rot. So ermöglicht GASB Schüler/-innen einen ersten Einblick in die Synthetische Biologie.

Die ersten Durchgänge sollen noch von GASB-Repräsentant/-innen angeleitet werden. Ziel ist es aber, den Lehrenden das Knowhow zu ver-

mitteln, diese Versuche auch eigenständig durchführen zu können. Der simple experimentelle Aufbau in Kombination mit einem einfach auszuführenden Protokoll ermöglichen es auch Laien, schnell ein Gefühl für die zugrunde liegenden Prozesse zu bekommen. Das Projekt soll in der Pilotphase zunächst an ausgewählten Schulen (Abbildung 2) getestet und dann weiter ausgebaut werden.

GASB verfolgt einen ganzheitlichen Ansatz und sieht sich als Fachgesellschaft, die nicht vorrangig Wissenschaftler/-innen, sondern allen dient. Die Synthetische Biologie wird einen Einfluss auf unser aller Leben haben. Daher sieht die GASB es als ihre Aufgabe an, alle in den Dialog mit der Wissenschaft einzubinden. Falls Sie dieser Artikel neugierig gemacht hat, besuchen Sie gerne eine der GASB-Veranstaltun-



ABB. 2 Eines der Ziele der GASB: Synthetische Biologie in die Schule bringen.

gen. Nehmen Sie Kontakt mit GASB auf, wenn Sie Synergien sehen oder wenn Sie als Lehrer/-in SynBio an Ihre Schule bringen möchten. GASB freut sich von Ihnen zu hören!

Für die GASB Hendrik Cooper und Nicolas Krink, E-Mail: info@ga-sb.de

DOI:10.11576/biuz-5394

AUS DEM VBIO

Exzellente Lehre an Hochschulen – Preisträgerinnen und Preisträger des Ars legendi-Fakultätenpreis Mathematik und Naturwissenschaften 2022

Der Ars legendi-Fakultätenpreis für exzellente Hochschullehre in Mathematik und den Naturwissenschaften 2022 geht an Dagmar Hann und Daniela Meilinger (Biologie, Ludwig-Maximilians-Universität München), Nele Milsch (Chemie, Georg-August-Universität Göttingen), Martin Schlather (Mathematik, Uni Mannheim) und Julia Sammet (Physik, Goethe-Universität Frankfurt/Main).



ARS LEGENDI[®] FAKULTÄTENPREIS

Der Ars legendi-Fakultätenpreis Mathematik und Naturwissenschaften zeichnet herausragende, innovative und beispielgebende Leistungen in der Hochschullehre aus. Der Preis wird vom Stifterverband, dem Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin in Deutschland (VBIO), der Gesellschaft Deutscher

Chemiker (GDCh), der Deutschen Mathematiker-Vereinigung (DMV) und der Deutschen Physikalischen Gesellschaft (DPG) ausgelobt. Er wird seit 2014 jährlich in den Kategorien Biologie, Chemie, Mathematik und Physik vergeben und ist mit je 5.000 Euro dotiert. Die Preisträgerinnen und Preisträger werden von einer Jury aus Studierenden und Lehrenden der beteiligten Fächer sowie der Hochschuldidaktik bestimmt.

Der Ars legendi-Fakultätenpreis Mathematik und Naturwissenschaften 2022 geht an folgende Personen:

In der Kategorie Biologie: an Dagmar Hann und Daniela Meilinger von der Fakultät für Biologie der Ludwig-Maximilians-Universität München. Gemeinsam haben die Preisträgerinnen ein interdisziplinäres und multimediales Programm entwickelt, das den zahlreichen internationalen Studierenden den Einstieg in die molekularbiologischen Masterstudiengänge erleichtert. Dabei kommt eine Vielzahl didaktischer Methoden zum Einsatz, die in verschiedenen Modulen klug aufeinander abgestimmt und miteinander verzahnt werden. Das Herausragende dabei ist, dass auch ein Fokus auf die Vermittlung von methodischen Grundlagen gelegt wird, um die heterogene Vorbildung internationaler Studierender in eine gemeinsame Basis zu überführen. Auch die soziale Vernetzung zwischen den Studierenden wird aktiv gefördert. Die Jury erkennt darin ein beispielgebendes Lehrkonzept, das auch an anderen Fachbereichen aufgegriffen werden könnte.

In der Kategorie Chemie: an Nele Milsch von der Fakultät für Chemie

der Georg-August-Universität Göttingen. Die Preisträgerin hat ein Schulungskonzept für Tutorinnen und Tutoren (SciTuition) entwickelt und umgesetzt und damit einen bedeutenden Beitrag zur Verbesserung der Lehre geleistet. Tutorinnen und Tutoren leisten an den meisten Hochschulen wichtige Beiträge zur Lehrassistenz und sind wichtige Multiplikatoren. Nele Milsch hat für ihre Ausbildung ein umfassendes, didaktisch fundiertes und durchdachtes Konzept entwickelt. Dieses bereitet die Tutorinnen und Tutoren nicht nur fachlich, sondern auch didaktisch auf ihre Aufgabe vor und greift auch Spezifika des Chemiestudiums wie Praktikumsbetreuung auf. Als besonders positiv bewertet die Jury, dass den Tutorinnen und Tutoren begleitend zu ihrer Tätigkeit weitere vertiefende Module angeboten werden, und sie hierfür auch Kreditpunkte erwerben können.

In der Kategorie Mathematik: an Martin Schlather von der Fakultät für Wirtschaftsinformatik und Wirt-

schaftsmathematik an der Universität Mannheim. Der Preisträger hat das innovative Konzept des „Service Learnings“ mit entwickelt, in dem universitäre Lehre mit gesellschaftlichem Engagement verknüpft wird. Er hat dieses Konzept in mehreren Initiativen, etwa mit dem Projekt HAREBE zur verbesserten Lehramtsausbildung oder mit der Studierendeninitiative STADS, entfaltet und es in seinen Lehrveranstaltungen in überzeugender und vorbildlicher Weise umgesetzt. Angetan zeigte sich die Jury insbesondere davon, dass bei diesem Konzept der unmittelbare Praxisbezug – etwa die Verwendung realer Daten für die Vermittlung des Lehrstoffs – die gesellschaftliche Relevanz des statistischen Lehrstoffs herausstellt und Brücken in die spätere Berufstätigkeit baut. Darüber hinaus trägt der praktische Ansatz entscheidend zur Motivation und dem Lernerfolg der Studierenden bei.

In der Kategorie Physik: an Julia Sammet vom Fachbereich Physik der

Goethe-Universität Frankfurt. Die Preisträgerin hat schon als Studentin ein Physik-Lernzentrum gegründet, das sich an alle Studierende richtet, deren Fach auch Physik-Kenntnisse erfordert. Das von ihr über die Jahre hinweg mit großem Einsatz entwickelte Konzept des Lernzentrums, das in erster Linie auf peer-unterstütztes und selbstaktivierendes Lernen setzt, erwies sich schnell als so überzeugend, dass sie für den weiteren Ausbau des Zentrums fakultätseigene und dann auch externe Fördergelder einwerben konnte. Während des pandemiebedingten Lockdowns erwies sich das Konzept als so flexibel, dass es rasch erfolgreich in den virtuellen Raum übertragen werden konnte. Dank des persönlichen Engagements von Julia Sammet und der Unterstützung durch den Fachbereich ist eine professionelle Lernunterstützungsstruktur entstanden, die von den Studierenden außerordentlich gut angenommen und von der Jury als Leuchtturmprojekt angesehen wird.

DOI:10.11576/biuz-5395

AUS DEM VBIO

Naturwissenschaftliche Gesellschaften: Statement zum Krieg in der Ukraine

Die vier großen naturwissenschaftlichen Gesellschaften – der Dachverband der Geowissenschaften, die Deutsche Physikalische Gesellschaft, die Gesellschaft Deutscher Chemiker und der VBIO – haben sich unmittelbar nach dem russischen Einmarsch in die Ukraine in einem gemeinsamen Statement bestürzt gezeigt über die kriegsrische Gewalt.



ABB. 1 Seit dem 24. Februar herrscht Krieg in der Ukraine. Bild: Pixabay CCO

Der Krieg vernichte Menschenleben, ignoriere die Selbstbestimmung und zerstöre die Zusammenarbeit. „Unsere Sorge und Solidarität gelten der ukrainischen Bevölkerung und allen

anderen Leidtragenden dieses Krieges, dessen sofortiges Ende wir fordern“, heißt es in einer gemeinsamen Stellungnahme. Weiter heißt es dort: „Als wissenschaftliche Gesellschaften kooperieren wir mit Partnerorganisationen in aller Welt und fördern die internationale Gemeinschaft von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern und Studierenden. Wir stehen für den nationenübergreifenden Dialog und die gemeinsame Entwicklung von wissenschaftlichen Lö-

sungen. Der freie Wissensaustausch über Grenzen hinweg ist untrennbar mit der Respektierung der Menschenrechte, der Meinungsfreiheit und des Völkerrechts verbunden. Dieser Krieg zeigt uns unmissverständlich, wie wichtig es ist, entschieden für unsere demokratischen Werte einzutreten. Auch wenn nun die Politik gefragt ist, haben wir als Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler eine wichtige Verantwortung und Aufgabe: Wir werden uns mit ganzer Kraft dafür einsetzen, die Brücken für einen freien Austausch von wissenschaftlichen Erkenntnissen und Meinungen über Ländergrenzen und Kulturen hinweg weiter zu erhalten. Wir lassen uns nicht in unserem Glauben an die verbindende Wirkung von Wissenschaft erschüttern!“ (Gemeinsames Statement der Gesellschaften vom 25. Februar 2022).

DOI:10.11576/biuz-5396

ÖKOLOGIE

Dreiecksbeziehung zwischen Schwärmern, Käfern und Wespen

Beziehungsgeflechte mit drei oder mehr Partnern sind oft kompliziert und führen manchmal zu unerwarteten Ergebnissen. Jetzt konnte gezeigt werden, dass Tabakswürmer die Anwesenheit von Konkurrenten in Kauf nehmen, weil diese ihnen Schutz vor Schlupfwespen bieten.

Pflanzen und Tiere stehen in der Natur in zahlreichen Wechselwirkungen miteinander. Pro- oder anti-biotische Beziehungen zwischen zwei Partnern lassen sich oft noch gut erfassen. Weit schwieriger wird es, wenn drei oder mehr Partner beteiligt sind. Ist eine Pflanze beispielsweise bereits von einem herbivoren Insekt oder einem Parasiten befallen, so kann sich dies positiv oder negativ auf einen zweiten Herbivoren auswirken: Bereits geschwächte Pflanzen leisten vielleicht weniger Widerstand. Andererseits könnte aber auch das Abwehrsystem

der Pflanze bereits aktiviert sein, so dass eher mehr Widerstand zu erwarten ist. Außerdem könnten geschwächte Pflanzen weniger nahrhaft sein. Manchmal verbessern Parasiten aber auch die Nahrungsqualität einer Pflanze. Ein Beispiel hierfür ist der Rostpilz *Melampsora larici-populina*, der die Blätter der Schwarzpappel (*Populus nigra*) befällt. Die Blätter werden dadurch attraktiver für die Raupen des Schwarmspinners *Lymantria dispar*, denen die an Stickstoff, Vitamin B und Aminosäuren reichen Pilze quasi als aufwertende Beilage dienen [1].

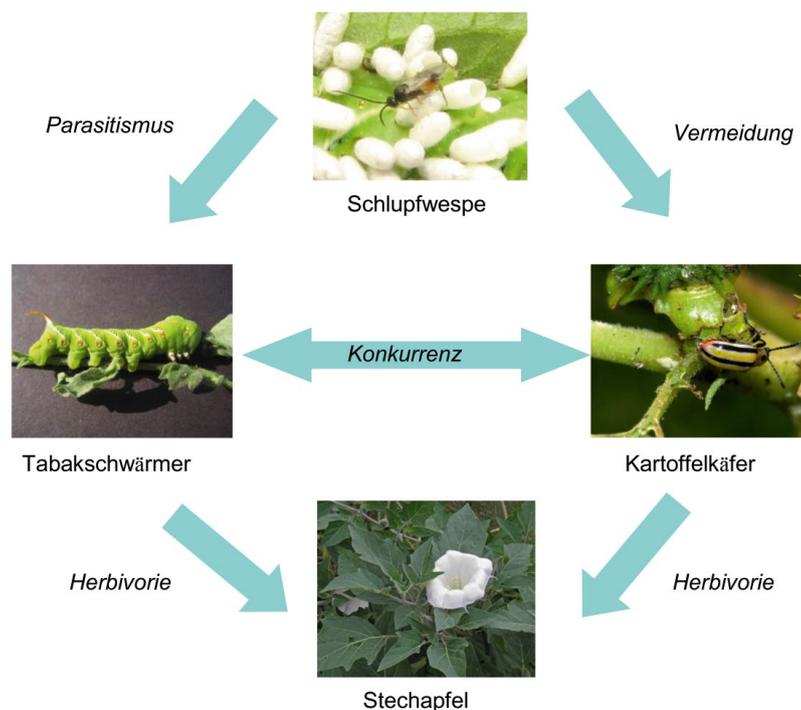


ABB. 1 Wechselbeziehungen zwischen Tabakswürmern, Stechäpfeln, Kartoffelkäfern und Schlupfwespen. Grafik: Johannes Sander; Einzelbilder gemeinfrei aus Wikipedia: Travis Witt (Tabakswürmer), dcrjsr (Stechäpfel), Beatriz Moisset (Schlupfwespe) und Ibsut (Kartoffelkäfer).

Welche Entscheidung ist also sinnvoll: Eier ablegen oder weitersuchen?

Ein Forscherteam um Jin Zhang hat jetzt ein weiteres Beispiel für eine Wechselbeziehung (Abbildung 1) zwischen verschiedenen Partnern untersucht [2]: Stechäpfel (*Datura wrightii*, Nachtschattengewächse), die von Larven und Imagines des Kartoffelkäfers *Lema daturaphila* befallen sind, verändern stark ihren Geruch. Tabakswürmer (*Manduca sexta*), die ebenfalls gerne Nachtschattengewächse befallen, sollten solche Pflanzen also leicht erkennen und vermeiden können. Anders als ursprünglich erwartet, fanden die Tabakswürmer von Kartoffelkäfern beschädigte Pflanzen aber sehr attraktiv. Ganz anders hingegen verhielten sich die Käfer: Sie vermieden von Tabakswürmern befallene Pflanzen.

α -Copaene als Duftstoffe

Mit Hilfe von Tabakswürmermutanten konnte gezeigt werden, dass die Geruchswahrnehmung über Odorant-Rezeptoren und nicht über ionotrope Rezeptoren erfolgt. Odorant-Rezeptoren von Insekten bestehen zwar wie die Odorant-Rezeptoren von Wirbeltieren aus sieben Transmembranhelices, allerdings liegen bei ihnen der N-Terminus im Zellinneren und der C-Terminus außen. Außerdem interagieren Odorant-Rezeptoren von Insekten alle mit demselben Korezeptor (Orco). Mutationen im *orco*-Gen legen daher alle Odorant-Rezeptoren gleichzeitig lahm, so dass nicht sämtliche Rezeptoren einzeln getestet werden müssen (manche Insekten wie etwa die Feuerameise *Solenopsis invicta* besitzen davon mehr als 400!) [3]. Aus dem Luftraum von mit Käfern befallenen Pflanzen konnten α -Copaene, trizyklische Sesquiterpene, als Hauptattraktor identifiziert werden. Da die Bildung der mRNAs von Odorant-Rezeptoren durch die Anwesenheit des passenden Liganden sehr schnell aktiviert wird, konnte auch der zugehörige Odorant-Rezeptor, Or35, gefunden werden. Dieser wird nur

in sehr wenigen olfaktorischen Sensorneuronen der Antennen exprimiert.

Schutz vor Wespen

Ein Befall mit den Kartoffelkäfern sorgt für eine deutliche Reduktion der beiden Hauptverteidigungssubstanzen von Stechäpfeln, Atropin und Scopolamin. Den Tabakswürmern könnte daraus ein Vorteil erwachsen. Dem ist aber offensichtlich nicht so, denn auf den von Käfern befallenen Pflanzen wuchsen die Schwärmeraugen deutlich langsamer als auf Kontrollpflanzen. Weshalb also bevorzugen die Schwärmer mit Käfern befallene Pflanzen, obwohl es ihrer Nachkommenschaft dort doch schlechter geht? An dieser Stelle kommt ein vierter Interak-

tionspartner ins Spiel, die Schlupfwespe *Cotesia congregata*. Diese Wespe ist ein Parasitoid, d. h. die aus den Eiern schlüpfenden Larven ernähren sich erst eine zeitlang als Parasiten von den Schwärmeraugen, bevor sie ihren Wirt dann abtöten. Für die Schwärmer stellt die Wespe ein erhebliches Problem dar, werden doch im Südosten der USA 50–90 Prozent der Raupen von ihnen befallen. Erwartungsgemäß fühlten sich die Schlupfwespen von Stechäpfeln, die mit Schwärmeraugen befallen waren, stark angezogen. Waren zusätzlich auch Käfer anwesend, so waren die Pflanzen für sie deutlich weniger attraktiv. Das Verhalten der Wespen ist durchaus nachvollziehbar, denn bei gleichzeitiger Anwesenheit von Käfern ent-

wickelten sich ihre Larven wesentlich schlechter.

Tabakswürmer bevorzugen nicht nur mit Käfern befallene Stechäpfel, sondern ziehen Stechäpfeln auch die weniger nahrhaften *Proboscidea*-Pflanzen vor. Der Grund hierfür dürften auch in diesem Fall die Schlupfwespen sein, denn die klebrigen Drüsenhaare von *Proboscidea* bieten wahrscheinlich ebenfalls Schutz vor den Parasitoiden.

Literatur

- [1] F. Eberl et al. (2020). *Ecol. Lett.* 23, 10s73–1084.
- [2] J. Zhang et al. (2022). *Curr. Biol.* 32, 1–9.
- [3] S. Sachse und J. Krieger (2011). *Neuroforum* 3, 89–100.

Johannes Sander, Halver

ÖKOLOGIE

Schwämme als Pioniere unter dem arktischen Eis

Tiefseeberge in der Zentralarktis beherbergen Schwammgärten mit hoher Artenvielfalt und bemerkenswerter Besiedlungsdichte. Es handelt sich um das nördlichste bekannte Vorkommen von Hornkiesel-schwämmen der Gattung *Geodia*. Ein Blick in die Erdgeschichte zeigt, wie sich diese Überlebenskünstler durch Resteverwertung im extrem nährstoffarmen Wasser behaupten können.

In der eisbedeckten Zentralarktis entdeckten Forscher einer Polarstern-Expedition im Herbst 2016



ABB. 1 Dicht besiedeltes Areal der Schwammkolonie mit Individuen unterschiedlicher Größe, die teilweise von Kalkröhrenwürmern besiedelt sind. Foto: PS101 AWI OFOBS, mit freundlicher Genehmigung aus [2].

dicht besiedelte, artenreiche Schwammgärten mit einer Ausdehnung von etwa 15 km² auf den Gipfeln von Tiefseebergen des Langseth-Rückens (87°N, 61°E), einem Teil des Gakkel-Rückens. In dieser Lebensgemeinschaft dominieren Hornkiesel-schwämme (*Demospongiae*) mit den Spezies *Geodia parva*, *G. hentscheli* und *Stelletta rhabdidiophora*, aber auch Glasschwämme (*Hexactinellida*) und Kalkschwämme (*Calcarea*) sind vertreten. Auf den meisten Schwämmen siedeln Bryozoen und Röhrenwürmer (*Serpulidae*, Abbildung 1), dazwischen tummeln sich Garnelen, Seesterne und Schlangensterne. Hochauflösende Kameraaufnahmen von der Fundstelle hatten bereits

vor einem Jahr für Schlagzeilen gesorgt, denn Spuren am Meeresgrund deuten darauf hin, dass die als sessil geltenden Schwämme nicht unverrückbar an ihrem Standort verharren, sondern sich fortbewegen, wenn auch sehr langsam. Dabei sondern sie massenweise Skelettelemente ab, die so genannten Spicula, die wie ein Teppich die Trasse ihrer Fortbewegung anzeigen [1].

Normalerweise bevorzugen Schwämme als Filtrierer Gewässer, die reichlich Plankton oder andere organische Partikel enthalten. Daher war zunächst rätselhaft, wie sich in dem extrem oligotrophen Wasser der seit Jahrzehnten ganzjährig von Eis bedeckten Zentralarktis Schwammgärten entwickeln konnten, denn am Langseth-Rücken gibt es weder nennenswerten Planktonregen noch Nährstoffe zuführende Meeresströmungen und auch keine Methan oder Sulfide ausdünstenden Quellen. Nach den Schätzungen der Forscher ist der Bedarf an organischem Kohlenstoff für den Grundstoffwechsel der dort ansässigen Schwammpopulation viel zu hoch, als dass er durch Filtration der im freien Wasser verfügbaren Partikel

gedeckt werden könnte. Dennoch gedeihen die Schwämme offenbar prächtig: Ausgewachsene Exemplare erreichen Durchmesser von bis zu 110 cm und ihre Biomasse wurde auf über 20 kg Feuchtgewicht pro Quadratmeter geschätzt. Dieser für boreale Gewässer ungewöhnlich hohe Wert ist vergleichbar mit größeren Schwammvorkommen in warmen Gewässern, z. B. im Mittelmeer. Dass viele adulte Exemplare Anzeichen von Knospung zeigten, die für Hornkieselschwämme typische Form der vegetativen Vermehrung, und von einer Schar zentimetergroßer Jungtiere umgeben waren (Abbildung 1), gilt als weiteres Indiz für die gute Konstitution der Schwammkolonie. Die Kombination von Methoden der Isotopen- und Metagenomanalyse lieferte jetzt eine plausible Erklärung, wie sich die zentralarktischen Schwämme ernähren können [2].

Ausgangspunkt der Arbeitshypothese waren wiederum die mit der hochauflösenden Kamera des *Ocean Floor Observation and Bathymetry System* (OFOBS) gewonnenen Bilder. Auf den Gipfeln der Tiefseeberge finden sich die Schwammgärten stets in flachen Bereichen, die wie eine Schutthalde mit leeren, unbewohnten Röhren von Bartwürmern, vor allem aus der Gattung *Polybrachia* (Siboglinidae, Frenulata, Polychaeta, Annelida) bedeckt sind (Abbildung 2). Da Bartwürmer, die chemoautotrophe Symbionten beherbergen, typische Bewohner hydrothermaler Tiefseequellen sind, zeugen ihre verlassenen Röhren von inzwischen erloschener vulkanischer Aktivität am Langseth-Rücken. Der Schutt enthält weiterhin Muschelschalen verschiedener Spezies, die auf eine vormals artenreiche Lebensgemeinschaft schließen lassen, wie man sie von Orten aktiver vulkanischer Ausdünstung oder im methanreichen arktischen Schelfmeer kennt. Das Alter dieser Relikte wurde mit Hilfe der Radiocarbonmethode auf 2000 bis 3000 Jahre geschätzt.

Symbionten erschließen Nährstoffquellen

Die Koinzidenz des Schwammvorkommens mit dem Chitin- und Protein-reichen Röhrenschutt der Bartwürmer ist offenbar nicht zufällig. Zwar weist der Isotopengehalt des Schwammgewebes auf eine gemischte Nahrung hin, aber der Gehalt an stabilen Stickstoff- (^{15}N) - und Kohlenstoff- (^{13}C) -Isotopen zeigte wesentlich größere Ähnlichkeit zu den Bartwurmrohren als zu der im freien Wasser gelösten oder partikulären organischen Materie sowie allen anderen Besiedlern der Schwammgärten. Demnach nutzen die Schwämme die Röhren als Nährstoffquelle, und es stellte sich die Frage, wie sie dieses Material erschließen. Denn mittels Filtration können sie nur kleinste Partikel sammeln und durch Phagozytose aufnehmen, daneben auch im Wasser gelöste organische Substanzen durch Pinocytose. Deshalb richteten die Forscher ihren Blick auf die mikrobiellen Symbionten der Schwämme am Beispiel von *G. parva*. Passend zum Standort fanden sie keine Methan- und Schwefeloxidierer, die für die Lebensgemeinschaften hydrothermaler Quellen typisch sind. Stattdessen dominierte das Phylum der Chloroflexi, die dafür bekannt sind, mit Hilfe von Exoenzymen komplexe organische Materie zu verdauen, darunter auch Chitin. Tatsächlich fanden sich im Metagenom der arktischen *G. parva*-Symbionten unter anderem aktiv exprimierte Gene für Chitinasen sowie für Enzyme des Schwefelstoffwechsels, die helfen könnten, die teilweise durch Schwefelverbindungen geschwärzten Bartwurmrohren zu verwerten. Zusätzlich wurden bei den *Geodia*-Symbionten Gene des autotrophen Stoffwechsels exprimiert, die auf eine Assimilation von im Wasser gelösten Stickstoff- und Schwefelverbindungen sowie von anorganischem Kohlenstoff hinweisen. Diese Befunde lassen darauf schließen, dass *Geodia* die spärlichen durch Filtration erschließbaren



ABB. 2 Die Schwämme siedeln auf Matten verlassener Bartwurmrohren (dicke Strukturen), die teilweise durch Einlagerung von Schwefel geschwärzt sind. Dazwischen liegen die wesentlich feineren Röhren der Kalkröhrenwürmer. Foto: Antje Boetius, Bremerhaven.

Nahrungsquellen durch Verdauung ihrer mixotrophen Symbionten ergänzt.

Die Schwämme, die als Pioniere das ehemalige Bartwurm-vorkommen besiedeln, sind nicht nur Nutznießer der Nahrungsquelle, sondern gestalten als Ökosystemingenieure aktiv ihren Lebensraum. Zum einen dienen sie als Substrat für die Ansiedlung weiterer sessiler Organismen. Und begünstigt durch die örtlichen Verhältnisse – geringe Strömung, niedrige Temperaturen und geringe Kalklösung in einer Meerestiefe oberhalb der so genannten Carbonat-Kompensationstiefe (Grenzfläche, unterhalb der keine Carbonatschlämme abgelagert werden) – tragen die Schwämme mit ihren Spicula außerdem dazu bei, dass die Sedimentschicht auf Stärken im Dezimeterbereich anwächst. Dadurch werden sowohl die Retention von absinkendem Detritus auf der rauen Oberfläche als auch die Ansiedlung von Mikroorganismen im Sediment gefördert. In der Summe kann sich so eine vielfältige Lebensgemeinschaft ausbilden.

Literatur

- [1] T. M. Morganti et al. (2021). *Curr. Biol.* 31, R368–R370.
- [2] T. M. Morganti et al. (2022). *Nat. Commun.* 13, 638.

Annette Hille-Rehfeld, Stuttgart

ZELLBIOLOGIE

Temperaturabhängige Regulation der Blütezeit

Für Pflanzen ist es entscheidend, den richtigen Zeitpunkt zum Blühen zu finden. Viele Pflanzen blühen nicht im Herbst, sondern beginnen erst im Frühjahr zu blühen, wenn die Temperaturen nach einem kalten Winter wieder ansteigen. Wie sich kurzfristige Temperaturschwankungen im Herbst auf die Hemmung des Blühvorgangs auswirken, ist bisher nicht gut untersucht. Eine aktuelle Arbeit zeigt, dass eine temperaturabhängige Phasentrennung von Blühregulatoren in der Pflanzenzelle dafür sorgt, dass die Pflanzen die Jahreszeiten korrekt wahrnehmen.

Pflanzen müssen den Übergang vom vegetativen Wachstum zum Blühen sorgfältig steuern, um sich erfolgreich fortpflanzen zu können [1–3]. Viele Pflanzen überwintern und blühen erst im nächsten Frühjahr. Eine lange Kälteperiode signalisiert, dass am Ende des Winters die Zeit zum Blühen gekommen ist. Die molekularen Vorgänge, die bei dieser sogenannten Vernalisierung ablaufen, sind bei der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana*, der Acker-schmalwand, gut untersucht.

Im Zentrum steht der Transkriptionsfaktor *FLOWERING LOCUS C (FLC)*, der den Übergang zum Blühen verhindert und somit als Repressor fungiert. Im Frühherbst sorgt ein Transkriptionsaktivator, *FRIGIDA (FRI)* für hohe *FLC*-Expression. Die Bindung von *FRI* zusammen mit einer Reihe von weiteren Proteinen an den Promotor des *FLC*-Gens führt zu einer Modifikation von Histonen: Im Histon H3 werden die Lysine 4 und 36 mit drei Methylgruppen versehen (H3 K4 m3, H3 K36 me3) – ein Zeichen, dass das Gen aktiv bleiben soll. Die kalten Temperaturen im Spätherbst und Winter sorgen dann dafür, dass das *FLC*-Gen nach und nach abgeschaltet wird. Dabei werden die Trimethylierungen von H3 K4 und H3 K36 wieder entfernt. Unter Laborbedingungen mit einer konstant tiefen Temperatur ist *FLC* innerhalb von zwei bis drei Wochen abgeschaltet [4–6]. Unter Feldbedingun-

gen mit natürlichen Temperaturschwankungen im Herbst dauert dieser Prozess Monate [7, 8]. Deshalb wurde untersucht, wie Temperaturschwankungen die Aktivität von *FRI* beeinflussen [9].

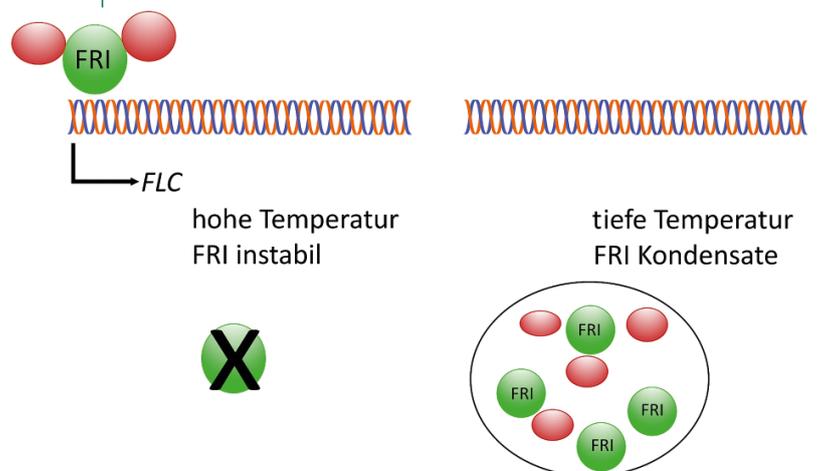
Um das *FRI*-Protein in der Zelle verfolgen zu können, wurden transgene Pflanzen hergestellt, die *FRI* in Fusion mit dem GREEN FLUORESCENT PROTEIN (GFP) exprimieren. Es zeigte sich, dass das *FRI*-GFP-Fusionsprotein in der Kälte stabiler ist und nach zwei Wochen akkumuliert – zu einem Zeitpunkt, an dem

die Aktivierung der *FLC*-Expression durch *FRI* eigentlich abnehmen sollte. Ferner trat *FRI*-GFP in Kondensaten im Zellkern auf [9]. Solche Kondensate entstehen durch Phasentrennung (Entmischung) von Proteinen, so dass diese in bestimmten Bereichen in der Zelle angereichert werden und dort verschiedene Aufgaben ausüben können [10]. Die Entmischung von Proteinen wird oft durch Regionen des Proteins gefördert, die keine definierte dreidimensionale Struktur aufweisen, sogenannten „intrinsically disordered regions“. Tatsächlich besitzt *FRI* eine solche Region. Wenn diese aus dem *FRI*-GFP-Fusionsprotein entfernt wurde, kam es nicht mehr zur Phasentrennung.

Phasentrennung von Transkriptionsfaktoren

Durch „single-molecule RNA fluorescence in situ hybridization“, kurz smRNA FISH, konnte gezeigt werden, dass die *FRI*-GFP-Kondensate sich nicht an der Stelle befanden, an der das *FLC*-Gen transkribiert wird [9]. Da *FRI* für die Aktivierung des *FLC*-Gens mit dem *FLC*-Promotor assoziiert, weisen diese Befunde dar-

ABB. 1 | TEMPERATURABHÄNGIGE KONDENSATBILDUNG VON FRI



Bei hohen Temperaturen im Herbst bindet *FRI* (grüner Kreis) in einem Komplex mit anderen Proteinen (rote Kreise), die an der transkriptionellen Regulation beteiligt sind, an den Promotor des *FLC*-Gens (rot-blaue Doppelhelix) und aktiviert die *FLC*-Transkription (Pfeil). Eine hohe Konzentration an *FLC*-Protein inhibiert den Übergang zum Blühen. Bei tieferen Temperaturen wird das *FRI*-Protein stabilisiert und in Kondensate sequestriert, so dass die Bindung an den *FLC*-Promotor und somit die transkriptionelle Aktivierung aufhört. Modifiziert nach [9].

auf hin, dass die FRI-GFP-Kondensate nicht mit der Aktivierung des *FLC*-Gens, sondern mit dem Abschalten der *FLC*-Transkription zusammenhängen. In anderen Worten: FRI wird durch die Phasentrennung bei tiefen Temperaturen von *FLC* ferngehalten. Es konnte gezeigt werden, dass die *COOLAIR*-RNA, die auf dem Gegenstrang des *FLC*-Gens liegt und eine wichtige Rolle bei der *FLC*-Regulation spielt, ebenfalls in den Kondensaten zu finden ist.

Das Abschalten der *FLC*-Transkription beginnt im Herbst, wenn es zu größeren Temperaturschwankungen kommen kann. Es ist bekannt, dass höhere Temperaturen im Herbst das Abschalten von *FLC* verzögern [7, 8]. Nun wurde beobachtet, dass die FRI-GFP-Kondensate, die sich in der Kälte ausbilden, ein paar Stunden nachdem *Arabidopsis*-Pflanzen wärmeren Temperaturen ausgesetzt worden waren, verschwanden. Brachte man die Pflanzen nach dieser kurzzeitigen Wärmeexposition zurück in die Kälte, bildeten sich

die Kondensate wieder aus [9]. Die temperaturabhängige Phasentrennung von FRI, assoziierten Proteinen und *COOLAIR* scheint also dazu beizutragen, die Aktivierung von *FLC* und FRI bei natürlichen Temperaturschwankungen zu kontrollieren (Abbildung 1): In der Kälte wird FRI durch die Ausbildung von Kondensaten mit Hilfe der *COOLAIR*-RNA von *FLC* entfernt und somit die transkriptionelle Aktivierung reduziert. Bei wärmeren Temperaturen wird FRI hingegen aus den Kondensaten freigesetzt, so dass es mit dem *FLC*-Promotor interagieren und die Transkription steigern kann. Damit wird verhindert, dass eine kurze Wärmeperiode als Frühlingstemperatur missinterpretiert wird und die Blüte beim Einbruch des Winters ausgelöst wird.

Diese Ergebnisse sind besonders relevant, da im Zuge des Klimawandels das Auftreten von extremeren Temperaturschwankungen zu erwarten ist. Die Aufklärung molekularer Mechanismen, wie Pflanzen sich

davor schützen, dass solche Unregelmäßigkeiten die saisonale Blühregulation durcheinanderbringen, sind deshalb von großem Interesse.

Literatur

- [1] F. Andres, G. Coupland (2012). *Nature Reviews Genetics* 13, 627–639.
- [2] D.-H. Kim et al. (2009). *Annual Review of Cell and Developmental Biology* 25, 277–299.
- [3] M. Johansson, D. Staiger (2015). *Journal of Experimental Botany* 66, 719–730.
- [4] T. Csorba et al. (2014). *Proc Natl Acad Sci U S A* 111, 16160–16165.
- [5] H. Yang et al. (2014). *Current Biology* 24, 1793–1797.
- [6] S. Swiezewski et al. (2009). *Nature* 462, 799–802.
- [7] J. Hepworth et al. (2018). *Nature Communications* 9, 639.
- [8] R. L. Antoniou-Kourouniotti et al. (2018). *Cell Systems* 7, 643–655.e9.
- [9] P. Zhu et al. (2021). *Nature* 599, 657–661.
- [10] S. Boeynaems et al. (2018). *Trends in Cell Biology* 28, 420–435.

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

TAXONOMIE

Habe ich eine neue Spezies entdeckt?

Der Traum von der Entdeckung einer neuen Art ist oft der erste Funke vom flammenden Wunsche Biologe zu werden. Im Studium lernt man, sich mit wissenschaftlichen Methoden neue Räume, Habitate und auch Spezies zu erschließen. Besonders in der Mikrobiologie hat man nicht selten eine neue Spezies in den Händen und steht damit vor Fragen, die im Studium selten oder nie adressiert werden. Was macht man mit einer neuen Art und wie meldet man diese offiziell an, um seine Entdeckung angemessen mit der wissenschaftlichen Gemeinschaft zu teilen? Wir wollen einen möglichen Weg von der Kolonie auf der Agarplatte bis zur offiziellen Anerkennung einer neuen Spezies aufzeigen.

Ob man wirklich eine neue Spezies entdeckt hat oder nicht, lässt sich am schnellsten mit Hilfe der 16S rRNA-Sequenzierung abschätzen. Das 16S rRNA-Gen kodiert für eine ribosomale RNA, welche zusammen mit ribosomalen Proteinen das Ribosom bildet und so die Proteinsynthese ermöglicht. Durch diese essenzielle Funktion ist das 16S rRNA-Gen uni-

versell in allen Prokaryoten konserviert und ein idealer phylogenetischer Marker. Um die 16S rRNA-Sequenz eines neuen Isolats bestimmen zu können, sollte man dieses mittels PCR amplifizieren. Die Primer 27F (5'AGAGTTTGATCMTGGCTCAG) und 1492R (5'TACGGYTACCTTGT-TACGACTT) sind hierfür oft eine gute Wahl, wobei es auch Alternati-

ven gibt [1]. Die 16S rRNA-Gen-Amplifikation sollte mittels Sanger-Technologie sequenziert werden und die gewonnene Sequenz gegen eine 16S rRNA-Gen-Datenbank abgeglichen werden. Dafür eignet sich der BLAST Web-Service von NCBI sehr gut. Als Datenbank sollte man bei BLASTn die „rRNA/ITS databases“ auswählen [2]. Eine mögliche Alternative ist die EzBioCloud-16S-Datenbank [3]. Zeigt das Ergebnis eine Sequenzidentität von 98,7 Prozent oder weniger zu einer bekannten Sequenz an, so ist die Wahrscheinlichkeit hoch, dass es sich um eine neue Spezies handelt [4]. Auf Grundlage der 16S rRNA-Gen-Sequenz kann bereits ein phylogenetischer Baum erstellt werden. Hierfür benötigt man eine „Outgroup“, welche als Vergleichspunkt für die „Ingroup“ verwendet wird und so die Verwurzelung der Phylogenie ermöglicht. Aber selbst wenn die Se-

TABELLE 1: SOFTWARE ZUR BERECHNUNG VON ANI-WERTEN (MODIFIZIERT NACH [4])

Name des Tools	Funktion	Typ	URL und Referenz
ANI calculator	Berechnung von ANI	Web-basiert	http://enve-omics.ce.gatech.edu/ani/
Genome-to-Genome Distance Calculator	Berechnung von dDDH	Web-basiert	https://ggdc.dsmz.de/ [7]
GTDB-Tk	Berechnung von ANI	Eigenständige Software	https://gtdb.ecogenomic.org/ [8]
JSpecies WS	Berechnung von ANI	Web-basiert	http://jspecies.ribohost.com/jspeciesws [9]
JSpecies	Berechnung von ANI	Eigenständige Software	https://imedea.uib-csic.es/jspecies/ [10]
OrthoANIu	Berechnung von ANI	Web-basiert	https://www.ezbiocloud.net/tools/ani [11]
OrthoANIu	Berechnung von ANI	Eigenständige Software	https://www.ezbiocloud.net/tools/orthoaniu [11]

quenzidentität bei über 98,7 oder sogar 100 Prozent liegt, kann immer noch eine neue Spezies vorliegen [4]. Besteht dafür ein begründeter Verdacht, bringt der nächste Schritt Klarheit.

Genomsequenz-basierte Klassifizierung

Die Einzigartigkeit eines Organismus wird erst in vollem Umfang klar, wenn die Gesamtheit seiner Erbinformation bekannt ist. Einige Journals wie *Systematic and Applied Microbiology* (ISSN: 0723-2020) und *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* (IJSEM; ISSN: 1466-5026) setzen eine vollständige Genomsequenz sogar voraus, um einen neuen Typstamm beschreiben zu können. Für die Spezies-Bestimmung mittels Genomsequenzierung macht man sich den „Overall Genome Related Index“ (OGRI) zunutze. Hierfür werden meist „Average Nucleotide Identity“ (ANI) oder „digital DDH“ (dDDH, DNA-DNA-Hybridisierung) genutzt, die entweder mittels Web-basierter Plattformen oder mit eigenständiger Software ermittelt werden können. Eine Übersicht geeigneter Programme findet man in Tabelle 1. Ist der ANI-Wert unter 95~96 Prozent oder unter 70 Prozent dDDH, handelt es sich um eine neue Spezies [4]. Für eine phylogenetische Analyse kann man mittels des PyANI-Skripts eine Heatmap erstellen und so die Daten auch ansprechend und aussagekräftig visualisieren [5]. In Abbildung 1 ist eine ANI-Analyse beispielhaft visualisiert. Sie lässt klar und intuitiv erkennen, dass die beiden Spezies *Brevundimonas pondensis* und *Brevundimonas goettingensis* sich

von den bereits bekannten Typstämmen der Gattung *Brevundimonas* unterscheiden.

Weitere Charakterisierung der neuen Spezies

Um eine neue Spezies beschreiben zu können, müssen neben der Sequenzierung (16S rRNA-Gen-Sequenzierung oder Genomsequenzierung) auch einige weitere Untersuchungen an den Bakterien durchgeführt werden, um Unterschiede oder Ähnlichkeiten mit nah verwandten Spe-

zies zu überprüfen. Ob man den Schwerpunkt auf Chemotaxonomie (bspw. Lipidprofile), Morphologie, biochemische Tests sowie phänotypische Reaktionen auf Kohlenstoffquellen (für beide letztere gibt es eine große API-Kits-Auswahl von bioMérieux, Nürtingen, Deutschland) legt, ist jedem selbst überlassen. Es kann aber sehr interessant sein, sich auf die spezifischen Charakteristika nah verwandter Spezies zu konzentrieren. Eine mikroskopische Aufnahme (Abbildung 2), auch

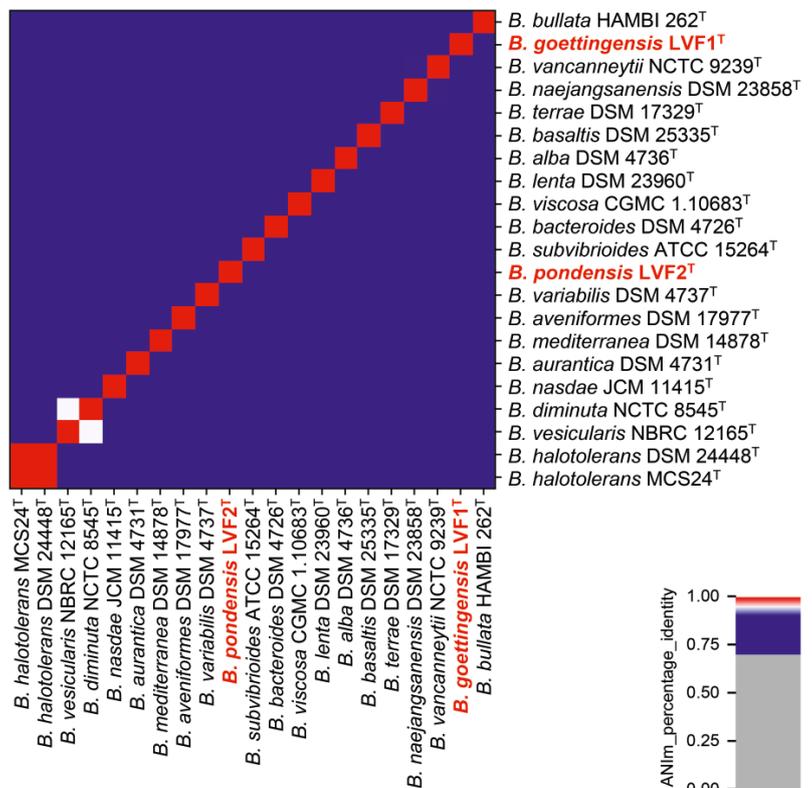
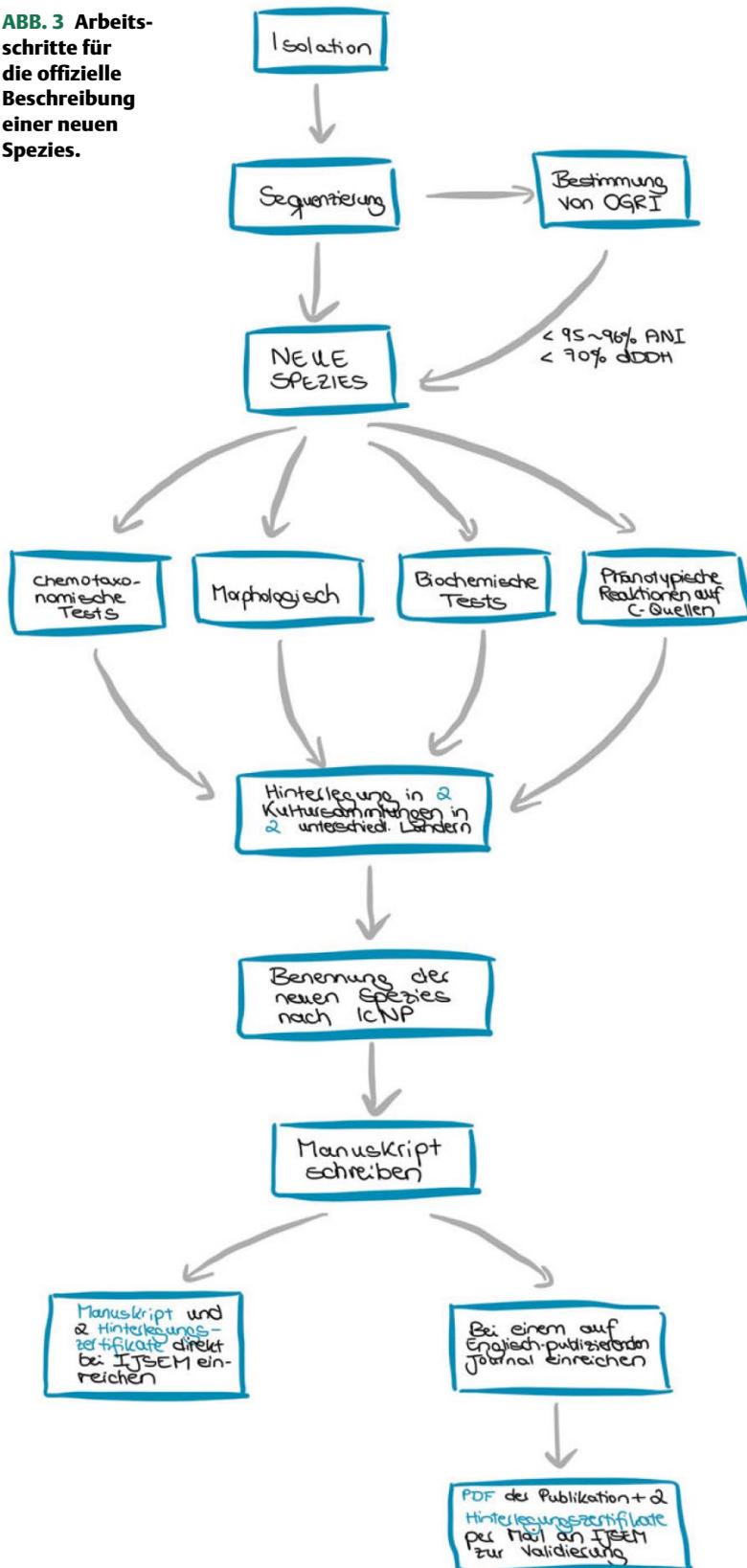


ABB. 1 ANI-Analyse von *Brevundimonas pondensis* und *Brevundimonas goettingensis* im Bezug zu den vorliegenden Typstämmen der *Brevundimonas*-Gattung. Weiß dargestellt ist die Speziesgrenze bei 95% Genomidentität. Rot dargestellt sind Ähnlichkeiten über 95%, die die Zugehörigkeit zur gleichen Spezies markieren. Blau dargestellt sind Ähnlichkeiten unter 95%, die die Zugehörigkeit zur gleichen Gattung aber nicht zur gleichen Spezies markieren.

ABB. 3 Arbeitsschritte für die offizielle Beschreibung einer neuen Spezies.



wenn sie nicht verpflichtend ist, kann eine Speziesbeschreibung ebenfalls sehr aufwerten.

Für die Nachwelt

Wenn man offiziell eine neue Spezies anmelden möchte, sollte man

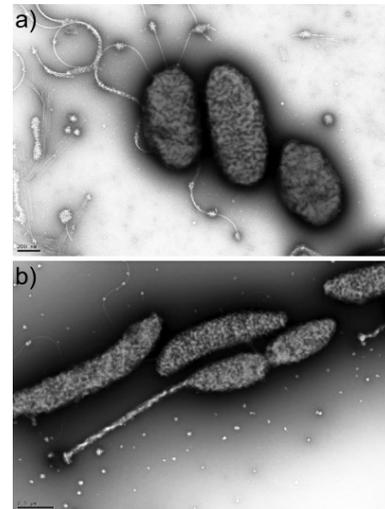


ABB. 2 TEM-Aufnahmen der neu entdeckten Spezies (a) *Brevundimonas pondensis* und (b) *Brevundimonas goettigenis*. Weiterführende Information zu den beiden neuen Spezies sind in [6] zu finden.

diese auch der Forscherwelt bereitstellen. Daher ist die Hinterlegung der neuen Spezies in mindestens zwei Kultursammlungen in zwei unterschiedlichen Ländern obligatorisch. Eine Übersicht von europäischen Kultursammlungen mit englischer Internetpräsenz kann man auf www.eccosite.org finden. So eine Hinterlegung kann einige Monate in Anspruch nehmen, weshalb diese frühzeitig angegangen werden sollte. Um diese nicht unnötig in die Länge zu ziehen, sollte man sich an die Anweisungen der entsprechenden Sammlung halten und mögliche Unklarheiten umgehend kommunizieren. Sobald der Prozess abgeschlossen ist, wird die Hinterlegung mit einer Urkunde (*certificate of deposition*) bestätigt.

Wie soll's heißen?

Der nächste und für den Wissenschaftler sicherlich wichtigste Schritt, ist die Benennung der neuen Spezies. Da in den meisten Fällen die Gattung bereits bekannt ist, gilt es das spezifische Epitheton zu bestimmen. Hierfür gibt es Regeln, an die man sich unbedingt halten muss, um den vollständigen Speziesnamen der Norm entsprechend zu wählen. Eine Übersicht gibt es beim *International Code of Nomenclature of Prokaryotes* (ICNP) [12]. Sehr hilfreich ist auch die Publikation von Aharon Oren zur Benennung neuer

Gattungen und Spezies sowie eine Tabelle von Neu-Lateinern (Stand: 2011), die bereit sind, Mikrobiologen bei der Bildung korrekter Namen zu helfen [13].

Hallo, hier bin ich!

Hat man das alles geschafft, sollte man zu guter Letzt den taxonomischen Vorschlag als Manuskript aufschreiben. Die Anforderung [12] an solch ein Manuskript sind die folgenden: 1. Es muss ein Typstamm benannt werden (bei einer neuen Spezies das eigene Isolat). 2. Der Typstamm sollte in zwei Kultursammlungen in zwei verschiedenen Ländern hinterlegt werden. 3. Der Typstamm muss über die Kultursammlungen für jedermann zugänglich sein (Patentstämme können nicht als Typstämme dienen). 4. Eine korrekte Etymologie und Beschreibung sollte angegeben werden. Die Erstellung eines taxonomischen Vorschlags ist unproblematisch, wenn die vorangegangenen Punkte beachtet wurden. Beispiele für Manuskripte sind auf der Website des IJSEM (<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem>) zu finden.

Das Manuskript sowie die zwei Hinterlegungszertifikate können direkt beim IJSEM eingereicht wer-

den. Es ist aber auch möglich, das Manuskript über die neue Spezies in einem anderen Journal zu veröffentlichen, solange dieses auf Englisch publiziert. Um die Spezies dann vom *International Committee on Systematics of Prokaryotes* (ICSP) anerkennen zu lassen, müssen das PDF-Dokument der Publikation sowie die beiden Hinterlegungszertifikate per E-Mail an das IJSEM zur Validierung geschickt werden. Denn ohne Validierung gibt es auch keine neue und offiziell anerkannte Spezies! Eine schematische Darstellung der nötigen Arbeitsschritte ist in Abbildung 3 zu sehen.

Danksagung

Wir danken unseren Mentoren Rolf Daniel und Fabian M. Commichau für die Anregung zum vorliegenden Manuskript und die konstruktive Unterstützung bei seiner Verfassung. Wir danken Michael Hoppert für seine Unterstützung bei der Realisierung der elektronenmikroskopischen Aufnahmen.

Literatur

- [1] N. J. Fredriksson et al. (2013). PLOS ONE 8, e76431–e76431, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0076431>.
- [2] S. F. Altschul et al. (1990). J. Mol. Biol. 215, 403–410, [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2).

- [3] S.-H. Yoon (2017). Int. J. Syst. Evol. 67, 1613–1617, <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.001755>.
- [4] J. Chun et al. (2018). De Meyer, S.; et al. Int. J. Syst. Evol. 68, 461–466, <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002516>.
- [5] L. Pritchard et al. (2016). Anal. Methods 8, 12–24, <https://doi.org/10.1039/c5Ay02550h>.
- [6] I. Friedrich et al. (2021). Appl Microbiol. 1, 38–59, <https://doi.org/10.3390/applmicrobiol1010005>.
- [7] J. P. Meier-Kolthoff et al. (2013). BMC Bioinformatics 2013, 14, 60, <https://doi.org/10.1186/1471-2105-14-60>.
- [8] P.-A. Chaumeil et al. (2019). Bioinformatics 36, 1925–1927, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz848>.
- [9] M. Richter et al. (2016). Bioinformatics 32, 929–931, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv681>.
- [10] M. Richter, R. Rosselló-Móra (2009). PNAS, 106, 19126–19131, <https://doi.org/10.1073/pnas.0906412106>.
- [11] S.-H. Yoon (2017). Antonie Van Leeuwenhoek 110, 1281–1286, <https://doi.org/10.1007/s10482-017-0844-4>.
- [12] C. T. Parker et al. (2019). Int. J. Syst. Evol. 69, S1–S111, <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.000778>.
- [13] A. Oren (2011). In *Methods in Microbiology*; Elsevier, Vol. 38, S. 437–463, ISBN 978-0-12-387730-7.

*Ines Friedrich,
Georg-August-Universität Göttingen,
Robert Hertel,
Brandenburgische Technische Universität Cottbus-Senftenberg*

UMWELTBILDUNG

Die „Naturverbundenheit“ stärken

Der Schutz von Natur und Umwelt ist eines der zentralen Themen unserer Gesellschaft. Die Fokussierung der Umweltbildung auf die Vermittlung von Fachwissen hat sich in der Vergangenheit als wenig tauglich erwiesen, Menschen für umweltgerechtes Verhalten zu begeistern. Inzwischen hat man die Relevanz ganz anderer Faktoren erkannt, unter denen die „Naturverbundenheit“ eine besondere Rolle zu spielen scheint. Bildungsträger sollten daher diese gezielt in den Blick nehmen.

In unserer heutigen Zeit ist die Menschheit mit immer größeren Umweltproblemen konfrontiert: Der Klimawandel, der Rückgang der globalen Biodiversität oder die Umweltverschmutzung sind nur einige

der prominentesten Beispiele davon. Für viele dieser Probleme sind die Menschen durch ihr Verhalten in entscheidender Weise mitverantwortlich. Um diesen Umweltproblemen entgegenzuwirken, hat sich die

Umweltbildung zum Ziel gesetzt, umweltfreundlicheres Verhalten der Menschen zu fördern.

Bedeutung der Naturverbundenheit

In der Vergangenheit war man der Auffassung, dass eine Steigerung des Wissens über Umweltprobleme direkt zu einer Verbesserung des Umweltverhaltens und damit zum Schutz der Natur führen würde. Daher haben diese Umweltbildungsprogramme ihren Schwerpunkt besonders auf die Vermittlung von kognitiven Kompetenzen gelegt. Viele empirische Untersuchungen zu Umweltbildungsprogrammen kamen jedoch zu dem Ergebnis, dass

Wissen alleine nicht zu einer direkten Verhaltensänderung führt, sondern auch andere Faktoren eine bedeutende Rolle spielen. Besonders affektive Komponenten wie Umwelteinstellungen oder die Naturverbundenheit rücken in diesem Zusammenhang immer mehr in den Fokus. Einige Wissenschaftler/-innen gehen sogar einen Schritt weiter und sehen im Rückgang der Mensch-Natur-Beziehung den Hauptauslöser für die aktuellen Umweltprobleme. Besonders bei Kindern trägt die lange Zeit, die zu Hause mit elektronischen Endgeräten verbracht wird, in entscheidender Weise zu diesem Rückgang bei. Authentische Naturbegegnungen und -erfahrungen werden immer seltener. Dass eine gestärkte Naturverbundenheit auf der anderen Seite deutliche positive Auswirkungen hat, konnte wiederholt festgestellt werden. Zahlreiche Studien belegen, dass Menschen mit einer höheren Naturverbundenheit eher zum Schutz der Umwelt motiviert sind und auch mehr umweltfreundliches Verhalten zeigen. Aber auch auf einer persönlichen und gesundheitlichen Ebene zeigt sich der positive Einfluss der Naturverbundenheit. So sind naturverbundene Menschen gesünder, fühlen sich physisch und psychisch wohler und haben im Schnitt eine höhere Lebenszufriedenheit.

Messung der Naturverbundenheit

Um die Ausprägung von nicht direkt beobachtbaren Merkmalen wie der Naturverbundenheit bei Menschen zu messen, werden in der Umweltpsychologie häufig Fragebögen eingesetzt. Diese sollen einerseits möglichst kurz (zeitsparend) sein und trotzdem genau und zuverlässig das zu messende Merkmal abbilden. Ein häufig auftretendes Problem dieser Messinstrumente ist deren eingeschränkte Einsetzbarkeit bei Zielgruppen mit ganz unterschiedlichen kognitiven Voraussetzungen wie beispielsweise Erwachsenen und Grundschüler/-innen. Aus diesem

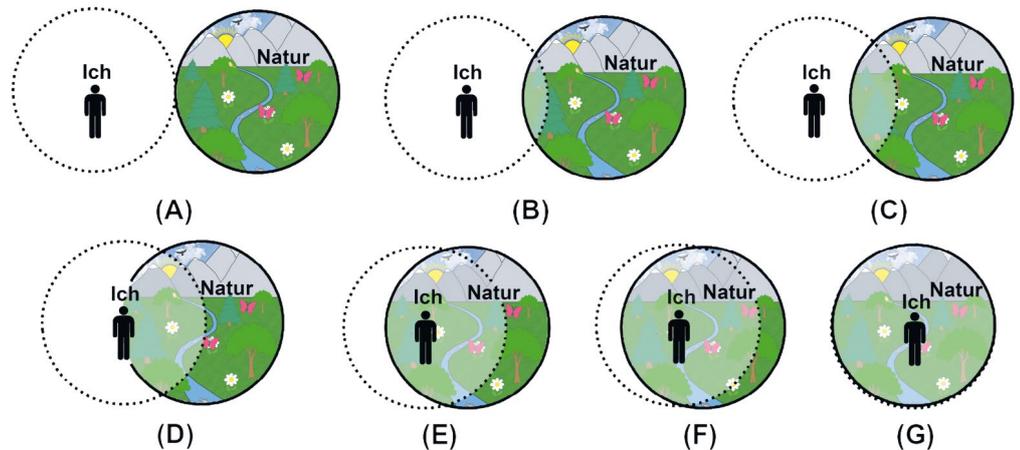


ABB. 1 Illustrierte Inclusion of Nature in Self Scale (IINS) [2].

Grund wurde kürzlich auf der Basis der *Inclusion of Nature in Self Scale* (INS) von Schultz [1] ein grafisch illustriertes Messinstrument vorgestellt, das nur aus einer einzigen Frage besteht und dennoch in der Lage ist, in breiten Bevölkerungsschichten die Naturverbundenheit effektiv und präzise zu messen (Abbildung 1, [2]). Die Probanden müssen hierzu ein Kreispaar auswählen, das am besten ihre eigene Beziehung zur Natur beschreibt. Die passgenaue Zusammensetzung der grafischen Elemente, die Menschen

mit dem Begriff „Natur“ verbinden, wurde durch Voruntersuchungen ermittelt.

Einfluss der in der Natur verbrachten Zeit

Als einer der wichtigsten Einflussfaktoren auf die Naturverbundenheit gilt die Zeit, die eine Person in der Natur verbringt. Dabei ist nicht entscheidend, ob diese Natur menschengemacht (Kulturlandschaft) oder ursprünglich ist. Je mehr Zeit in der Natur verbracht wird, umso stärker ist in der Regel auch die



ABB. 2 Direkter Naturkontakt und Umweltbildungsprogramme sind Möglichkeiten, die Naturverbundenheit zu stärken.

Naturverbundenheit. Dabei kann schon ein Spaziergang in einem Park oder der Besuch in einem Zoo als Naturkontakt gewertet werden. Gerade besondere Erlebnisse in der Natur zeigen hier einen verstärkenden positiven Effekt. So führen intensivere Erlebnisse in der Regel auch zu einer höheren und nachhaltigeren Steigerung der Naturverbundenheit [3]. Neben dem reinen Naturkontakt können auch Umweltbildungsprogramme einen positiven Einfluss auf die persönliche Beziehung zur Natur erzielen (Abbildung 2). Vor allem die Kombination aus Naturkontakt und Umweltbildung ist daher ein vielversprechender Ansatz, um die Naturverbundenheit von Lernenden zu verbessern. Schulen können beispielsweise die Natur in der Nähe des Schulgebäudes nutzen und aktiv in thematisch passende Unterrichtskonzepte einbinden. Schon der Besuch in einem nahegelegenen Waldstück, eines benachbarten

Gewässers, einer Wildblumenwiese oder im Schulgarten können als einige Beispiele dafür genannt werden. Aber auch didaktisch gestaltete außerschulische Lernorte können zu ganz besonderen Naturerfahrungen beitragen. Botanische oder zoologische Gärten bringen Lernende mit Lebewesen aus anderen Regionen in Kontakt und sensibilisieren so für einen globalen Umwelt- und Naturschutz.

Einfluss des Alters auf die Naturverbundenheit

Besonders aufschlussreich ist auch der Zusammenhang zwischen Alter und Naturverbundenheit. Jüngere Schüler/-innen haben in der Regel eine hohe Naturverbundenheit, die im Laufe der Pubertät allerdings stark nachlässt. Zwar erholt sich die Naturverbundenheit nach der Pubertät wieder, erreicht aber im Normalfall nicht mehr das Ausgangsniveau der Kindheit. Ein möglicher Ansatzpunkt, diesem Knick der Naturver-

bundenheit entgegenzuwirken und die anschließende Erholung zu unterstützen, wäre die stärkere Fokussierung von Umweltbildung auf den schwierigen Altersbereich zwischen 13 und 16 Jahren. Wird hierbei neben der Vermittlung von Fachwissen auch das Erleben von Natur gefördert, so kann gezielt ein Beitrag zur Verbesserung der Mensch-Natur-Beziehung und zum Schutz der Umwelt geleistet werden.

Literatur

- [1] P. W. Schultz (2002). In P. Schmuck & P. W. Schultz (Eds.), *Psychology of sustainable development*, S. 61–78. Boston: Kluwer.
- [2] M. W. Kleespies et al. (2021). *Sustainability*, 13(4), 1761, <https://doi.org/10.3390/su13041761>
- [3] T. Braun, P.-W. Dierkes (2017). *Environmental Education Research* 23, 937–949, <https://doi.org/10.1080/13504622.2016.1214866>

*Matthias Kleespies, Paul Dierkes,
Volker Wenzel,
Goethe-Universität Frankfurt*

BUCHBESPRECHUNG

Schnelle Impfstoffentwicklung gegen Covid-19 – Bedeutung der biotechnologischen Plattform-Technologien

Ende 2019 trat in China ein neues Erkältungsvirus auf, das sich als SARS-CoV-2 ab 2020 weltweit ausbreitete und zur Corona-Pandemie führte. Bereits wenige Wochen nach Bekanntwerden des neuen Virus haben Biotechnologen in Großbritannien, Deutschland, Kalifornien, in China und in Russland begonnen, Impfstoffe dagegen zu entwickeln. Während Wissenschaftlerinnen in Oxford auf eine etablierte Adenovirus-Plattform aufbauen konnten, setzte man in Mainz bei BioNTech und bei Moderna in Kalifornien auf die mRNA-Technologie. Dank der bestehenden Technologie-Plattformen konnten schon nach wenigen Monaten Impfstoffkandidaten getestet werden. Ende 2020 lagen dann drei Impfstoffe vor, mit denen bislang über 4 Milliarden Menschen weltweit geimpft wurden.

Anfang Januar 2020 tauchten in China die ersten Meldungen über eine neue Infektionskrankheit auf. Bald wurde klar, dass ihr Auslöser

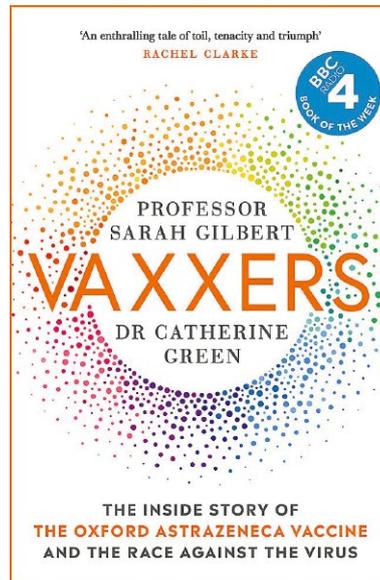
ein neuartiges SARS-Virus (SARS-CoV-2) war, das Covid-19 verursacht. Aufgrund des intensiven globalen Reiseverkehrs verbreitete sich

SARS-CoV-2 in Windeseile über die ganze Welt und ab März 2020 war klar, dass wir es mit einer gefährlichen Corona-Pandemie zu tun hatten. Bis heute sind über 450 Millionen Menschen an Covid-19 erkrankt und über 6 Millionen verstorben (zum Vergleich: im Durchschnitt sterben jährlich ca. 60 Millionen Menschen). Es folgte bekanntlich ein weltweiter Lockdown, der bis heute alle Länder im Griff hält und zu erheblichen Beeinträchtigungen führt. Da es nur wenige wirksame Therapeutika gegen Covid-19 gibt, können uns langfristig nur Impfstoffe vor SARS-CoV-2 schützen. Da die Entwicklung eines neuen Impfstoffs normalerweise mindestens fünf und mehr Jahre dauert, waren viele von uns skeptisch, als schon im Frühjahr 2020 in den Medien die Meldungen auftauchten, dass neue Impfstoffe gegen SARS-CoV-2 in der Entwicklung und vielleicht schon 2021 verfügbar wären.

Zum Zeitpunkt des Schreibens dieser Rezension (März 2022) sind diese Vorhersagen nicht nur eingetreten, sondern übertroffen worden. Aktuell wurden in Deutschland schon über 75 Prozent der Erwachsenen vollständig gegen SARS-CoV-2 geimpft, weltweit liegt die Impfquote bei 57 Prozent. Hauptsächlich wurden zwei Typen von Impfstoffen entwickelt: Vektorimpfstoffe (AstraZeneca, Johnson & Johnson, Sputnik) und neuartige mRNA-Impfstoffe (BioNTech, Moderna). 2022 kam auch noch ein Peptidimpfstoff hinzu und viele weitere sind in der Entwicklung. Diese Impfstoffe wurden in einer Rekordzeit entwickelt, und bereits Ende 2020 lagen Zulassungen für BioNTech/Pfizer, Moderna und AstraZeneca vor. Dies ist ein beachtlicher Erfolg der Wissenschaft, insbesondere der Biotechnologie. Wie war diese schnelle Entwicklung möglich?

Vaxxers: Vektorimpfstoffe

Von den Entwicklerinnen des Oxford-AstraZeneca-Impfstoffs, Sarah Gilbert und Catherine Green liegt nun ein informatives und gut zu lesendes Buch vor: „Vaxxers“. Sarah Gilbert ist Professorin für Vakzinologie an der Oxford University; ihr Forschungsgebiet ist die Entwicklung neuer Impfstoffe, z. B. gegen Influenza, Ebola und MERS. An der *Oxford University* gibt es ein biotechnologisches Produktionslabor (*Clinical Biomanufacturing Facility*), das von Catherine Green geleitet wird und in dem es möglich ist, Impfstoffe unter GLP-Bedingungen für erste klinische Studien herzustellen. Sarah Gilbert hatte schon im Januar 2020 die Brisanz von Corona erkannt, sofort Pläne gemacht, einen Impfstoff zu entwickeln und Kollegen für die notwendige Zusammenarbeit aktiviert. Dazu musste sie aber nicht bei Null anfangen: Ihr Labor hatte eine Plattform-Technologie entwickelt, nämlich ein replikationsdefizientes, rekombinantes Adenovirus, das schon für die Entwicklung anderer Impfstoffe erfolgreich eingesetzt wurde.



Vaxxers.

The inside story of the Oxford AstraZeneca vaccine and the race against the virus. S. Gilbert und C. Green, Hodder & Stoughton, London, 2021, 352 S., 15,39 €, ISBN 9781529369854.

Das Genom dieses Adenovirus (ChAdOx1), das ursprünglich aus Schimpansen stammt, umfasst 28.000 Basenpaare. Damit sich dieses Virus nicht im Menschen vermehren kann, wurde das E1-Gen eliminiert, das für die virale Replikation verantwortlich ist. Anstelle des E1-Gens kann aber ein virales Gen eingeschleust werden, das für Proteine auf der Virushülle von SARS-CoV-2 kodiert. Rekombinante Adenoviren können in Zellkulturen leicht vermehrt werden. Sarah Gilbert und Kolleginnen erhielten schon im Januar 2020 Information über das Genom von SARS-CoV-2. Die Bioinformatiker konnten das Gen für ein Oberflächenprotein, das wir heute als Spike-Protein kennen, ermitteln. Dieses Spike-Protein wird vom SARS-Virus benötigt, um an ACE-Rezeptoren von menschlichen Wirtszellen anzudocken und in die Zellen einzudringen. Alle Impfstoffentwickler haben Impfstoffe gegen dieses Antigen entwickelt, so auch die Gruppe von S. Gilbert.

Im nächsten Schritt haben Bioinformatiker diese virale DNA-Sequenz verändert, um die Codons für die humane Translationsmaschinerie zu optimieren. Zusätzlich haben sie einen kurzen Genabschnitt von 96 Basenpaaren vom für den gewebespezifischen Plasminogenaktivator kodierenden TPA-Gen eingebaut, um die Immunogenität des Antigens zu erhöhen. Dieses Konstrukt wurde dann an eine Servicefirma übermittelt, die daraus einige hundert Mikrogramm DNA synthetisch herstellte. Diese DNA wurde in kurzer Zeit geliefert und konnte umgehend in das Adenovirus-Genom kloniert werden. Mit diesem rekombinanten Adenovirus-Genom (ChAdOx1 nCoV-19) wurden nun humane HEK293-Zellen transfiziert. Da diese Zellen zusätzlich das E1-Gen enthalten, können in ihnen die rekombinanten Adenoviren, denen das E1-Gen fehlt, erfolgreich vermehrt werden. Das Labor stellte viele Zellklone her, um sicherzustellen, dass die Konstrukte das Gen für das Spike-Protein ohne Fehler und im richtigen Leserahmen enthielten. Ein Zellklon wurde als optimal ermittelt und diente als Ausgang für die Entwicklung des AstraZeneca-Impfstoffs. Catherine Green und Mitarbeiter setzten diesen Zellklon ein, um daraus den Impfstoff für erste Phase-I-Studien zu produzieren. Dazu werden die Adenoviren in den Wirtszellen vermehrt und aus ihnen durch Lyse freigesetzt. Durch aufwändige Zentrifugationsverfahren wurden im nächsten Schritt alle Bestandteile der Wirtszellen entfernt. Der DNA-Gehalt der so gereinigten Adenoviren wurde ermittelt und die Viren so portioniert, dass eine Impfdosis etwa 50 Milliarden Viruspartikel enthält. Mit diesen Präparaten wurden alle klinischen Studien (Phase I bis Phase II/III) durchgeführt; auch der weltweit eingesetzte Impfstoff von AstraZeneca wird nach diesem Verfahren hergestellt. Schon im April 2020 wurde den Wissenschaftlerinnen in Oxford klar, dass sie für die weiteren klinischen Studien und

für die eigentliche Impfstoffproduktion einen industriellen Partner benötigten, der über entsprechende Finanzmittel, Knowhow und Produktionsstätten verfügt. Die *Oxford-University* konnte Ende April 2020 den britisch-schwedischen Pharmakonzern AstraZeneca als Partner gewinnen. Da die klinischen Studien die Wirksamkeit des AstraZeneca-Impfstoffs bestätigten, konnte Ende Dezember 2020, also weniger als ein Jahr nach Bekanntwerden der Erkrankung, eine Zulassung erteilt werden. Die Konkurrenten BioNTech und Moderna verfügten ebenfalls über Technologie-Plattformen, mit denen sie ihre mRNA-Impfstoffe noch schneller entwickelten; sie erhielten schon im Dezember 2020 die Zulassung in den USA. In Europa wurden die Impfstoffe im Januar 2021 zugelassen. Dank dieser schnellen Entwicklung, die wir hochmotivierten und erfahrenen Biotechnologen und Biotechnologinnen verdanken, standen ab Januar 2021 Impfstoffe gegen SARS-CoV-2 zur Verfügung, die hoffentlich mit-helfen, diese Pandemie in den Griff zu bekommen.

S. Gilbert und C. Green beschreiben in diesem Buch sehr nachvollziehbar, wie Wissenschaftler ticken, was sie antreibt, wie sie mit Frustrationen umgeben und beharrlich ihre Ziele verfolgen. Das Buch liest sich wie ein Wissenschaftskrimi. Er beschreibt die Schwierigkeiten und Rückschläge im Labor, die Herausforderung, ausreichende Finanzmittel für Forschung und Entwicklung einzuwerben, aber auch die Problematik, wie man privates Leben und Spitzenbelastung erfolgreich meistern kann. Gemein ist diesen Pionierleistungen, dass sie primär nicht von großen Pharmakonzernen stammen, sondern von akademischen Forschern und/oder kleinen Startup-Firmen.

Projekt Lightspeed: mRNA-Impfstoffe

In meiner ersten Besprechung zu den „Vaxxers“ schrieb ich im



Projekt Lightspeed.

Der Weg zum BioNTech-Impfstoff und zu einer Medizin von morgen. J. Miller mit Ö. Türeci und U. Sahin, 2021, 352 S., 22,00 €, Rowohlt, Hamburg, ISBN 978-3-498-00277-0.

August 2021: „Vermutlich erging es den Mitbewerbern von BioNTech, Moderna und Janssen sehr ähnlich – man kann nur hoffen, dass auch diese Wissenschaftler ihre Erfahrungen zu Papier bringen werden.“ Über BioNTech ist inzwischen tatsächlich ein solches Buch erschienen: Der in Frankfurt lebende Journalist Joe Miller von der *Financial Times* hat 2021 mit dem Buch „The Vaccine“ (in der deutschen Übersetzung „Projekt Lightspeed“) die Entstehungsgeschichte des mRNA-Impfstoffs der Firma BioNTech aus Mainz aufgeschrieben. Es entstand in intensiven Diskussionen mit dem türkischen Wissenschaftler-Ehepaar und BioNTech-Gründern Prof. Dr. Ugur Şahin und Dr. Özlem Türeci. Beide Wissenschaftler sind Mediziner, die sich auf einer Onkologie-Station in Homburg kennengelernt und 2008 gemeinsam die Biotechnologie-Firma BioNTech aufgebaut haben. Ziel von BioNTech ist die Verwendung der mRNA-Technologie, um Impfstoffe gegen Krebserkrankungen herzustellen. Als die Informationen über

SARS-CoV-2 bekannt wurden, verfügten Ugur Şahin und Özlem Türeci bereits über eine Technologie-Plattform, mit der sie mRNA für ein beliebiges Antigen, wie z. B. das Spike-Protein herstellen konnten. Da mRNA ein instabiles Molekül ist und im Körper sofort abgebaut würde, muss die mRNA durch Lipid-Nanopartikel eingekapselt und geschützt werden. Auch eine effiziente Nanopartikel-Technologie war bei BioNTech etabliert. Der Impfstoff wird in die Oberarmmuskulatur gespritzt. Dort werden die Nanopartikel von Antigen-präsentierenden Zellen (APZ) aufgenommen. Die mRNA wird in diesen Zellen translatiert. Das entstehende Antigen (also das Spike-Protein) wird auf der Oberfläche der APZ präsentiert, das von T-Zellen erkannt wird und letztlich zur Produktion spezifischer neutralisierender Antikörper gegen das Spike-Protein in B-Zellen führt.

Als Ugur Şahin die Bedeutung der Corona-Pandemie Anfang 2020 begriff, sah er sofort die Chance für BioNTech, einen mRNA-Impfstoff gegen SARS-CoV-2 zu entwickeln. Es gelang ihm in kurzer Zeit, nicht nur seine Mitarbeiter, sondern auch das Vorstandsteam und den Aufsichtsrat von BioNTech von der Chance zu überzeugen. Ausgehend von der publizierten Nucleotidsequenz von SARS-CoV-2 entwickelten die BioNTech-Wissenschaftler 20 unterschiedlich optimierte mRNA-Varianten des Spike-Proteins, die sie in Zellkulturen und Tiermodellen auf Wirksamkeit und Toxizität prüften. Unter diesen Kandidaten war auch BNT162b2, der fast aus dem Rennen gefallen wäre. Aus BNT162b2 wurde Comirnaty, ein Impfstoff, mit dem bislang viele hundert Millionen Menschen geimpft wurden. Zur Herstellung der mRNA wird die korrespondierende DNA zunächst in *E. coli* vermehrt. Sie dient als Matrize zur in vitro-Transkription der mRNA.

Ähnlich wie den Kolleginnen in Oxford wurde auch den Mainzern schnell klar, dass sie einen operativen Pharmapartner benötigen würden,

um die klinischen Studien erfolgreich durchzuführen. Sie fanden ihn im Pharmariesen Pfizer, der eine große klinische Studie mit über 44000 Probanden mit Comirnaty auf den Weg brachte. Am 08.11.2020 konnten die Ergebnisse der Phase-II/III-Studie bekanntgegeben werden: Der BioNTech-Impfstoff kann eine Covid-19-Erkrankung zu über 95 Prozent reduzieren. Seit Dezember 2020 ist der BioNTech-Impfstoff erfolgreich im Einsatz und wird es wohl noch länger bleiben.

Es ist jedoch abzusehen, dass es eine Weiterentwicklung der Impfstoffe geben wird, um die inzwischen bekannten Virusmutanten besser angreifen zu können. Schon heute werden eine und weitere Booster-Impfungen drei bis sechs Monate nach der Zweitimpfung empfohlen, da die Menge an Antikörpern im Körper von Geimpften kontinuierlich zurückgeht. Vermutlich wird die Welt mit SARS-CoV-2 leben müssen und sich durch regelmäßige Auffrischungsimpfungen

dagegen schützen müssen, ähnlich wie dies bei der Influenza-Grippe der Fall ist.

„Vaxxers“ und „Projekt Lightspeed“ sind auch für den Laien gut zu lesende Wissenschaftskrimis und Lehrstücke für Biologen und Biotechnologen, wie man Grundlagenforschung und Anwendung erfolgreich vereinen kann.

Michael Wink, Heidelberg

AUSSERSCHULISCHE LERNORTE

NESSI^{Plus} – ein Lehr-Lern-Labor mit bioorganischem Inhalt

Das NESSI-Lab – Nürnberg-Erlangen-Schüler- und Schülerinnen-Labor – ist seit 2007 an der Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg ein fester Bestandteil der Lehramtsausbildung [1]. Dieses Lehr-Lern-Labor fördert die frühkindliche naturwissenschaftliche Bildung bei Schüler/-innen, die sich in der ersten bis zur sechsten Jahrgangsstufe befinden. Zudem profitieren die Studierenden insofern, dass sie erste Erfahrungen bei der Anleitung kleiner Gruppen machen können.

Eigene DNA sichtbar machen – das wäre doch der Hit! So dachten auch wir von der Chemiedidaktik und planten einen interdisziplinären Kurs (Bioorganik) für Schüler/-innen der Jahrgangsstufen 10-12 (Oberstufe/Kollegstufe). Dieser startete im Jahr 2019 als NESSI^{Plus}-Lab [2]. Im Rahmen des Kurses, der ca. sechs Stunden umfasst, wird genomische DNA der Teilnehmenden (Extraktion aus der Mundschleimhaut) isoliert, partiell amplifiziert und mittels Gelelektrophorese im elektrischen Feld aufgetrennt und visualisiert.

Im durchgeführten Kurs wird ein PCR-basierter Screen für eine einzelne Alu-Sequenz innerhalb des PV92-Locus im Chromosom 16 durchgeführt. Der Ursprung und die Funktion solcher zufällig wiederholten Sequenzen ist noch nicht bekannt. Der Name Alu kommt von der Erkennungsstelle des Restrik-

tionsenzym Alu I, das in dieser Sequenz gefunden wurde. Dieses spezielle Alu-Intron ist dimorph; das heißt, das Element ist bei einigen Individuen vorhanden, bei anderen nicht. Einige Menschen tragen das Insert (Alu-Sequenz) im PV92-Locus auf einem ihrer Chromosomen 16, andere auf beiden homologen Chromosomen (zwei Allele), und einige besitzen kein Insert. Das Vorhandensein oder Fehlen dieses Inserts kann durch die Polymerase-Kettenreaktion mit anschließender Agarose-Gelelektrophorese nachgewiesen werden. Die verwendeten Primer, eigenständig designt und bei www.Biomers.com hergestellt, amplifizieren durch PCR den PV92-Locus; dieser hat eine Länge von ca. 600 Basenpaaren. Bei einer Insertion des Alu-Elementes (ca. 300bp) in diesem Locus, wird ein 900 Basenpaarfragment vervielfältigt.

Chancen des Lehr-Lern-Labors

Der Kurstag läuft folgendermaßen ab (Abbildung 1): Durch Spülen des Mundes mit physiologischer Kochsalzlösung werden die Zellen extrahiert; 1 ml dieser Lösung wird in ein Mikroreaktionsgefäß überführt und bei maximaler Geschwindigkeit der Zentrifuge zentrifugiert, so dass die Zellen sedimentieren (Abbildungen 1b, c). Der Überstand wird abgegossen und das Zellpellet durch Schnipsen in Lösung gebracht. Durch Inkubation bei unterschiedlichen Temperaturen (56°C, 10 min; 100°C, 5 min) mit zwischenzeitlichem Vortexen werden Gewebelyse und Zellyse gefördert. Die abschließende Zentrifugation (bei 6000 g) sedimentiert alles – mit Ausnahme der genomischen DNA, die sich im Überstand befindet. Von diesem Überstand werden 20 µl zum PCR-Ansatz (Mastermix) pipettiert und der Thermocycler gestartet.

In der sich anschließenden Theoriephase erhalten die Schüler/-innen Hintergrundinformationen zu den durchgeführten Arbeiten im Labor. So erfahren sie, wozu die einzelnen Inkubationsschritte bei unterschiedlichen Temperaturen notwendig sind, lernen anhand der Wiederholung der Replikation die Vorgänge der PCR (Polymerase-Chain-Reaction) sowie das Prinzip der Gelelektrophorese zur Auftrennung von DNA-Fragmenten und das Sichtbarmachen

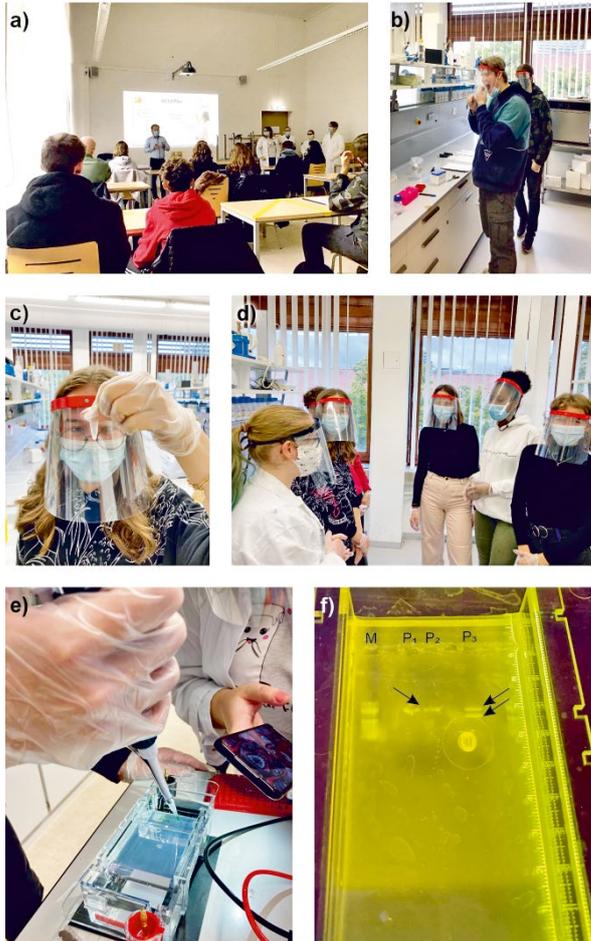


ABB. 1 Darstellung des NESSIPlus-Kurs mit einem Q11-Kurs. **a)** Theorie/Einführung in den Kurs; **b)** Extraktion von Mundschleimhautzellen; **c)** sedimentierte Zellen; **d)** Besprechung der weiteren Vorgehensweise im Kurs; **e)** Beladen eines Agarosegels; **f)** Nachweis der entsprechenden Fragmente (M = Marker, P1, P2 = homozygote Träger (900 bp, Pfeil); P3 = heterozygoter Träger (900 bp, 600 bp, Pfeile).

der DNA mittels interkalierender Farbstoffs kennen.

Anschließend bereiten die Schüler/-innen im Labor die Gelelektrophorese vor. Das gegossene und festgewordene Agarose-Gel wird mit den Produkten der PCR beladen und eine Gleichspannung (100V) angelegt. Das Gel läuft ca. 30 Minu-

ten; die amplifizierte DNA-Fragmente werden durch UV-Strahlung sichtbar gemacht (Abbildung 1f). Die Analyse des Bandenmusters (Banden bei ~900 bp = homozygoter Träger oder bei ~ 600 bp = homozygoter nicht-Träger oder zwei Banden bei ~ 900 bp und ~ 600 bp = heterozygoter Träger) offenbart den entsprechenden Genotyp des Spenders.

Warum dieses Lehr-Lern-Labor in der Chemiedidaktik?

Zur Durchführung der geplanten Experimente wird eine bestimmte Ausstattung an Gerätschaften (Mikropipetten, Zentrifugen, Thermocycler sowie Gelelektrophorese-Apparatur) benötigt, die den finanziellen Rahmen von Schulen sprengen würde. Zudem ist an den Schulen das nötige Knowhow normalerweise nicht vorhanden [3]. Der Besuch eines Lehr-Lern-Labors an einer Universität bietet Schulen hier eine attraktive Alternative.

Bei der Konzeption von NESSIPlus fragten wir uns, ob der Besuch der Schüler/-innen nachhaltig ihre Einstellung zu MINT-Themen und -Berufen sowie das Interesse an MINT-Inhalten verändern kann. Führt eine intensive Beschäftigung mit bioorganischen Inhalten in einem sechsständigen Zeitfenster zu einem vertieften Wissen bei den Teilnehmer/-innen?

Dies versuchen wir mit einem quantitativen Studiendesign (Follow-up-Design; Pre-Test sowie Post-Test, entsprechenden Skalen [4, 5]) herauszufinden. Vor dem Besuch des Lehr-Lern-Labors wird dafür der Wissensstand der Schüler/-innen per Online-Fragebogen abgefragt (Status quo). Am jeweiligen Kurstag führen die Teilnehmer/-innen einen um die Laborarbeiten ergänzten Online-Fragebogen aus, den sie nach einer Zeit von ungefähr zwei Wochen

nochmals bearbeiten. Dadurch lassen sich die zu Beginn adressierten Fragen empirisch darstellen und auswerten (Unipark Software [6]). Die Datensätze (drei Sets pro Teilnehmer/-in) werden in Unipark ausgelesen und mittels des Programms SPSS sortiert und gruppiert; die anschließende Analyse der Skalen „Berufsorientierung, Interesse und Motivation“ ist gerade im Prozess. Erste Ergebnisse deuten auf eine Zunahme an Interesse sowie Motivation durch den Besuch im Schülerlabor hin. Aufgrund der geringen Fragenanzahl im Wissensteil (Grundwissen, Kurswissen) kann dahingehend noch keine Signifikanz festgestellt werden. Nach Abschluss der Vorstudie ist die Hauptstudie bereits gestartet, die Ergebnisse der Auswertung der Vorstudie sind in die Überarbeitung des Evaluationsbogen eingeflossen, und dieser ist entsprechend angepasst worden.

Danksgiving:

Das Projekt wurde von GDCh und FCI finanziell unterstützt. Auswertung der Datensätze durch I. Müller.

Literatur

- [1] A. Kometz, M. Urbanger (2008). Mittelfränkischer Schulanzeiger 76, 2–3.
- [2] D. Müller (2021). 37. Fortbildungs- und Vortragstagung der Fachgruppe Chemieunterricht DiCE meets FGCU: Analog und digital: Chemieunterricht mit Potenzial.
- [3] J. Kreuz, B. Durst (2000). Praxis der Naturwissenschaften Biologie 49, 18–21.
- [4] K. Röllke (2019). Promotionsschrift, Bielefeld, <https://doi.org/10.4119/unibi/2935577>.
- [5] R. M. Ryan, E. L. Deci (2000). Contemp Educ Psychol 25, 54–67.
- [6] B. M. Blanz (2017). Springer Fachmedien Wiesbaden: Wiesbaden. S. 85–122.

Dominik Müller & Sebastian Habig
Chemiedidaktik der
Friedrich-Alexander-Universität
Erlangen,
dominik.d.mueller@fau.de



Können Mikroorganismen unser globales Plastikproblem lösen?

Bakterien als Plastikmüllabfuhr

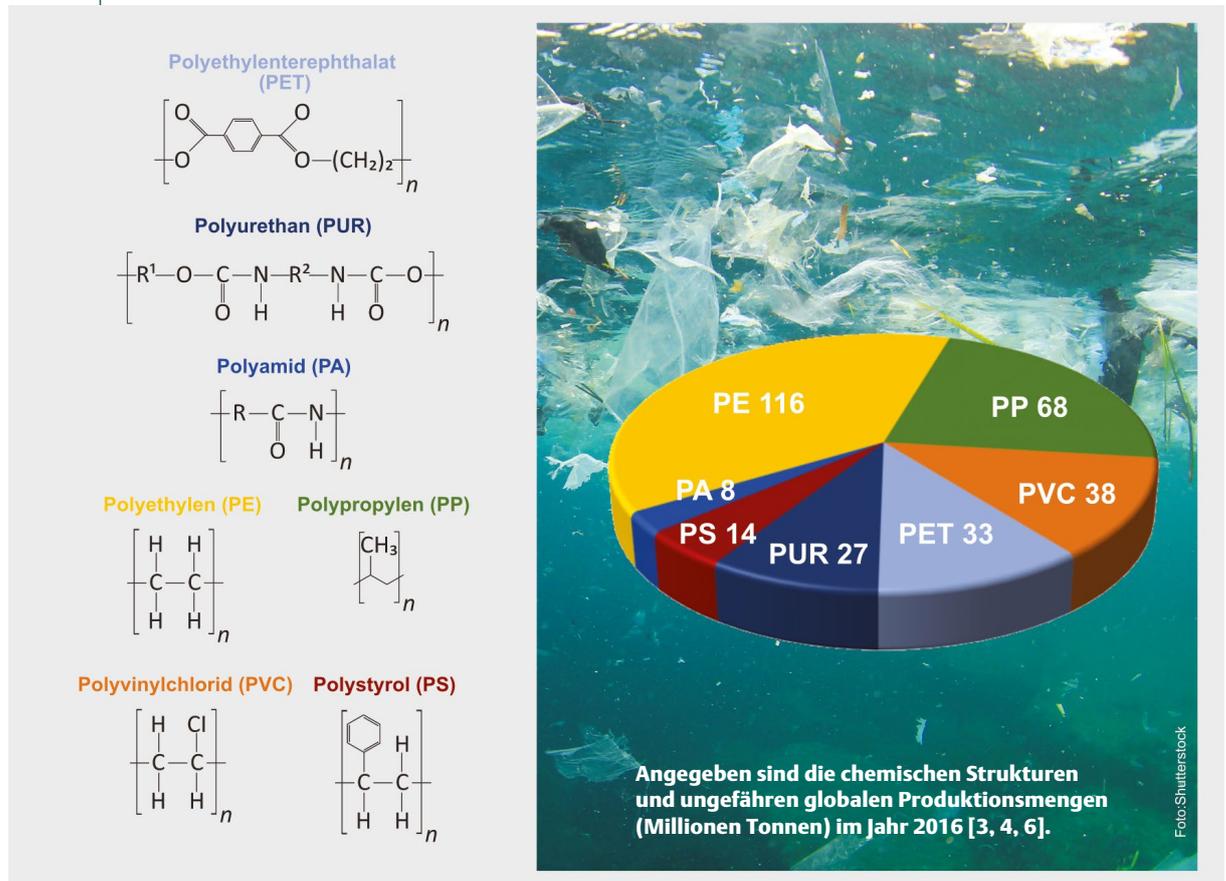
JENNIFER CHOW | LENA PREUSS | MARNO GURSCHKE | WOLFGANG STREIT

Plastikverschmutzung in der Umwelt stellt eine sehr bedeutende globale Herausforderung dar. Mittlerweile ist bekannt, dass es erste Mikroorganismen gibt, die in der Lage sind, einige der bekannten synthetischen Polymere abzubauen. Dazu nutzen sie mehr oder weniger zufällig sezernierte und promiskuitive Enzyme (Esterasen), die Esterbindungen, wie sie im Polyethylenterephthalat (PET) oder Polyurethan (PUR) vorkommen, spalten können. Diese Enzyme und die sie produzierenden Mikroorganismen haben ein großes Potenzial in der Biotechnologie, um ein besseres Recycling von Kunststoffen zu ermöglichen. Die Identifizierung solcher Enzyme macht zugleich Hoffnung, dass in der Natur zumindest einige synthetische Polymere über sehr lange Zeiträume abgebaut werden können.

Bakterien sind in der Lage, nahezu alle chemischen Verbindungen abzubauen. Aber können sie auch die sehr stabilen Kunststoffe zersetzen, die wir täglich verwenden und die mittlerweile die Umwelt in hohem Maße belasten? Ende der 30er Jahre des letzten Jahrhunderts wurden die ersten synthetischen Kunststoffe wie z. B. PET oder Nylon entwickelt und fanden rasch weltweit in vielen Bereichen eine breite Anwendung [1]. Die mittlerweile über 80 Jahre andauernde globale Nutzung von synthetischen Polymeren (Kunststoffen, Plastik) im Millionen-Tonnen-Maßstab und das Fehlen multinationaler Konzepte für Recycling und Kreislaufnutzung haben jedoch zu einer beispiellosen und scheinbar überwiegend irreversiblen Anhäufung von Plastik unterschiedlichster Größe in fast allen ökologischen Nischen geführt [2]. Dies geschieht zum einen dadurch, dass Kunststoffe, wie wir sie derzeit kennen, äußerst stabil und langlebig sind. Durch ihre Vielzahl an positiven Eigenschaften sind sie beispielsweise in der Medizin und Lebensmittelindustrie unverzichtbar geworden. Zum anderen werden sie in riesigen Mengen hergestellt und dies oft nur für eine einmalige Verwendung. Derzeit werden global etwa 360–450 Millionen Tonnen synthetischer Polymere pro Jahr produziert [3, 4].

Da es in den meisten Ländern keine Recyclingkonzepte gibt, landen weltweit mehr als 90 Prozent aller syntheti-

ABB. 1 | DIE WICHTIGSTEN SYNTHETISCHEN POLYMERE



schen Kunststoffe entweder auf Deponien oder sie werden direkt in die Umwelt entsorgt. Entsprechend finden wir heute selbst an den abgelegenen Orten sehr oft Plastikmüll in unterschiedlicher Größe und Form. Dabei entwickeln sich gerade die Weltmeere zu besonders großen Plastikmülldeponien. Denn hier landet besonders viel Plastik in unterschiedlicher Größe und Zusammensetzung [2–5]. Basierend auf diesen Schätzungen ist davon auszugehen, dass mittelfristig gerade kleinere Kunststoffpartikel (sogenanntes Mikroplastik mit einer Größe von <1 mm) in allen Nahrungsketten auftauchen und letztlich auch

Einfluss auf die Gesundheit und Ernährung des Menschen nehmen werden. Darüber hinaus ist ein Einfluss von Mikroplastik auf die globale Biodiversität zu erwarten [5].

Vor diesem Hintergrund – und um dieser globalen Herausforderung zu begegnen – ist es erforderlich, das Design und die Verwendung von Kunststoffen teilweise zu überdenken. Dabei gilt es, Konzepte zu entwickeln, die u. a. einen mikrobiellen Abbau und somit eine bessere zirkuläre Nutzung möglich machen. Hier kommen Bakterien und andere Mikroorganismen mit ihren vielfältigen Abbauebenen als sprichwörtliche Retter in der Not ins Spiel: Bekanntermaßen können Mikroorganismen nahezu alle chemischen Verbindungen und insbesondere sehr stabile natürliche Polymere wie Lignocellulose oder Algenpolymere (Cellulose, Hemicellulose, Alginat oder Agar) abbauen. Entsprechend ist die Frage berechtigt, ob sie auch die täglich genutzten Rohöl-basierten Kunststoffe abbauen können. Diese Frage ist jedoch nicht ganz einfach zu beantworten. Dies liegt zum Teil daran, dass unser Wissen über den mikrobiellen Kunststoffabbau eher spärlich ist, da der mikrobielle und enzymbasierte Kunststoffabbau erst seit wenigen Jahren untersucht wird. Mehrere Übersichtsartikel haben sich mit dem aktuellen Wissensstand zum enzymatischen Abbau beschäftigt [6, 7]. Die wichtigsten Aspekte daraus werden im Folgenden zusammenfasst.

IN KÜRZE

- Die Plastikvermüllung der Umwelt hat unvorstellbare Ausmaße angenommen. Während es für PET erste Abbauege und Enzyme gibt, sind für die meisten anderen **wichtigen Polymere keine Abbauenzyme** bekannt.
- PET wird durch sezernierte Enzyme aus der **Klasse der Esterasen** abgebaut und in seine Grundbausteine zerlegt.
- Diese PET-abbauenden Enzyme und Mikroorganismen, die am Abbau von Polymeren beteiligt sind, stellen eine wichtige Ressource für zukünftige Verfahren des **biotechnologischen Plastik-Re-Upcyclings** dar.

Welche Bindungen synthetischer Polymere müssen Mikroorganismen attackieren?

Zu den wichtigsten synthetischen Polymeren, die derzeit produziert werden und die von hoher ökonomischer Bedeutung sind, gehören: Polyurethane (PUR), Polyethylene (PE), Polyamide (PA), Polyethylenterephthalate (PET), Polystyrole (PS), Polyvinylchloride (PVC), Polymere auf Epoxidbasis (EP), Polypropylene (PP) und Reifengummi. Die wesentlichen synthetischen Polymere und ihre chemischen Bindungen sind in Abbildung 1 zusammen mit den globalen Produktionsmengen dargestellt. Diese Polymere werden mit Ausnahme des Reifengummis auf der Basis von Rohöl hergestellt und sind biologisch kaum oder gar nicht abbaubar. Während bei PET, PA und esterbasiertem PUR enzymatisch hydrolysierbare Esterbindungen vorliegen, können die Bindungen von PE, PS, EP, PP und etherbasiertem PUR wesentlich schwerer geknackt werden. So muss beispielsweise zunächst als möglicher Angriffspunkt eine Sauerstoffverbindung in die stabilen Kohlenstoffketten eingebaut werden, während PVC dechloriniert werden muss, bevor eine Biodegradation erfolgen kann.

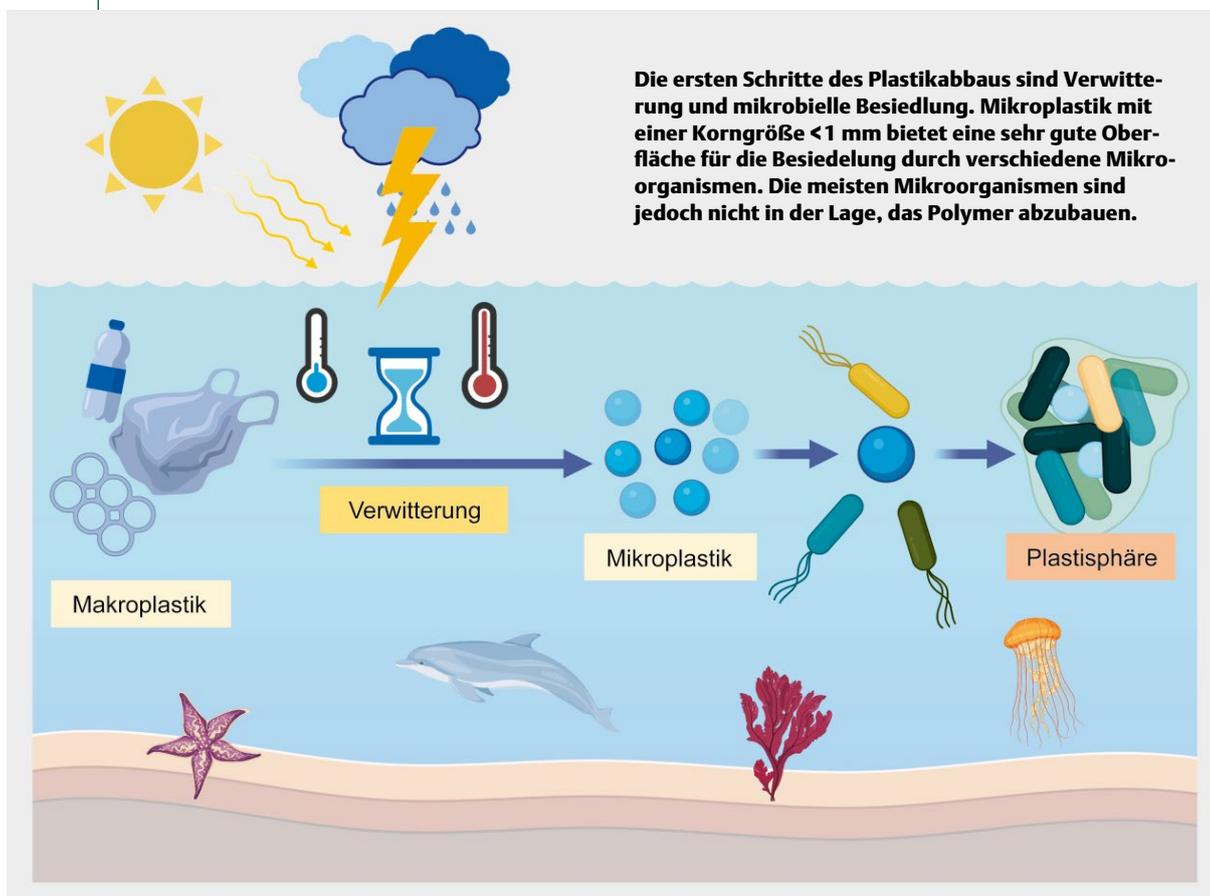
Der Hauptteil des Plastikmülls besteht entweder aus einzelnen der oben genannten synthetischen Polymere oder aus Misch-(Co-)Polymeren. Da letztere kaum sortenrein voneinander getrennt werden können, ist das Recyc-

ling von Mischpolymeren schwierig - eine Problematik, die ohne gesetzliche Vorgaben vermutlich nicht gelöst werden kann. Hinzu kommen variable Anteile an sogenannten Additiven, von denen es eine sehr große Vielzahl gibt, beispielsweise als Farb- und Füllstoffe, Licht- und Flammschutzmittel oder oberflächenaktive Zusatzmittel. Mit manchen Additiven (beispielsweise Weichmachern) können die Polymere flexibler und formbarer oder gar langlebiger gestaltet werden. Additive sind von ganz anderer chemischer Natur als das eigentliche Polymer und machen oft große Gewichtsanteile davon aus. So finden sich bei Reifen bis zu 40 Prozent Additive im eigentlichen Polymer. Meistens sind sie einfacher abbaubar als die eigentlichen Polymere.

Inwiefern trägt die abiotische Verwitterung zum biologischen Abbau bei?

Sobald Polymere in die Umwelt gelangen, beginnt eine erste Verwitterung, die nach langer Zeit (Monate bis Jahre) dazu führt, dass größere Plastikteile in kleinere Fragmente zerfallen (Abbildung 2). Niemand kann mit Sicherheit sagen, über welchen Zeitraum beispielsweise eine PET-Flasche in der Natur erodiert. Vermutlich ist eine grobe Schätzung von mindestens 10 bis zu einigen hundert Jahren ein realistischer Zeitraum. Die initiale Verwit-

ABB. 2 | ABBAU VON PLASTIK



terung kann dabei unterschiedlich vonstattengehen. Im Meer und am Strand wird beispielsweise die mechanische Bewegung der Wellen in Kombination mit Sand dazu führen, dass eine Plastikflasche in wenigen Monaten in kleinste Partikel zermahlen wird, ohne dass ein mikrobieller Abbau stattgefunden hat. Hinzu kommt, dass UV-Strahlung besonders solche Polymere angreift, die aromatische Verbindungen enthalten. Dies trifft gerade auf PET, aber auch auf viele Weichmacher zu. Die mechanische Verwitterung nimmt sicherlich auch Einfluss auf den Grad der Kristallinität der Polymere sowie deren Kettenlänge und letztendlich auch auf die Möglichkeit der Mikroorganismen, sich an die Polymere anzuheften und gegebenenfalls einzelne Fasern zu hydrolysieren. Als Folge der Verwitterung entsteht zunächst Mikroplastik (Durchmesser < 1 mm) und später Nanoplastik (Durchmesser < 1 µm). Durch die vergrößerte Oberfläche können sich Mikroorganismen besser anheften, die Partikel als Lebensraum erschließen und in Form eines Biofilms besiedeln [8].

Was versteht man unter Plastisphäre?

Da man davon ausgehen kann, dass sehr viele Mikroorganismen als komplexe Konsortien und Multispezies-Biofilme Plastikoberflächen besiedeln können, spricht man hier von der sogenannten „Plastisphäre“ [9, 10]. Die Besiedlung hängt mit hoher Wahrscheinlichkeit von den chemischen und physikalischen Eigenschaften des Polymers, den Oberflächeneigenschaften, der Ladung und den vorhandenen Additiven ab und ist keineswegs ein Zeichen für den enzymatischen Abbau der Polymere. Nur ein sehr kleiner Bruchteil der Mikroorganismen aus der Plastisphäre ist in der Lage, die Polymere enzymatisch abzubauen. Stattdessen bieten die Mikro- und Nanopartikel sehr gute Transportmöglichkeiten für Mikroorganismen, die sich auf den Partikeln in der Wassersäule halten und damit durch den Ozean schwimmen können. So gibt es erste Hinweise, dass sich auffällig häufig fisch- und humanpathogene Vibrionen auf den Partikeln ansammeln. Des Weiteren wurden im Rahmen verschiedener Studien mehrere Bakterienfamilien beschrieben, die auf einer Vielzahl von marinen Plastikproben an verschiedenen Standorten nachgewiesen werden konnten, darunter *Nannocystaceae*, *Flavobacteriaceae*, *Planctomycetes*, *Saprospiraceae*, *Erythrobacteraceae*, *Hyphomonadaceae* und *Rhodobacteraceae* [9, 10].

Wie erfolgt der mikrobielle und enzymatische Abbau?

In der Literaturodatenbank PubMed gibt es heute über 2.500 Einträge zu Studien, die zeigen, dass unterschiedliche Polymere mikrobiell abgebaut werden können. Die große Mehrzahl dieser Arbeiten hat jedoch den Gewichtsverlust als Indikator für mikrobiellen Abbau genutzt. Oft sind es aber die Additive, die abgebaut wurden, und nicht das eigentliche Polymer. Nur sehr wenige Studien haben tatsächlich den Abbau der Polymere gezeigt,

wobei es für die Mehrzahl der synthetischen und hochkristallinen Polymere keine beschriebenen mikrobiellen Abbauwege oder Enzyme gibt. Dazu zählen zum Beispiel PVC, PE, PS, etherbasierte PUR sowie PA. Ebenso gibt es keine mikrobiellen Enzyme, die den Abbau von vielverwendeten Epoxypolymeren ermöglichen. Für die meisten chemischen Bindungen – wie z. B. im PE – ist nicht klar, wie diese enzymatisch gespalten werden. Ob dabei oxidative Prozesse beteiligt sind, die an vielen Stellen im Polymer zufällig Oxygenierungen einführen, ähnlich wie beim Ligninabbau, muss erst noch gezeigt werden. Für Oligomere von PA ist hingegen ein Abbau ebenso beschrieben wie für die Monomere von PS. Recht gut untersucht ist der Abbau von PET; hier konnten bereits beteiligte Mikroorganismen und Enzyme identifiziert werden. Die Enzyme gehören alle zu den Cutinasen [EC (*enzyme category*) 3.1.1.74], Lipasen (EC 3.1.1.3) oder Carboxylesterasen (EC 3.1.1.1) und können nur amorphes und niedrigkristallines PET hydrolysieren. Dies geschieht jeweils vom Ende einer Faser her in einer Art Exospaltung. Die PET-aktiven Enzyme (PETasen) hydrolysieren die Esterbindung am Ende der Polymerkette, um entweder Bis-hydroxyethylterephthalat (BHET), Monohydroxyethylterephthalat (MHET) oder Terephthalsäure (TPA) und Ethylenglykol (EG) herzustellen. MHET kann anschließend durch eine spezifische MHETase gespalten werden, während die TPA-Monomere durch Spaltung der aromatischen Ringstruktur über bekannte Arylabbauwege abgebaut werden.

Erstmals wurde der Abbauweg für PET in dem Bakterium *Ideonella sakaiensis* beschrieben [11]. Mittlerweile ist er auch in anderen Bakterien entdeckt worden. Abbildung 3 fasst die wesentlichen Schritte des enzymatischen Abbaus bis hin zum TPA und EG zusammen. In diesem Zusammenhang ist es erwähnenswert, dass einige Organismen TPA aufnehmen und verstoffwechseln können. Hierzu gehören zum Beispiel *Burkholderia xenovorans* und *Comamonas testosteroni*. Diese Bakterien profitieren vermutlich davon, dass sich ein PET-aktiver Organismus in der Nähe aufhält. Für den TPA-Transport in die Zelle ist ein ABC-Transporter (bestehend aus TpiA, TpiB und TpiC) verantwortlich, dessen Expression unter der Kontrolle eines LysR-Regulators steht (TphR) [12].

Welche Mikroorganismen bauen PET in der Natur ab?

Bis heute sind nur wenige Organismen dafür bekannt, amorphes PET abzubauen zu können. Die meisten Bakterienisolate gehören zum Phylum der Gram-positiven Actinobacteria [13–15]. Dabei stammen die am besten charakterisierten Enzyme aus Mikroorganismen, die den Gattungen *Thermobifida* oder *Thermomonospora* zuzuordnen sind [16]. Auch die aus dem Metagenom eines Komposts gewonnene Cutinase LCC ist ein actinobakterielles Enzym und stellt derzeit eine der aktivsten und am besten charakterisierten PETasen dar [17].

Ein weiteres sehr bekanntes Beispiel ist das Gram-negative Betaproteobakterium *Ideonella sakaiensis* 201-F6. Es kann amorphes PET als Hauptenergie- und Kohlenstoffquelle nutzen. Der Organismus verfügt neben der PETase über ein zweites Enzym, das für den Abbau von Monohydroxyethylterephthalat wichtig ist, die sogenannte MHETase [18]. Daneben wurden eine Reihe anderer PETasen identifiziert, die ebenfalls den Proteobakterien zuzuordnen sind. Hier sind zum Beispiel die PET-aktiven Esterasen aus *Pseudomonas aestusnigri* [19] oder *Vibrio gazogenes* [20] zu nennen. Auch kennt man neuerdings Enzyme, die PET abbauen und aus den Bacteroidetes stammen [21].

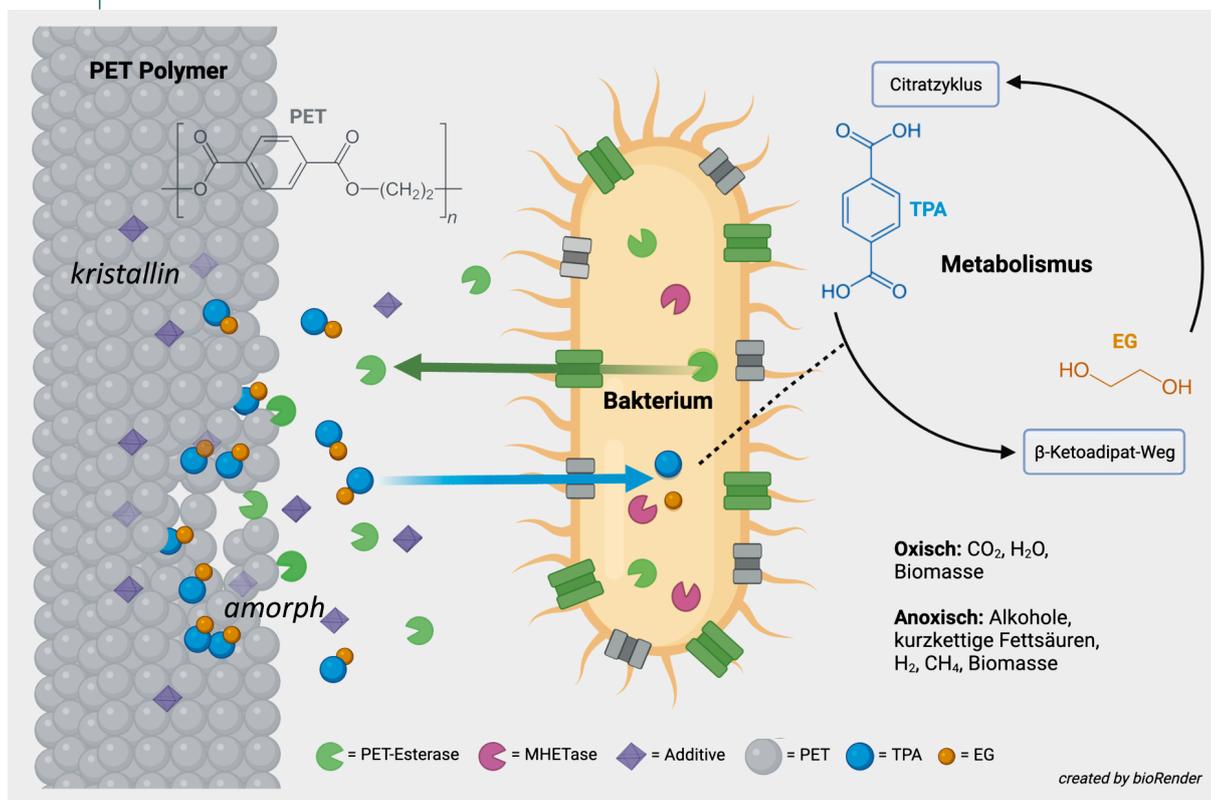
Allerdings fehlen uns bisher Daten, die zeigen, dass diese Enzyme in der Natur aktiv sind und tatsächlich Plastik im Meer oder im Boden abbauen. Da einige dieser Organismen jedoch global vorkommen, ist es durchaus wahrscheinlich, dass sezernierte Enzyme mit geringer Rate PET umsetzen und dabei einen Beitrag zur Reduktion der Plastikverschmutzung leisten. Man muss jedoch davon ausgehen, dass dies sehr langsame Prozesse sind. Abbildung 4 gibt einen Überblick über alle bisher bekannten Mikroorganismen, die PET abbauen können. Daneben gibt es auch Enzyme aus den Eukaryoten *Thermomyces* (*Humicola insolens* und *Fusarium solani*) [22].

Darüber hinaus gibt es mittlerweile einige Publikationen zum möglichen mikrobiellen Abbau von Polymeren durch die Mikrobiota verschiedener Insekten wie zum Beispiel der Wachsmotte (*Galleria melonella*) [23]. Leider fehlen weiterreichende analytische Daten, die tatsächlich zeigen, dass Polymere wie PS oder PE dadurch in signifikanten Mengen abgebaut werden. Wohl kann man davon ausgehen, dass Insekten mit ihren Mundwerkzeugen Polymere mechanisch zerkleinern und damit zur Verwitterung beitragen. So können Eukaryoten in der Lage sein, das Material für ein entsprechendes Mikrobiom vorzubereiten. Zukünftige Studien müssen nun zeigen, ob und in welcher Form Insekten bzw. deren Mikrobiota zum Abbau von synthetischen Polymeren beitragen.

Wie entstehen PET-abbauende Enzyme in der Natur?

Gewisse Enzyme sind im Laufe der Jahre evolviert und haben „gelernt“ PET umsetzen. Prinzipiell ist wohl davon auszugehen, dass es keine Ur-PET-Esterase im engeren Sinne gibt, die ausschließlich PET abbaut. Vielmehr sind Esterasen relativ promiskuitive Enzyme und setzen mehr als ein Substrat um. Es gibt Esterasen und Lipasen, die über 80 verschiedene Substrate angreifen [24]. Bei den PET-abbauenden Enzymen kann man davon ausgehen,

ABB. 3 | MIKROBIELLER ABBAU VON PET



Die Bakterien können nur in amorphen Regionen am Polymer angreifen. Sie sezernieren Exoenzyme, die das Polymer in MHET, BHET, TPA und EG spalten. Diese Verbindungen können von den Zellen aufgenommen und im Stoffwechsel verwendet werden.

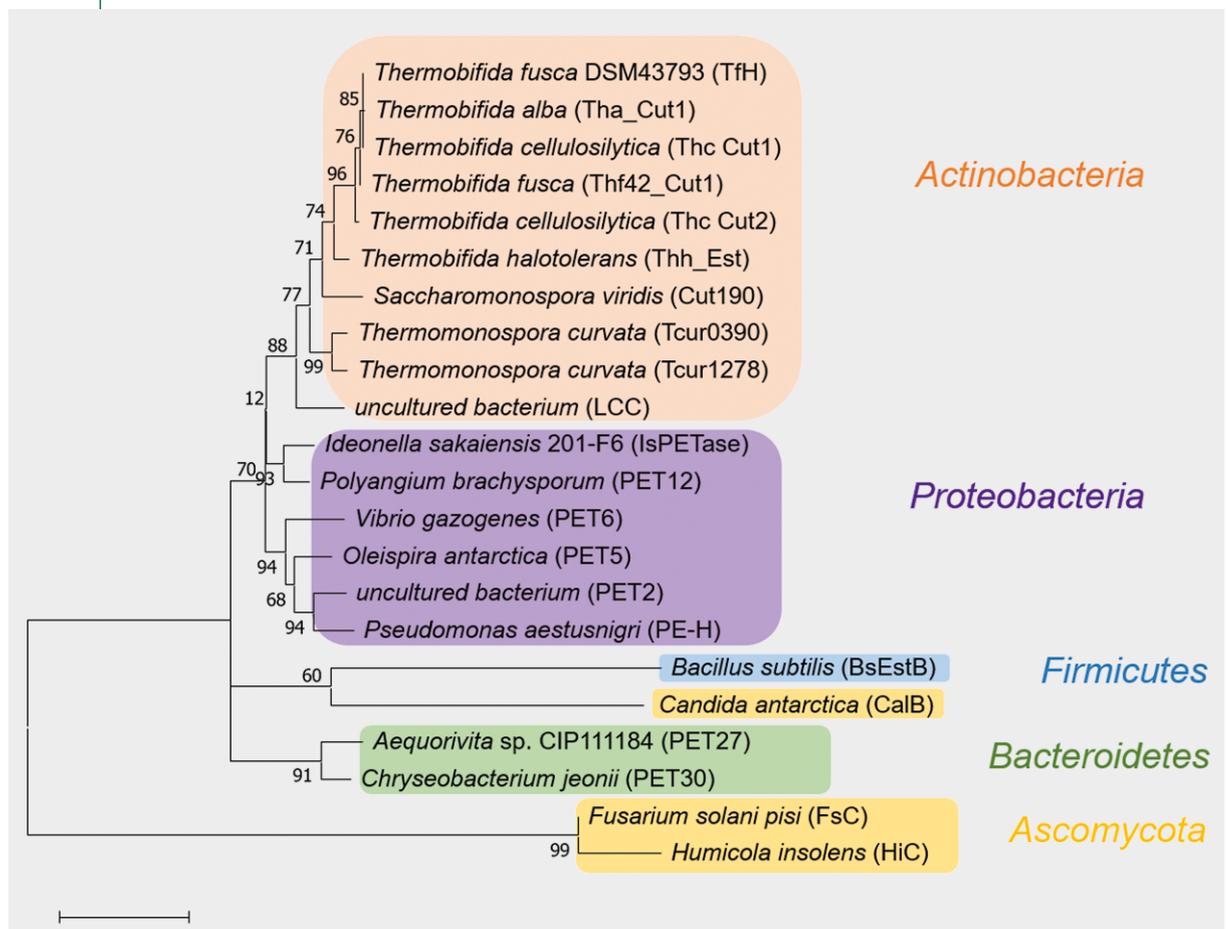
dass es sich um solche promiskuitiven Enzyme handelt, die ohnehin in den Organismen vorkommen und von denen über die Jahre Varianten selektiert wurden, die die vermehrt auftretenden Polymeren effektiver abbauen konnten. Von daher ist es wahrscheinlich, dass unter hohem Selektionsdruck ein Enzym, das PET initial mit geringerer Rate umsetzt, in der Natur über die Jahrzehnte zu einem effektiveren Plastik-abbauenden Enzym evolviert. Wichtig ist dabei, dass diese Enzyme von der Zelle in die Umgebung sezerniert werden und auf diese Weise an das Polymer gelangen. Es ist unwahrscheinlich, dass das Polymer die Sekretion der Enzyme induziert. Vielmehr sollten die heute bekannten PET-aktiven Enzyme entweder konstitutiv in der Zelle hergestellt und sezerniert werden oder andere Abbauprodukte induzieren ihre Biosynthese. Letztendlich können die Spaltprodukte des PET-Polymeren wie Mono- oder Bishydroxyethylterephthalat, Terephthalsäure und Ethylenglykol von Zellen aufgenommen werden. Da eine Bakterienart in der Natur nie allein anzutreffen ist, können auch andere Bakterienarten von den Ab-

bauprodukten profitieren. Dies kann in einem stabilen mikrobiellen Konsortium oder in einem Verbund mit anderen Organismen geschehen, wenn es langfristig zum Beispiel energetisch vorteilhaft ist. Klar ist aber, dass die Polymere nicht intrazellulär, sondern immer extrazellulär hydrolysiert werden müssen, um die Oligo- und Monomere nutzbar zu machen.

Wie läuft die Suche nach neuen plastikabbauenden Enzymen ab?

Für die Suche nach neuen Enzymen bieten sich unterschiedliche sequenz- oder funktionsbasierte Methoden an. Der funktionsbasierte Ansatz beinhaltet klassische Anreicherungs- und Kultivierungsstrategien. Anreicherungen mit Hilfe eines Substrats, das zersetzt werden soll, haben zwar bisher bereits zur Identifizierung einiger sehr effektiver Enzymkandidaten geführt. Sie haben aber den Nachteil, dass sie sehr zeitaufwändig sind. Hinzu kommt, dass man sehr oft Mikroorganismen anreichert, die die Additive und nicht das Polymer abbauen. Zudem wird man mit

ABB. 4 | PHYLOGENETISCHER STAMMBAUM DER PET-ESTERASEN



Zurzeit sind ca. 30 verifizierte Enzyme aus fünf Phyla bekannt. Der Stammbaum wurde auf Grundlage der Aminosäuresequenzen von der Mehrzahl der bekannten PET-Esterasen berechnet [21].

Hilfe klassischer Anreicherungen keinen Zugang zu der großen Mehrheit der nicht kultivierbaren Mikroorganismen bekommen – immerhin 99,8 Prozent aller Mikroorganismen wachsen nicht unter Laborbedingungen [25].

Am besten geeignet für die Suche nach plastikabbauenden Enzymen sind daher moderne Genom- und Metagenom-basierte Technologien, die bioinformatisch auf Sequenzebene angewendet werden. Darunter ist die sogenannte HMM-Motiv-Suche (HMM steht für *Hidden-Markov-Model*) in Metagenomdatensätzen eine der erfolgreichsten Methoden und liefert in relativ kurzer Zeit sehr viele potenzielle Kandidaten. Bei diesem Vorgehen werden die Sequenzen bereits bekannter plastikabbauender Enzyme übereinandergelegt, um konservierte Aminosäuremotive zu identifizieren. Diese Sequenzmotive fließen in das HMM ein, um mögliche homologe Enzymkandidaten aus globalen Proteindatenbanken zu identifizieren [26]. Dies bietet den Vorteil, dass in relativ kurzer Zeit große Datenmengen durchmustert werden können. Gefundene Kandidaten müssen anschließend experimentell verifiziert und strukturell sowie biochemisch charakterisiert werden. Sobald neue Enzyme gefunden wurden, die nachweislich Plastik abbauen können und gute Umsatzraten aufweisen, können diese mit Hilfe evolutiver Verfahren verbessert werden. Sogenannte *Directed-Evolution*-Ansätze sind sehr geeignet, um unter Einbeziehung der strukturellen Information gezielt Mutationen (Aminosäureaustausche) in den für die Katalyse und Substratbindung wichtigen Bereichen des Enzyms einzubringen. Darüber hinaus können Ansätze der synthetischen Biologie genutzt werden, um beispielsweise zusätzliche Substrat- und Polymerbindestellen einzufügen.

Wo liegen die Herausforderungen bei der Suche nach plastikabbauenden Enzymen?

PET ist derzeit das am besten untersuchte Polymer mit mehr als 30 bekannten Enzymen, die es spalten können. Dabei bestehen auch bei diesem Modellsystem noch große Wissenslücken über die molekularen Details des PET-Abbaus. Wir wissen im Grunde nicht, wie die Enzyme an die Fasern binden und wie die Enzyme die Kristallinität des Polymers beeinflussen. Neben den PET-abbauenden Enzymen sind mittlerweile erste Enzyme bekannt, die esterbasierendes PUR abbauen. Auch hier handelt es sich um Esterasen. Relativ gut charakterisierte Enzyme stammen aus Pseudomonaden [27, 28] und Actinobakterien [29]. Besonders dringend benötigen wir Enzyme für den Abbau von etherbasiertem PUR. Ebenfalls gibt es nur wenige Enzyme, die PA-Oligomere (Nylon-Oligomere) abbauen können [30–33]. Hier muss eine Amidbindung gespalten werden, wofür Amidohydrolasen (E.C. 3.1.5.xxx) benötigt werden. Insgesamt sind derzeit für die Mehrzahl der verwendeten Polymere noch gar keine Abbauenzyme bekannt. So fehlen Biokatalysatoren für kristallines PE, PVC, PP, PS, EP, PA und PUR auf Etherbasis [6, 7], die den Großteil aller synthetischen Polymere ausmachen. Daher ist die

Identifizierung neuer mikrobieller Enzyme und Reaktionswege eine wichtige und dringende Aufgabe.

Darüber hinaus ist die Entwicklung biotechnologischer Verfahren zum Abbau von Mischkunststoffen im industriellen Maßstab eine weitere Herausforderung, ebenso wie das Auffinden neuer plastikaktiver Mikroorganismen und die Entschlüsselung wichtiger Pfade beim Abbau von Mikro- und Nanoplastik in der Umwelt. Diese Aufgaben sollten nachdrücklich im Fokus aktueller Forschungsarbeit stehen. Sobald wir den molekularen und strukturellen Mechanismus des Polymerabbaus vollständig verstanden haben, lässt sich das Wissen für industrielle Prozesse im großen Maßstab nutzen. Möglicherweise können wir die Entwicklung und Synthese dieser Polymere so vorantreiben, dass sie biologisch leichter abgebaut werden können. Bereits seit längerem existierende biobasierte und biologisch abbaubare Kunststoffe wie beispielsweise Polyhydroxybuttersäure oder Polymilchsäure konnten sich nämlich bisher in vielen Anwendungsbereichen noch nicht gegen Plastiksarten aus fossilen Rohstoffen durchsetzen.

Welche biotechnologischen Verfahren sind bekannt, die beim PET-Upcycling helfen?

Beim mikrobiellen Abbau von Polymeren werden unterschiedliche biotechnologische Konzepte verfolgt, die letztendlich alle zum Ziel haben, den Lebenszyklus der Polymere (oder ihrer Bausteine) zu verlängern und somit die Nachhaltigkeit zu verbessern. Hierbei ist zu bedenken, dass nahezu die Hälfte aller Kunststoffe ohnehin nur einmal verwendet und dann entsorgt wird. Vor diesem Hintergrund werden derzeit verschiedene Ansätze verfolgt:

1. Enzymatischer Abbau von PET und anderen Plastiksarten in ihre Monomere und Verwertung dieser als Bausteine für neue Wertstoffe. So wurde kürzlich gezeigt, dass PET effizient zu Vanillin umgewandelt werden kann [34]. Besonders lohnend scheint es zu sein, TPA zu nutzen, um höherwertige Chemikalien daraus herzustellen. Marktwirtschaftlich zahlt sich dies jedoch im Moment noch nicht aus.
2. Enzymatisches Recycling und Umbau der einmal verwendeten Polymere, um sie wieder als neue Polymere einzusetzen.
3. Reparatur und Glätten beschädigter Polymerfasern durch Enzyme in der Waschmittel- und Textilindustrie.

Neben den biotechnologischen Prozessen ist auch die Entwicklung von Nachweisverfahren für Mikro- und Nanoplastik mit Hilfe biologischer Verfahren von großer Bedeutung. Dabei könnten Plastikbindeproteine eine wichtige Rolle spielen. Mit Hilfe dieser Ansätze könnte es langfristig gelingen, das globale Plastikvermüllungsproblem durch die konsequente Weiterentwicklung mikrobieller und biotechnologischer Konzepte in den Griff zu bekommen. Während man bei den oben angesprochenen Verfahren von

Upcycling spricht, sind viele der derzeit verfolgten Verwertungskonzepte im Bereich des Downcyclings angesiedelt, denn Recyclate haben meist nicht dieselbe hohe Qualität wie die Ausgangsmaterialien. Die derzeit bereits großtechnisch angewendeten alternativen Verfahren zum Upcycling sind vor allen Dingen das thermische Recycling, also das Verbrennen, um daraus Energie zu gewinnen, sowie die Verwertung als Füllstoff in Beton, Zement und Straßenbelägen. Generell trifft für alle Verfahren mit Ausnahme der thermischen Verwertung zu, dass sie zu einer Verlängerung der Lebensdauer der Polymere beitragen. Dies ist prinzipiell im Sinne der Nachhaltigkeit von Vorteil. Ob alle Verfahren jedoch nachhaltig sind, muss mit Hilfe komplexer Ökobilanzierungen ermittelt werden und wird eine der zukünftigen Herausforderungen sein, die wir bewerkstelligen müssen, um synthetische Polymere sinnvoll in einer nachhaltigen Bioökonomie zu nutzen.

Zusammenfassung

Trotz erster Erfolge beim mikrobiellen PET-Abbau gibt es für die meisten Plastiksorten keine bekannten mikrobiellen Abbaupfade. Mikrobieller Abbau von synthetischen Polymeren (Kunststoffen oder Plastik) ist ein wichtiges Forschungsfeld, das sich gerade erst entwickelt. Erste Erfolge zeigen, dass amorphes PET und auf Esterbindungen aufgebautes PUR durch Enzyme (Esterasen und Cutinasen) zumindest unter Laborbedingungen abbaubar sind. Das ist vielversprechend und liefert die Grundlage für erste biotechnologische Re- und Upcycling-Verfahren. Auch gibt es erste Hinweise darauf, dass PET in der Natur durch sezernierte Enzyme über sehr lange Zeiträume abgebaut werden kann. Für die große Mehrzahl (> 85%) der synthetischen und auf Rohöl basierenden Polymere gibt es jedoch zurzeit keine gesicherten Erkenntnisse über mögliche Abbaupfade und daran beteiligte Enzyme. Hier besteht weiterhin sehr großer Forschungsbedarf.

Summary

Bacteria as waste disposal service

Despite initial successes in microbial PET degradation, there are no known microbial degradation pathways for most types of plastic. Microbial degradation of synthetic polymers (synthetics or plastic) is an important research area that is just emerging. Initial successes show that amorphous PET and PUR based on ester bonds can be degraded by enzymes (esterases and cutinases), at least under laboratory conditions. This is promising and provides the basis for the first biotechnological recycling and upcycling processes. There are also first indications that PET can be degraded in nature by secreted enzymes over a very long period of time. Notably, for the vast majority (> 85%) of synthetic and crude oil-based polymers, however, there is still no reliable knowledge of possible degradation pathways and the microbial enzymes involved. Here in particular, there is still a great need for research.

Schlagworte:

Mikrobieller Plastikabbau, Plastikmüll, Enzyme, Mikroplastik, Esterasen, Cutinasen.

Literatur

- [1] American Chemical Society National Historic Chemical Landmarks. Foundations of Polymer Science: Wallace Carothers and the Development of Nylon. <http://www.acs.org/content/acs/en/education/whatschemistry/landmarks/carotherspolymers.html> (abgerufen am 12. Dezember 2021).
- [2] J. R. Jambeck et al. (2015). Plastic waste inputs from land into the ocean. *Science* 347, 768–771.
- [3] PlasticsEurope (2018). *Plastics—The Facts 2018: An Analysis of European Plastics Production, Demand and Waste Data*.
- [4] Mac Arthur Foundation. 2017. *The New Plastics Economy*.
- [5] D. Hu et al. (2019). Microplastics and nanoplastics: would they affect global biodiversity change? *Environmental Science and Pollution Research* 26, 19997–20002.
- [6] D. Danso et al. (2019). Plastics: Microbial Degradation, Environmental and Biotechnological Perspectives. *Appl Environ Microbiol* <https://doi.org/10.1128/AEM.01095-19>
- [7] R. Wei et al. (2017). Microbial enzymes for the recycling of recalcitrant petroleum-based plastics: how far are we? *Microbial biotechnology* 10, 1308–1322.
- [8] H.-C. Flemming et al. (2016). Biofilms: an emergent form of bacterial life. *Nature Reviews Microbiology* 14, 563–575.
- [9] L. A. Amaral-Zettler et al. (2020). Ecology of the plastisphere. *Nature Reviews Microbiology* 18, 139–151.
- [10] I. V. Kirstein et al. (2019). The Plastisphere – Uncovering tightly attached plastic “specific” microorganisms. *PLOS ONE* 14, e0215859.
- [11] I. Taniguchi et al. (2019). Biodegradation of Pet: Current Status and Application Aspects. *ACS Catal* 9, 4089.
- [12] M. Hosaka et al. (2013). Novel tripartite aromatic acid transporter essential for terephthalate uptake in *Comamonas* sp. strain E6. *Applied and environmental microbiology* 79, 6148–6155.
- [13] K. Hegde, V. D. Veeranki (2013). Production optimization and characterization of recombinant cutinases from *Thermobifida fusca* sp. NRRL B-8184. *Appl Biochem Biotechnol* 170, 654–675.
- [14] D. Ribitsch et al. (2017). Small cause, large effect: Structural characterization of cutinases from *Thermobifida cellulositytica*. *Biotechnol Bioeng* 114, 2481–2488.
- [15] E. Herrero Acero et al. (2011). Enzymatic surface hydrolysis of PET: effect of structural diversity on kinetic properties of cutinases from *Thermobifida*. *Macromolecules* 44, 4632–4640.
- [16] R. Wei et al. (2019). Biocatalytic Degradation Efficiency of Post-consumer Polyethylene Terephthalate Packaging Determined by Their Polymer Microstructures. *Advanced science* (Weinheim, Baden-Württemberg, Germany) 6, 1900491–1900491.
- [17] S. Sulaiman et al. (2012). Isolation of a novel cutinase homolog with polyethylene terephthalate-degrading activity from leaf-branch compost by using a metagenomic approach. *Appl Environ Microbiol* 78, 1556–1562.
- [18] S. Yoshida et al. (2016). A bacterium that degrades and assimilates poly(ethylene terephthalate). *Science* 351, 1196–1199.
- [19] A. Bollinger et al. (2018). The biotechnological potential of marine bacteria in the novel lineage of *Pseudomonas pertucinogena*. *Microb Biotechnol*, <https://doi.org/10.1111/1751-7915.13288>
- [20] D. Danso et al. (2018). New Insights into the Function and Global Distribution of Polyethylene Terephthalate (PET)-Degrading Bacteria and Enzymes in Marine and Terrestrial Metagenomes. *Appl Environ Microbiol* 84, <https://doi.org/10.1128/AEM.02773-17>
- [21] H. Zhang et al. (2022). The Bacteroidetes *Aequorivita* sp. and *Kaistella jeonii* Produce Promiscuous Esterases with PET-Hydro-

- lyzing Activity. *Frontiers in Microbiology* 12, <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.803896>
- [22] A. M. Ronkvist et al. (2009). Cutinase-Catalyzed Hydrolysis of Poly(ethylene terephthalate). *Macromolecules* 42:5128–5138.
- [23] P. Bombelli et al. (2017). Polyethylene bio-degradation by caterpillars of the wax moth *Galleria mellonella*. *Current Biology* 27, R292-R293.
- [24] M. Martinez-Martinez et al. (2018). Determinants and Prediction of Esterase Substrate Promiscuity Patterns. *ACS Chem Biol* 13, 225–234.
- [25] W. R. Streit, R. A. Schmitz (2004). Metagenomics – the key to the uncultured microbes. *Curr Opin Microbiol* 7, 492–498.
- [26] P. Pérez-García et al. (2021). Exploring the global metagenome for plastic-degrading enzymes. *Methods Enzymol* 648, 137–157.
- [27] G. T. Howard et al. (2001). Cloning, nucleotide sequencing and characterization of a polyurethanase gene (pueB) from *Pseudomonas chlororaphis*. *International Biodeterioration & Biodegradation* 47, 141–149.
- [28] G. T. Howard et al. (2007). Effect of insertional mutations in the pueA and pueB genes encoding two polyurethanases in *Pseudomonas chlororaphis* contained within a gene cluster. *J Appl Microbiol* 103, 2074–2083.
- [29] J. Schmidt et al. (2017). Degradation of Polyester Polyurethane by Bacterial Polyester Hydrolases. *Polymers (Basel)* 9, 65.
- [30] S. Negoro et al. (2007). Nylon-oligomer Degrading Enzyme/ Substrate Complex: Catalytic Mechanism of 6-Aminohexanoate-dimer Hydrolase. *Journal of Molecular Biology* 370, 142–156.
- [31] K. Yasuhira et al. (2006). Crystallization and X-ray diffraction analysis of 6-aminohexanoate-cyclic-dimer hydrolase from *Arthrobacter* sp. KI72. *Acta Crystallogr Sect F Struct Biol Cryst Commun* 62, 1209–1211.
- [32] T. Ohki et al. (2005). Crystallization and X-ray diffraction analysis of 6-aminohexanoate-dimer hydrolase from *Arthrobacter* sp. KI72. *Acta Crystallogr Sect F Struct Biol Cryst Commun* 61, 928–930.
- [33] K. Nagai et al. (2013). Crystallization and X-ray diffraction analysis of nylon hydrolase (NylC) from *Arthrobacter* sp. KI72. *Acta Crystallogr Sect F Struct Biol Cryst Commun* 69, 1151–1154.
- [34] J. C. Sadler, S. Wallace (2021). Microbial synthesis of vanillin from waste poly(ethylene terephthalate). *Green Chemistry* 23:4665–4672.

Verfasst von:



Bild: UHH_Mentz

Dr. Jennifer Chow wurde 1982 geboren und studierte Biologie an der Universität Hamburg. Sie promovierte im Jahr 2012 und leitet seit 2020 eine Nachwuchsgruppe zum Thema mikrobieller Plastikabbau an der Universität Hamburg.



Bild: UHH_Preuß

Lena Preuß, wurde 1995 geboren und studierte Biologie mit dem Schwerpunkt Mikrobiologie an der Universität Hamburg. Sie arbeitet seit 2021 als Doktorandin in der Abteilung Mikrobiologie und Biotechnologie an der Universität Hamburg.



Bild: UHH_Gruscke

Marno Falk Gruscke wurde 1992 geboren und studierte Biologie an den Universitäten Hannover und Hamburg. Er arbeitet seit 2021 als Doktorand in der Abteilung Mikrobiologie und Biotechnologie an der Universität Hamburg.



Bild: UHH_Mentz

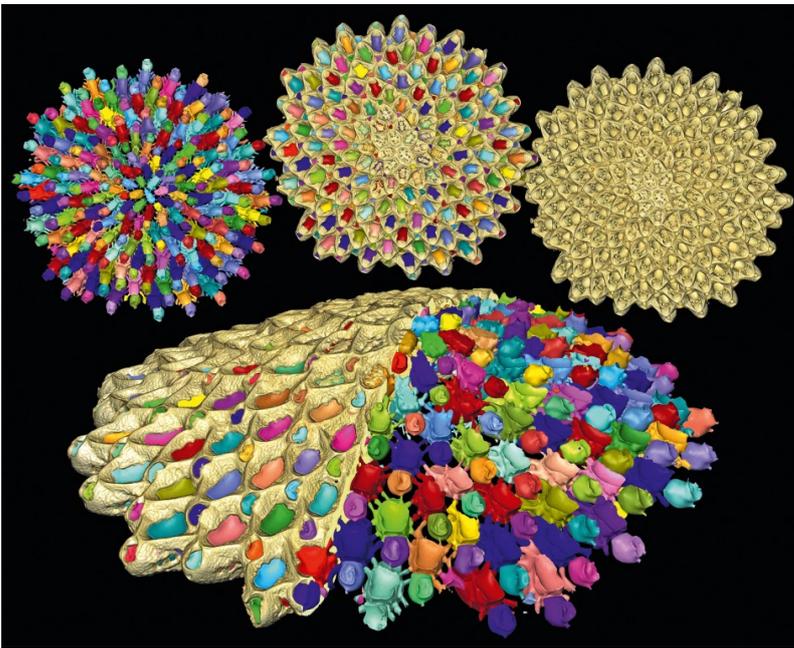
Wolfgang Streit wurde 1964 geboren und studierte 1984–1989 Biologie an der Phillips-Universität in Marburg. Im Anschluss an seine Promotion 1993 führte er mehrere Postdoc-Aufenthalte durch und hat sich im Fach Mikrobiologie an der Universität Göttingen habilitiert. Von 2004–2006 war er an der Universität Duisburg-Essen tätig und leitete dort die Abteilung für Molekulare Ezymtechnologie. Seit 2006 ist er Professor für Mikrobiologie und Biotechnologie an der Universität Hamburg.

Korrespondenz

Prof. Dr. Wolfgang Streit
 Mikrobiologie und Biotechnologie
 FB Biologie der Universität Hamburg
 Ohnhorststr. 18
 22609 Hamburg
 E-Mail: wolfgang.streit@uni-hamburg.de

Mikro-Computertomographie in der Biologie Mit Röntgen in die dritte Dimension

STEPHAN HANDSCHUH | BERNHARD RUTHENSTEINER



Kolonie des marinen Moostierchens *Cupuladria* sp. (Durchmesser ca. 4,6 mm). Kalkskelett metallisch-beige, virtuelle Ausgüsse der inneren Kammern einzelner Individuen (Zooide) verschiedenfarbig.

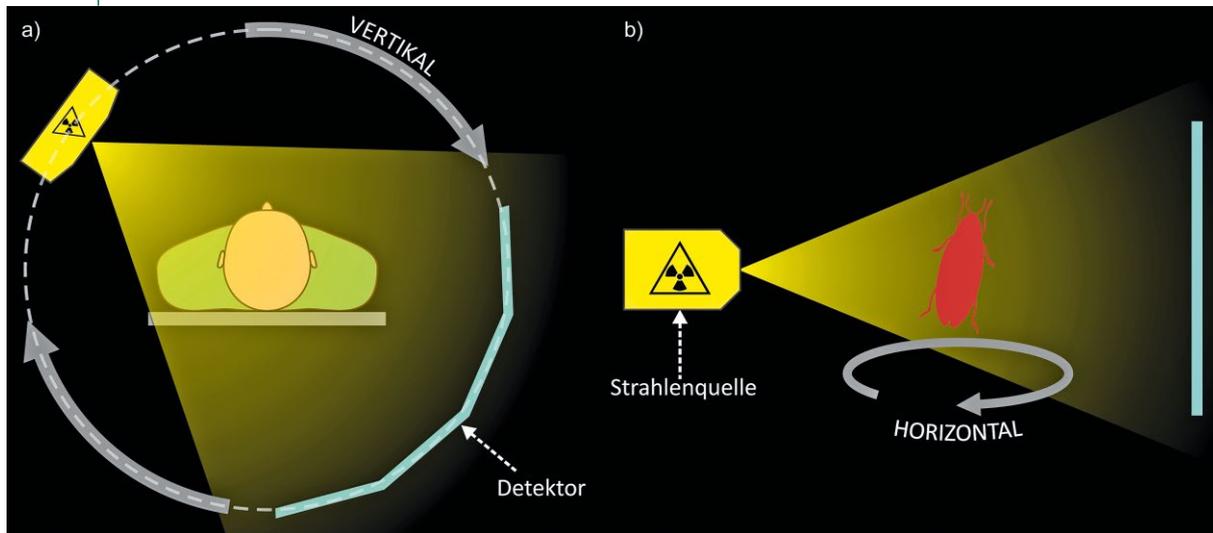
Die Mikro-Computertomographie hat sich in den vergangenen Jahren als Standarduntersuchungsmethode in der Biologie etabliert. Die Vorteile gegenüber althergebrachten Methoden wie Schnitt- oder Schliffserien sind naheliegend: Die Objekte bleiben intakt, die Datengewinnung erfolgt schnell und auf relativ einfachem Weg, und die Ergebnisse lassen sich unmittelbar dreidimensional darstellen und bearbeiten. Wir bieten einen Streifzug durch damit verbundene Themen wie technische Hintergründe, Nutzungsmöglichkeiten und Betrieb von vor allem laborbasierten MikroCT-Anlagen.

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 153 erklärt.

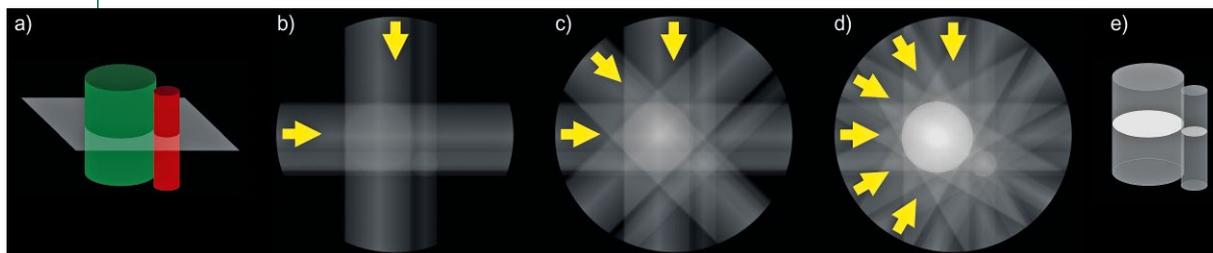
Die Geschichte der Röntgen-Computertomographie (► CT) ist eine wahre Erfolgsgeschichte. In den frühen 1970er Jahren wurde das erste klinische CT-Gerät in Betrieb genommen, wodurch es zum ersten Mal ermöglicht wurde, exakte dreidimensionale anatomische Informationen aus dem Körperinneren zu gewinnen ohne den Körper zu eröffnen. Seitdem ist die CT, gemeinsam mit anderen tomographischen Verfahren wie MRT (Magnet-Resonanz-Tomographie), ein nicht mehr wegzudenkender Bestandteil in der klinischen Diagnostik. Technische Weiterentwicklungen während der 1980er und 1990er Jahre verbesserten die Bildqualität und erlaubten in der Folge die Untersuchung kleinerer Objekte mit höherer ► Auflösung: die Geburtsstunde der mikroskopischen Computertomographie (► MikroCT). Das machte die CT zunehmend für die Materialwissenschaften und die Industrie interessant, wo sie heute allgegenwärtig ist.

Mit etwas Verzögerung, und über den Umweg der industriellen Anwendungen, schaffte die MikroCT auch eine beeindruckende Ausbreitung in der biomedizinischen und biologischen Grundlagenforschung. Bereits in den 1980ern erkannte man das Potenzial der MikroCT für die strukturelle Analyse mineralisierter Gewebe. Ab den späten 1990ern wurden, analog zu klinischen CT-Geräten, MikroCT-Geräte speziell für die präklinische Forschung an lebenden Labortieren wie Mäusen und Ratten entwickelt. Ab den 2000ern wurde die MikroCT auch vermehrt für die dreidimensionale mikroskopische Bildgebung nicht-mineralisierter biologischer Proben und Gewebsbiopsien eingesetzt, einhergehend mit neuen Methoden zur Gewebepreparation. Seitdem nahmen die MikroCT-Anwendungen in den Biowissenschaften stetig zu und sind heute aus den meisten Bereichen nicht mehr wegzudenken.

Dieser Artikel soll einen Eindruck über das technische Grundprinzip der MikroCT, ihre Stärken und Schwächen sowie einen kurzen Überblick über kontemporäre Applikationen und Einsatzbereiche in der biologischen Forschung liefern. Zusätzlich werden aktuelle Gerätekonzepte und praktische Aspekte bei Beschaffung und Betrieb von laborbasierten MikroCT-Geräten, welche heute beinahe flächendeckend an Universitäten und Museen verfügbar und somit für den Großteil der gewonnenen und publizierten MikroCT-Daten verantwortlich sind, aufgezeigt. MikroCT-Anwendungen in Synchrotron-Anlagen (soge-

ABB. 1 | VERGLEICH VON KLINISCHEM CT UND MIKROCT


Während Strahlenquelle und Detektor bei klinischem CT (a) den Patienten vertikal umfahren, dreht sich bei der MikroCT (b) das Objekt horizontal zwischen Strahlenquelle und Detektor.

ABB. 2 | TOMOGRAPHISCHE REKONSTRUKTION


Schematische Darstellung zum Vorgang der Erstellung von 3D-Datensätzen aus einzelnen Projektionsbildern. a) Zwei zylindrische Objekte mit in b–e ausgewählter Ebene. b–d) Zunehmende Abbildungsqualität der Zylinderquerschnitte bei zunehmender Anzahl der Projektionen. e) Visualisierung von Zylindern mit Querschnitten in ausgewählter Ebene.

nannte *Synchrotron-Beamlines*), die üblicherweise zwar eingeschränkter zugänglich sind, jedoch qualitativ hochwertigere Bilder liefern und zudem einen besonders hohen Probendurchsatz erlauben, werden ebenfalls in einigen Aspekten gestreift.

Was versteht man unter CT, MikroCT und NanoCT?

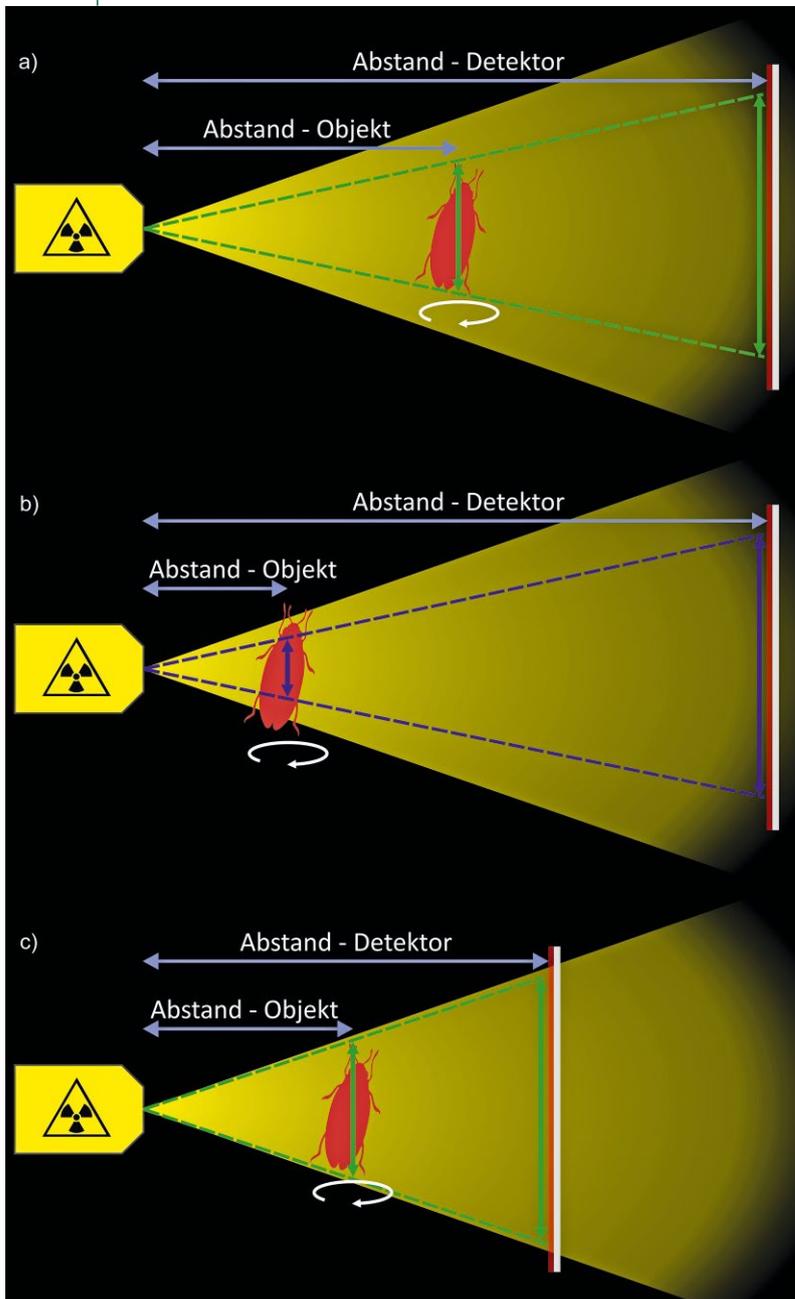
Computertomographie (CT, auch Röntgentomographie, engl. *X-ray tomography*) ist die Untersuchungsmethode, bei der durch Röntgenstrahlung aus verschiedenen Richtungen digitale (virtuelle) Schnittbilder erstellt werden (Abbildungen 1–4). Die mikroskopische Computertomographie (MikroCT, μ CT) umfasst die Labor- oder Synchrotron-basierte nicht-klinische Röntgen-Computertomographie mit hoher Auflösung und einem Sichtfeld zwischen etwa 1 und 400 mm. Dabei wird der Begriff MikroCT sowohl für die *In-vivo*-Bildgebung kleiner Labortiere analog zur klinischen CT als auch für die *Ex-vivo*-Bildgebung biologischer und anderer Präparate verwendet. Die maximal erreichbare Auflösung gängiger MikroCT-Geräte liegt

meist im ein- bis zweistelligen Mikrometerbereich, in manchen Fällen auch knapp unter einem Mikrometer. Manche der speziell hochauflösenden kommerziellen MikroCT-Geräte werden von Herstellern auch als NanoCT (nCT)

IN KÜRZE

- Die MikroCT ist ein nicht-invasives **tomographisches bildgebendes Verfahren**. In der Biologie wird sie zur strukturellen/morphologischen Analyse von kleinen Organismen, Organen und Gewebe eingesetzt.
- MikroCT ist besonders **gut geeignet für mineralisierte Gewebe** wie Knochen, Zähne oder Skelette von Wirbellosen wie Weichtieren, Stachelhäutern, Korallen oder Krebstieren.
- **Röntgenkontrastmittel** erlauben eine qualitativ hochwertige Darstellung auch von nicht-mineralisierten Geweben.
- MikroCT-Daten sind dreidimensional und „quantitativ“, dadurch erlauben sie Messungen hinsichtlich **Geometrie, Volumen und Dichte** von Objekten.
- Spezialsoftware für die Verarbeitung von 3D-Bilddaten liefert unzählige Möglichkeiten zur **Visualisierung und Auswertung** von MikroCT-Daten.
- MikroCT kann mit anderen bildgebenden – z. B. licht- und elektronmikroskopischen – Verfahren kombiniert werden (**korrelative multimodale Bildgebung**).
- Anschaffung und Betrieb einer MikroCT-Anlage sind **aufwändig und kostenintensiv**.

ABB. 3 | GEOMETRISCHE VERGRÖßERUNG



Die geometrische Vergrößerung wird durch die Abstände von Objekt und Detektor zur Strahlenquelle eingestellt. Je näher das Objekt und je weiter entfernt der Detektor, desto höher die Vergrößerung. a, c) Gleiche Vergrößerung bei unterschiedlichen Abständen von Objekt und Detektor. b) Detailvergrößerung durch geringeren Objektabstand.

beworben. Diese Bezeichnung ist aber irreführend und sollte Geräten vorbehalten sein, die mit echter Röntgenoptik (wie z. B. Kapillar-Kondensator, Fresnel-Zonenplatte) arbeiten und Auflösungen von ca. 50 nm erreichen können. Diese echten NanoCT-Anwendungen können, ebenso wie klinische CT und *In-vivo*-MikroCT-Anwendungen, im gegenwärtigen Artikel aus Platzgründen nicht berücksichtigt werden.

Technische Grundprinzipien der MikroCT

Der Bildkontrast bei Röntgenaufnahmen beruht auf der Interaktion von Materie und hochenergetischen elektromagnetischen Wellen, den Röntgenstrahlen. Als Strahlenquelle kommt in Laborgeräten eine Mikro- oder Nanofokus-Röntgenröhre zum Einsatz, welche ein polychromatisches Röntgenspektrum erzeugt. Im Gegensatz dazu arbeiten *Synchrotron-Beamlines* entweder mit einem poly- oder monochromatischen Spektrum. Dabei können mit einem polychromatischen Spektrum besonders hohe Photonendichten und dadurch kurze Scanzeiten erreicht werden, während ein monochromatisches Spektrum Bildartefakte reduziert und Vorteile für spektrale Tomographie-Verfahren liefert. Bei der Aufnahme eines Röntgenbilds befindet sich das Untersuchungsobjekt zwischen Strahlenquelle und Röntgendetektor. Die Röntgenstrahlen durchdringen bzw. durchleuchten das Untersuchungsobjekt und werden dabei abgeschwächt (attenuiert). Das Röntgenbild kann somit als partielles Schattenbild bzw. Projektionsbild verstanden werden. Generell attenuieren Elemente mit hoher Ordnungszahl Röntgenstrahlen stärker als Elemente mit niedriger Ordnungszahl. Das hat zur Folge, dass z. B. mineralisierte tierische Gewebe (Knochen, Zähne, Schalen von Weich- oder Krebstieren) einen höheren Röntgenkontrast liefern als nicht-mineralisierte Gewebe. Die Detektion der Röntgenstrahlung erfolgt üblicherweise in zwei Schritten: Zuerst wird die einfallende Röntgenstrahlung durch einen Szintillator in sichtbares Licht konvertiert, welches vom dahinterliegenden Detektor, der im Prinzip ähnlich wie der Sensor einer Digitalkamera beschaffen ist, verarbeitet wird.

Röntgenbilder erlauben es, in dichte und lichteoptisch nicht-transparente Objekte hineinzusehen, liefern jedoch nur limitierte zweidimensionale Informationen eines dreidimensionalen Körpers. Es ist daher nicht möglich, im Bild erkannte Strukturen räumlich exakt zu lokalisieren. Zu diesem Zweck ist es nötig, mehrere Röntgenbilder aus unterschiedlichen Blickwinkeln zu generieren. Bei klinischen Geräten und *In-vivo*-MikroCT-Geräten werden hierfür die Strahlenquelle und der Detektor rund um den Patienten gedreht, während bei *Ex-vivo*-MikroCT-Geräten nur die untersuchte Probe mittels eines Drehtisches gedreht wird (Abbildung 1). Bei allen CT-Verfahren, wie auch bei MikroCT, werden üblicherweise einige hundert bis einige tausend Röntgenbilder in kleinen Winkelschritten generiert, und aus diesen vielen Bildern werden später, mit Hilfe von Computern, virtuelle Schnittbilder errechnet (Abbildung 2). Die Schnittbilder werden also nicht direkt aufgezeichnet, sondern aus den Rohdaten (Projektionsbildern) mit dem Computer errechnet. Üblicherweise werden bei einer einzigen CT-Untersuchung zumindest einige hundert Schnitte generiert (rekonstruiert), die gestapelt ein dreidimensionales Bildvolumen ergeben. CT-Datensätze besitzen zwei grundlegende Vorteile gegenüber dem konventionellen Röntgenbild: Erstens können Strukturen räumlich lokalisiert werden, und ihre

Größe, Dichte und Geometrie kann exakt vermessen werden. Zweitens wird der Bildkontrast durch die rechnerisch aufgehobene Überlagerung einzelner Strukturen deutlich erhöht.

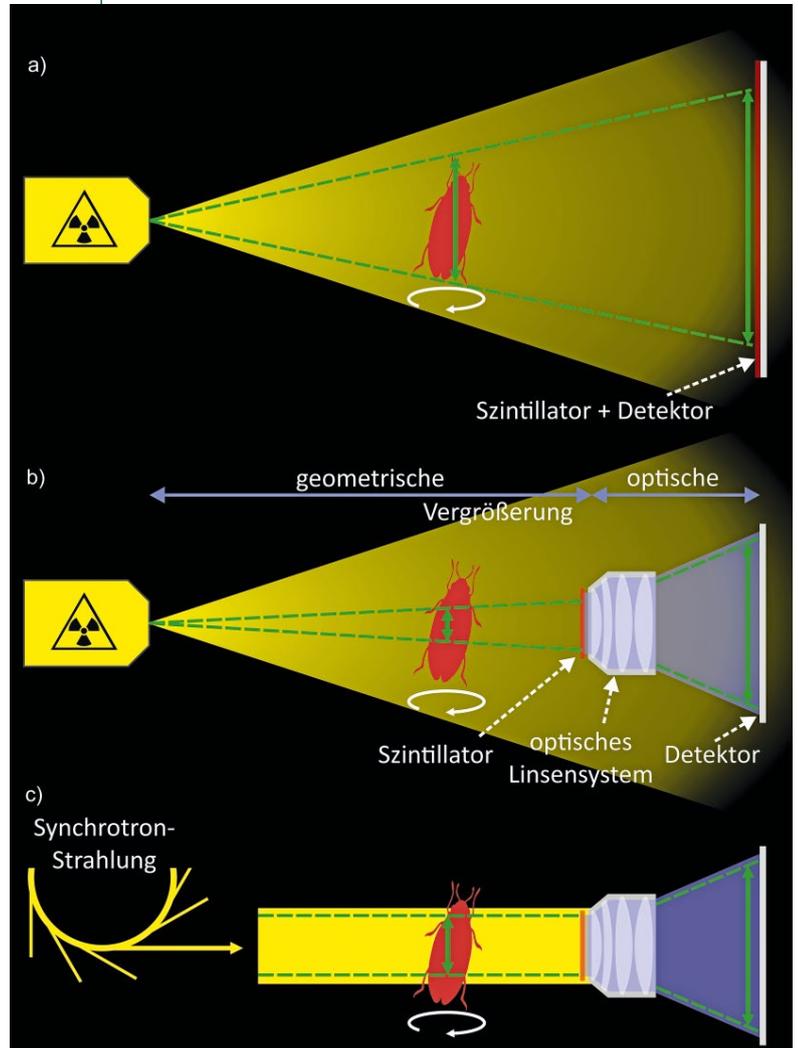
Wie wird das Röntgenbild eines kleinen Objektes vergrößert?

MikroCT-Geräte erlauben die Untersuchung kleiner Proben mit hoher Auflösung; dabei sind die untersuchten Proben häufig um ein Vielfaches kleiner als der verwendete Detektor. Da Mikrofokus-Röntgenröhren einen Kegelstrahl erzeugen, wird das Objekt am Detektor vergrößert abgebildet (Abbildungen 3 und 4a). Durch Veränderung der Position der untersuchten Probe zu Strahlenquelle/Detektor wird die Vergrößerung modifiziert (Abbildung 3). Bei diesem Prinzip der geometrischen Vergrößerung wird das Objekt kleiner abgebildet, wenn es nahe an den Detektor gebracht, und größer, wenn es nahe an die Röntgenröhre gebracht wird. Dieser einfache Bautyp von MikroCT-Geräten ermöglicht die Untersuchung eines breiten Probenspektrums, hat jedoch technische Limitierungen hinsichtlich erreichbarer Vergrößerung und Auflösung. Diese können mit einer zweistufigen Vergrößerung umgangen werden. Dabei wird das Bild zuerst geometrisch mittels Kegelstrahl vergrößert und, nach der Konvertierung der Röntgenstrahlung in sichtbares Licht durch einen Szintillator, mit lichtoptischen Objektiven nachvergrößert (Abbildung 4b). Bei *Synchrotron-Beamlines* wird üblicherweise nicht mit Kegelstrahl, sondern mit einer parallelen Strahlengeometrie gearbeitet, wobei eine Vergrößerung ebenfalls durch optische Komponenten erfolgen kann (Abbildung 4c).

Ist MikroCT die am besten geeignete Methode für meine Fragestellung?

Wie bei jedem anderen Verfahren sollte zunächst immer hinterfragt werden, ob diese Methode die bestgeeignete für das jeweilige Untersuchungsvorhaben darstellt, da es meist zahllose alternative Methoden gibt. Kurz zusammengefasst liefern lichtmikroskopische Techniken, die am ehesten für ein ähnliches Probenspektrum in Frage kommen, klare Vorteile hinsichtlich der erreichbaren Auflösung, der spezifischen Markierung von Biomolekülen (z. B. Antikörper für Proteine) und der Beobachtung dynamischer Prozesse in lebendigen Zellen, Geweben und Organismen. Auf der anderen Seite liefert die MikroCT Vorzüge hinsichtlich der geometrischen Qualität der Daten für quantitative Analysen (räumliche Isotropie). Außerdem erlaubt sie es, dichte und mineralisierte Proben zu untersuchen (z. B. keine Entkalkung notwendig im Vergleich zu seriellen Schnitttechniken), benötigt in vielen Fällen keine oder nur minimale Probenpräparation (z. B. kein Aufhellen notwendig im Gegensatz zu Konfokal- oder Lichtscheiben-Mikroskopie) und lässt somit das Untersuchungsobjekt in vielen Fällen vollständig intakt. Daher ist die MikroCT die Methode der Wahl, wenn (i) innen liegende Strukturen (ii)

ABB. 4 | VERGLEICH VERSCHIEDENER MIKROCT-STRAHL- UND VERGRÖßERUNGSKONZEPTE



a) Nur geometrische Vergrößerung mit Szintillator plus Detektor als Funktionseinheit. b) Der Strahl wird, nachdem er durch einen Szintillator in sichtbares Licht umgewandelt wurde, durch ein optisches Linsensystem nachvergrößert. Prinzip bei Zeiss/X-Radia Geräten. c) Synchrotron-Strahlung (parallel, monochromatisch) wird meist ebenfalls mit einem optischen Linsensystem nachvergrößert.

dichter bzw. nicht transparenter Untersuchungsobjekte (iii) geometrisch korrekt (iv) dreidimensional und (v) zerstörungsfrei dargestellt werden sollen. Abbildungen der Außenoberfläche von Objekten sind mit MikroCT auch möglich, erreichen aber normalerweise nicht die Qualität von lichtmikroskopischer Photographie oder Rasterelektronenmikroskopie. Falls aber die 3D-Geometrie der Außenoberfläche von Objekten gefordert ist, kann MikroCT doch die Methode der Wahl sein. Alternativen wären hier 3D-Fotographie-Verfahren wie Photogrammetrie oder auch 3D-Oberflächen-Scanner für größere Objekte. Diese Verfahren liefern zusätzlich noch die Abbildungs- bzw. Farbinformation („Textur“) zur Oberfläche; die Geometrie könnte aber weniger verlässlich als bei MikroCT sein.

Die Minimalgröße von Objekten zur Untersuchung mit konventionellen hochauflösenden MikroCT-Systemen liegt bei ca. 1 mm, wobei Geräte mit zweistufigem Vergrößerungsverfahren für sehr kleine Proben besonders gut geeignet sind. Bei noch kleineren Objekten ist der Informationsgehalt stark limitiert. Nach oben hin gibt nur der Gerätetyp Grenzen vor, wobei ab einer gewissen Größe (> 400 µm Sichtfeld) nicht mehr von MikroCT im eigentlichen Sinn gesprochen werden kann. Objektgröße und Auflösung stehen bedingt durch räumliche Bilderfassungsmöglichkeiten sowie Limitierungen im Datenumfang immer in Abhängigkeit zueinander. Dementsprechend ist die Auflösung bei großen Untersuchungsobjekten deutlich geringer als bei kleinen. Bei der Auflösung von MikroCT-Systemen sollte man keine Wunderdinge erwarten. Eine Auflösung im einstelligen µm-Bereich wird nur mit kleinem Sichtfeld und auch dann nicht mit allen Gerätemodellen erreicht, eine Auflösung von weniger als 1 µm gar nur mit wenigen Modellen (vorrangig aber nicht ausschließlich mit zweistufigem Vergrößerungsverfahren) und auch dann nur bei kontrastreichen Untersuchungsobjekten. Eine häufig beobachtete Diskrepanz aus suggerierter und tatsächlicher Auflösung beruht darauf, dass bei bildgebenden Verfahren zwei sehr unterschiedliche Begriffe für Auflösung in Verwendung sind: die Pixel- bzw. Voxel-Größe und die tatsächliche räumliche bzw. optische Auflösung. Letztere wird durch den geringsten Abstand definiert, bei dem zwei Punkte noch getrennt erkannt werden können. Dieser ist mindestens um den Faktor 2,5 größer als die Pixelgröße. Eine Pixelgröße von z. B. 0,3 µm würde im besten Fall einer optischen (räumlichen) Auflösung von ca. 0,75 µm entsprechen. Dieser Wert nimmt sich im Vergleich zur maximalen Auflösung von anderen mikroskopischen Verfahren als relativ grob aus.

Vor der Bildaufnahme sollte der Anwender bereits Vorkenntnisse über die Beschaffenheit der Probe sowie Vorstellungen vom Ergebnis der MikroCT-Untersuchung haben. Grundlegende Fragen betreffen die Größe der Probe sowie ganz generell, welcher Typ von MikroCT für solch eine Probe am besten geeignet ist. Einige Beispiele gängiger Gerätemodelle in der biomedizinischen Forschung sind in Abbildung 5 dargestellt. Wichtig ist auch die Entscheidung, ob die ganze Probe oder nur ein Teilbereich davon gescannt werden soll. Natürlich kann auch nach einer Übersichtsaufnahme – und den dadurch gewonnenen Erkenntnissen – ein Teilbereich definiert und mit höherer Auflösung gescannt werden (Innentomographie). Weiterhin ist zu beachten, dass die Probe genug inhärenten Röntgenkontrast aufweisen muss, um die Strukturen von Interesse adäquat darzustellen. Beispielsweise liefern nicht-mineralisierte biologische Gewebe einen vergleichsweise geringen Röntgenkontrast und sind in Wasser, Pufferlösungen, Formalin oder Agarose im Röntgenbild nahezu unsichtbar. Deshalb ist es oft notwendig, den Bildkontrast durch Trocknung, Entwässerung

oder mittels Röntgenkontrastmittel zu erhöhen. Für die Erhöhung des Röntgenkontrastes im Gewebe werden Elemente wie z. B. Jod, Barium, Wolfram, Molybdän, Blei und Osmium verwendet. Dabei werden die Präparate üblicherweise für einige Stunden bis Tage in eine Kontrastmittellösung eingelegt, wobei das Kontrastmittel langsam das Gewebe durchdringt und an bestimmte Gewebskomponenten bindet. Ebenfalls zu überlegen ist, ob die Probe im Anschluss noch mit anderen Verfahren untersucht werden soll. Wenn eine Probe in Flüssigkeit gescannt wird, muss sie nicht getrocknet werden und bleibt für weitere Analysen wie z. B. Immunhistochemie oder molekularbiologische Untersuchungen verfügbar.

Wie werden biologische Proben in das MikroCT-Gerät eingebracht?

Bevor eine Probe in das MikroCT-Gerät eingebracht wird, muss sie bewegungsfrei auf einem Probehalter befestigt werden. Dieser Prozess wird als ‚Mounting‘ bezeichnet, und die Vorrichtungen und Probehalter sind dabei so variabel in Größe und Form, wie es die untersuchten Proben sind (Abbildung 6). Der Probehalter wird wiederum auf einer Drehbühne platziert, welche während des Scans eine Drehung von meist 360° um die Vertikalachse vollzieht. Während des MikroCT-Scans, der mehrere Stunden dauern kann, dürfen sich Position und Form einer Probe nicht verändern, ein stabiles *mounting* ist daher entscheidend. Trockene Proben können auf Nadeln befestigt, auf einem Probehalter angeklebt, mit Schaumstoff (z. B. Steckschaum) fixiert oder in einem Plastikröhrchen mit Hilfe von Watte oder Zellstoff stabilisiert werden. Typische biologische Präparate, die an Luft gescannt werden, sind z. B. trockene Knochenpräparate, Fossilien oder Pflanzenteile wie Holz. Außerdem eignen sich ganz generell biologische Präparate, die mittels Kritisch-Punkt-Trocknung getrocknet wurden. Solche Präparate, wie sie auch z. B. für die Rasterelektronenmikroskopie (REM) hergestellt werden, liefern einen besonders hohen Bildkontrast. Beim CT-Scannen von Feuchtpräparaten (nach Konservierung in z. B. Formalin oder Ethanol) an Luft empfiehlt es sich, diese in Plastiktüten oder -gefäßen dicht zu verpacken, um ein Austrocknen und Schrumpfen des Präparates sowie den Austritt von Flüssigkeit und eine dadurch verbundene Kontamination des Gerätes zu verhindern.

Für das Scannen in Flüssigkeit eignen sich die unterschiedlichsten Plastikgefäße, von hitzeversiegelten Pipettenspitzen über Eppendorf-Röhrchen, Zentrifugenröhrchen bis hin zu speziell von Firmen oder durch 3D-Druck angefertigten MikroCT-Probenhaltern oder größeren Labor-Probengefäßen. Proben können z. B. in destilliertem Wasser, Phosphatpuffer (PBS), Ethanol oder Formalin gescannt werden, wobei Alkohole wie Ethanol weniger röntgendicht als wässrige Lösungen wie PBS oder Formalin sind und deshalb im Ergebnis einen höheren Bildkontrast liefern. Die mechanische Stabilisierung der Proben in der Flüssigkeit erfolgt typischerweise mit Zellstoff, Watte oder



ABB. 5 Verschiedene MikroCT-Geräte und deren Innenraum. a) Nanotom m (Phoenix), GE Sensing & Inspection, mit offener Röntgenröhre und einem Flat Panel Detektor. b) MicroXCT-400 (XRadia), Carl Zeiss X-ray Microscopy, mit geschlossener Röntgenröhre und mehreren optischen Detektoren (zweistufige Vergrößerung). c) µCT35, SCANCO Medical AG, ein Tischgerät, ausgestattet mit einem automatischen Probenwechsler für hohen Probendurchsatz.

Schaumstoff. Alternativ können fragile Objekte auch in einem Gel wie Niedertemperatur-Agarose gemountet werden.

Was sind geeignete Aufnahmebedingungen für eine bestimmte Probe?

Die Wahl der Geräteeinstellungen (Scanparameter) richtet sich nach der Beschaffenheit der Probe und der angestrebten Auflösung. Die Spitzenspannung (kVp) ist so zu wählen, dass das zu untersuchende Präparat adäquat durchleuchtet wird. Kleine und wenig röntgendichte Objekte

werden dabei mit vergleichsweise geringen Spitzenspannungen gescannt (z. B. 40 kVp), während größere und sehr röntgendichte Objekte häufig mit Spitzenspannungen zwischen 100 und 150 kVp gescannt werden. Weiterhin kann ein Filter in Form eines dünnen Plättchens vor die Röntgenröhre gebracht werden, um das durch die Röntgenröhre generierte Spektrum einzuengen (zu „härten“). Häufig verwendete Filtermaterialien sind Glas, Aluminium, Kupfer, Zinn und andere Metalle. Die Stromstärke (μA) ist ebenfalls anzupassen: Höhere Stromstärken erzeugen einen höheren Photonenfluss ('Flux'), und dadurch kann

die Belichtungszeit verkürzt werden. Hohe Stromstärken vergrößern jedoch auch im Allgemeinen den Brennfleck und limitieren dadurch die Auflösung, so dass für sehr hohe Auflösungen oft geringere Stromstärken und lange Belichtungszeiten gewählt werden müssen. Die Zahl der Winkelschritte wird üblicherweise an die Detektorgröße

angepasst. Dabei soll die Zahl der Winkelschritte bzw. Projektionen idealerweise in etwa um den Faktor 1,6 mal größer sein als die Pixelzahl der Detektorbreite. Ist der Detektor also 2000 Pixel breit, sollten 3200 Projektionen aufgenommen werden. In der Praxis werden bei geringem Qualitätsverlust oft nur die Hälfte oder ein Drittel der ide-

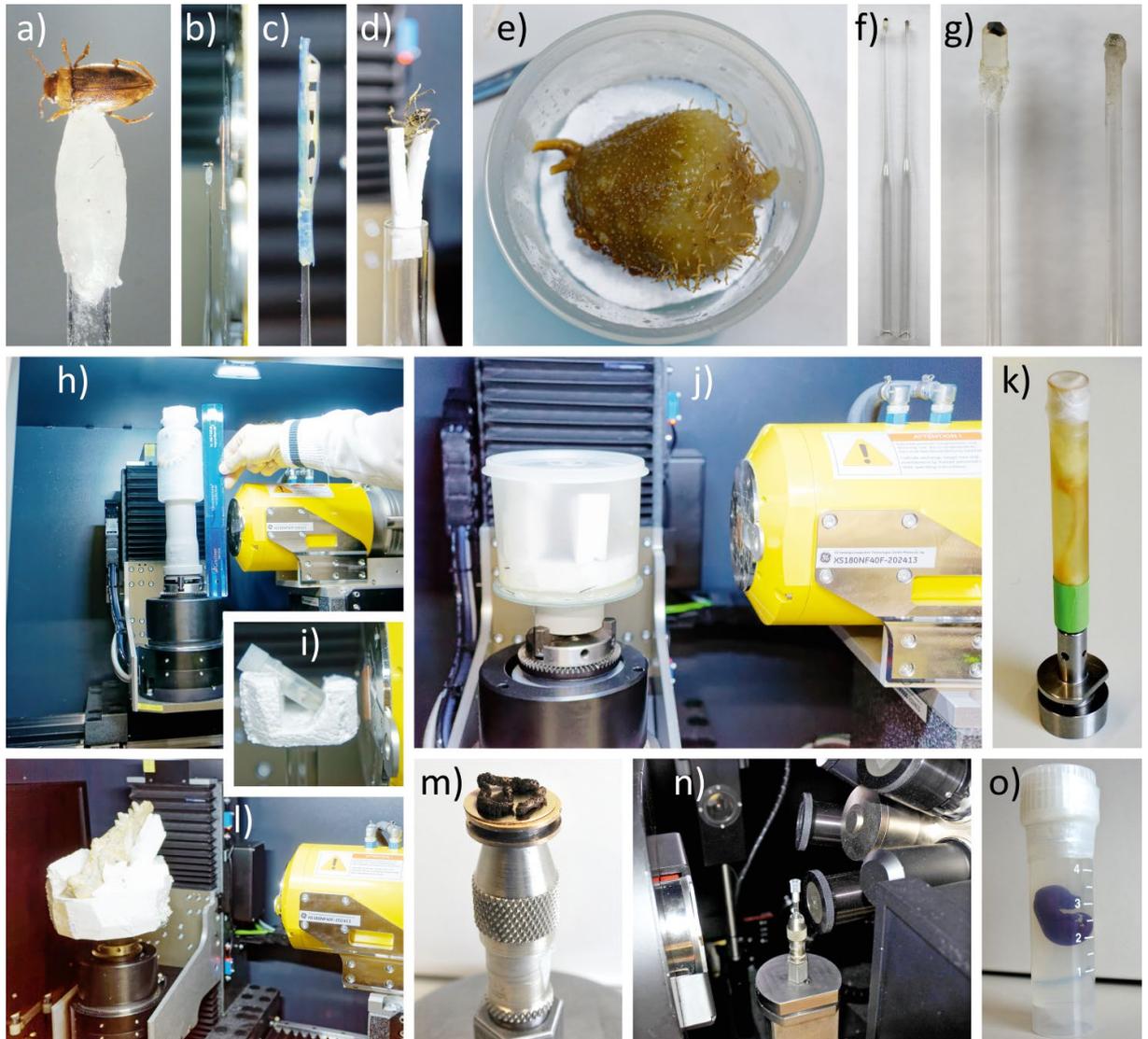
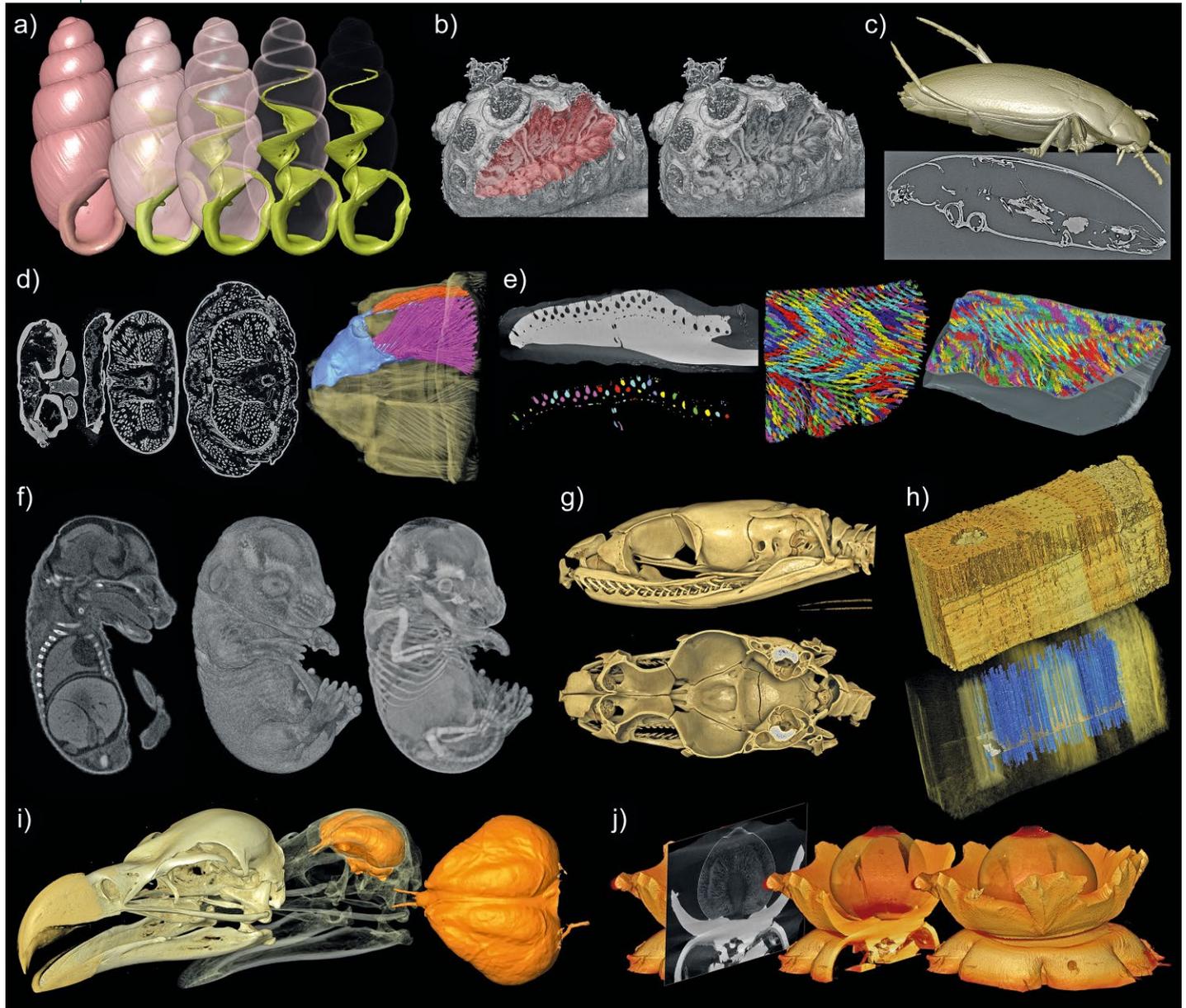


ABB. 6 Möglichkeiten des *mountings* von Objekten unterschiedlicher Größe und Beschaffenheit. a, b) Wasserkäfer (Länge ca. 3 mm) mit Dentalwachs an Spitze von Pasteurpipette befestigt. b) In Scanposition sehr nahe der Röntgenröhre. c) Vier Holzklötzchen (ca. 3 mm Länge) übereinander in adaptiertem Plastikstrohhalm. d) Große Ameise (ca. 1,5 cm Länge) eingeklemmt in gespaltenem Stück Styropor. e, j) Alkohol-konservierte Pflanzenknolle (ca. 13 cm Durchmesser) in Plastikgefäß (Tupperware) stabilisiert mit Styropor. Deckel wird zum Schutz vor Austrocknung verschlossen. f, g) Osmium behandelte und in Epoxidharz für TEM/LM-Schnitte eingebettete Objekte an Spitze von Pasteurpipetten geklebt. TEM = Transelektronenmikroskopie, LM = Lichtmikroskopie. h) Schlange in aneinander gefügten, adaptierten Plastikteilen. Großteil des Körpers in oberem Gefäß, während der Kopf im unteren Rohr (eigentlich Wasserabflussmodul) in Scanposition vor die Röhre gebracht wurde. i) Chamäleon in Alkohol in mit Styropor befestigtem Plastikgefäß (Länge ca. 6 cm). k) Ratten-Tibia (Länge ca. 4 cm) in 70% Ethanol für Knochen-Morphometrie gemountet in Scanco-Probenhalter. l) Massiv fossilisierter Schädel eines Pistosauriers (Länge ca. 18 cm) in angepasstem Styropor. m) Kolonie des Süßwasseramoostierchens *Cristatella mucedo* präpariert für Rasterelektronenmikroskopie (Probe nach Osmium Behandlung und Trocknung mit Gold besputtert). n) Stanze einer Paraffin-eingebetteten Gewebsbiopsie in Pipettenspitze gemountet und auf Zeiss-Probenhalter fixiert. o) Rutheniumrot-kontrastierter Mäusefetus gemountet in 1,5% Niedertemperatur-Agarosegel.

alen Winkelschritte aufgezeichnet, um die Scandauer zu verkürzen, was tendenziell zu Auflösungsverminderung in der Peripherie von Objekten führt. Die Belichtungszeit wird nach unterschiedlichen Kriterien angepasst. Ein idealer Kompromiss zwischen Bildqualität (Signal-Rausch-Verhältnis) und Scandauer (Kosten durch Verschleiß an

z. B. Strahlenquelle oder Detektor) wird oft in einem Vor-experiment evaluiert. Belichtungszeiten liegen normalerweise im Bereich von einer Sekunde bis zu einer Minute pro Projektionsbild. Größere Flachbilddetektoren (*flat-panel detector*) erlauben durchgehend kürzere Belichtungszeit als kleinere CCD/CMOS-Detektoren (siehe auch

ABB. 7 | MIKROCT IN DER BIOLOGIE



Unterschiedliche Visualisierungen (*volume/surface renderings*, virtuelle *endocastings* („Innenausgüsse“), Schnittbilder etc. a) Schale einer kleinen Schnecke (*Carychium* sp., Höhe ca. 1,6 mm), innere Windungsstrukturen hervorgehoben. b) Süßwassermoostierchen (*Cristatella mucedo*, Kolonielänge ca. 1 cm), MikroCT-Darstellung eines Rasterelektronenmikroskopie-Präparates (siehe Abbildung 6m) macht Details aus dem Inneren der Kolonie sichtbar. c) Kleiner Wasserkäfer (*Limbodessus baliem*, Länge ca. 3 mm). d) Kopf der Larve des asiatischen Laubholzbockkäfers (*Anoplophora glabripennis*, Breite ca. 5 mm). Darstellung der rechten Mandibel und deren Muskulatur. e) Teil der Schalenplatte (Gesamtbreite ca. 10 mm) einer Käferschnecke (*Chiton olivaceus*) zur Darstellung der Schalenkanäle. f) Rutheniumrot-kontrastierter Mäusefetus (Länge ca. 2 cm). Durch Erhöhung der Transparenz werden Teile des sich entwickelnden Skeletts sichtbar. g) Schädel einer Schlange (*Pantherophis guttatus*, Schädelhöhe ca. 2 cm). Die virtuelle Sektion des Schädels macht zerstörungsfrei Details aus dem Inneren des Schädels (z. B. Innenohr) sichtbar. h) Holzklötzchen (Länge ca. 4 mm, *Alchornea lojaensis*) mit Hauptgefäßen (blau). i) Schädel (Gesamtlänge ca. 15 cm) des Gänsegeiers (*Gyps fulvus*) mit *endocasting* der Gehirnhöhle. j) Erdstern (*Gastrum fimbriatum*, Durchmesser oben ca. 3 cm).

Glossar unter Röntgendetektor). Oft wird auch, auf Kosten der Bildauflösung, Detektorbinning (Signal mehrerer Detektorpixel zusammengefasst) eingesetzt, um die Belichtungszeit zu verkürzen und/oder das Signal-Rausch-Verhältnis zu verbessern. Generell kann bei der Bildaufnahme eine Vielzahl von Artefakten auftreten. Die Kenntnis ihrer Ursachen und entsprechend ihre Vermeidung bzw. Reduktion ist höchst bedeutsam für gute Ergebnisse (hohe Bildqualität).

MikroCT-Anwendungen in der biologischen Forschung

Abbildung 7 soll einen groben Überblick über das breite Spektrum an Forschungsobjekten liefern, welche mittels MikroCT untersucht werden können. Ein Hauptanwendungsbereich in der biologischen Forschung ist – ähnlich wie in der ursprünglichen Nutzung der CT – die Darstellung von Wirbeltierskeletten. Dies beinhaltet sowohl die quantitative Charakterisierung der Knochenmikroarchitektur von Labortiermodellen in biomedizinischen Knochenstoffwechselstudien (z. B. Osteoporoseforschung) als auch die generelle Analyse von Knochen und Skeletten in der vergleichenden und funktionellen Morphologie. Besonders hervorzuheben sind hier sicherlich Museumspräparate, für die eine zerstörungsfreie Bildgebung in den meisten Fällen unumgänglich ist. In diesen Fällen eröffnet die MikroCT oft ganz neue Forschungszugänge. Generell zeigen sich bei der Untersuchung von Skelettelementen die Vorzüge der MikroCT als quantitatives Verfahren: So können Größe (Länge, Breite, Volumen), Porosität, Form (Geometrische Morphometrie), aber auch die Mineraldichte automatisch oder semi-automatisch erfasst werden. MikroCT-basierte Skelettmodelle sind außerdem häufig der Ausgangspunkt komplexer Analysen und Simulationen. So können z. B. mit Verfahren wie der ► Finite-Elemente-Analyse mechanische Berechnungen zur Kraftverteilung im Knochen angestellt und Dehnungen bzw. Kompressionen im Knochen durch virtuelle Krafteinwirkung simuliert werden. Neben Wirbeltierskeletten werden auch die Skelette und Hartteile vieler anderer Organismengruppen wie z. B. Weichtiere, Stachelhäuter, Korallen, Moostierchen und natürlich auch Arthropoden wie Krebstiere und Insekten mit MikroCT untersucht. Neben der Darstellung mineralisierter Gewebe bietet ein zunehmendes Spektrum von Kontrastierungsverfahren die Möglichkeit zur Untersuchung von Weichgeweben. Diese Kontrastierungsverfahren werden in diversen Tiergruppen vielfältig eingesetzt, wie z. B. zur Visualisierung und/oder Analyse von Muskulatur, Nervensystem und innerer Organe. Für die Entwicklungsbiologie ist die Phänotypisierung kontrastierter Embryonen als wichtige Applikation zu nennen. Auch botanische Objekte wie Fruchtstände, Blätter, Pilzkörper oder Holz eignen sich sehr gut und bieten guten Kontrast. In der Paläontologie hat sich die MikroCT-Bearbeitung von Fossilien ebenfalls zu einer Standardmethode entwickelt. Zur Sichtbarmachung des Fossils sind ausrei-

chende Unterschiede in der Röntgenabsorption zwischen Fossil und umgebenden Gestein erforderlich. Bei großen Objekten im Gesteinsverband kann die Durchstrahlkraft ein limitierender Faktor sein. Im Gegensatz zur Schliffbearbeitung bleibt das Fossil unversehrt im Gestein erhalten. Bei Bernsteininklusen wie z. B. Insekten und Spinnen kann die Bearbeitung durch MikroCT ebenfalls eine Fülle von Informationen liefern.

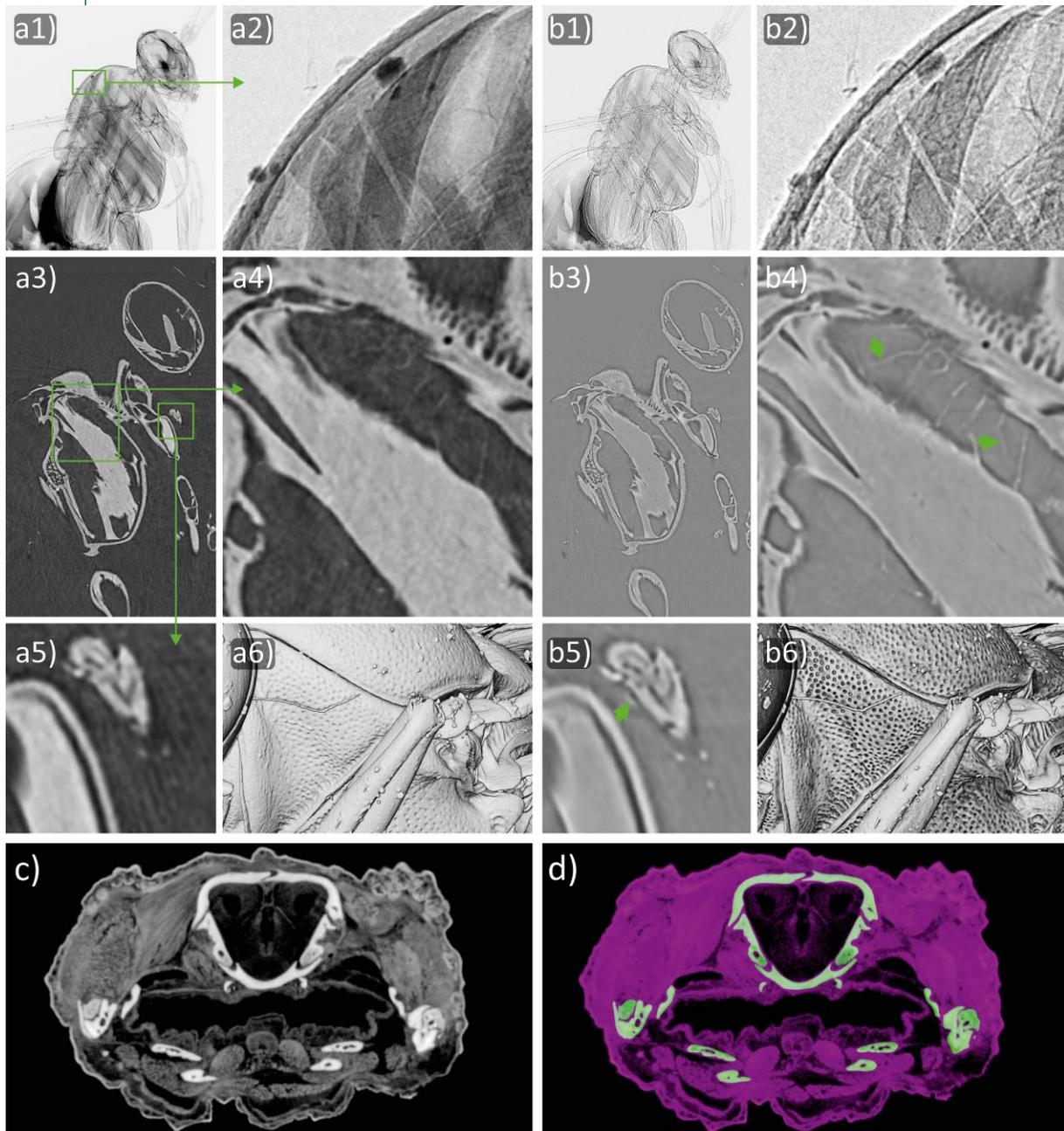
Ein weiteres Anwendungsfeld der MikroCT liegt im Screening von tierischen Biopsien vor einer licht- oder elektronenmikroskopischen Analyse. Sowohl nicht-kontrastierte Proben in Paraffinblöcken als auch Schwermetall-kontrastierte Proben in Kunstharzblöcken liefern üblicherweise genug Kontrast, um Gewebe dreidimensional darzustellen. Durch die mittels MikroCT gewonnene Information kann die Qualität der Präparate evaluiert werden. Weiterhin können Strukturen von Interesse exakt im Block lokalisiert und auch die gewünschte Schnittebene definiert werden, wodurch speziell bei der ultrastrukturellen Analyse viel Zeit gespart werden kann. Ganz generell eignet sich die MikroCT als zerstörungsfreie Technik bestens für die korrelative multimodale Bildgebung in Kombination mit z. B. Licht- und Elektronenmikroskopie. In einigen Studien wurde die MikroCT verbindend zwischen *In-vivo*-Fluoreszenzmikroskopie-Daten und einer *Post-mortem*-Analyse subzellulärer Strukturen eingesetzt.

Darüber hinaus werden aber auch einige Spezialverfahren immer beliebter. Eines dieser Verfahren ist die Phasenkontrasttomographie. Besonders gute Phasenkontrastbilder lassen sich mit einem kohärentem Parallelstrahl am Synchrotron generieren, aber auch in Laborgeräten lässt sich durch Phasenverschiebungen und Wellenpropagation bei langen Detektorabständen ein Phasenkontrast erzielen, wodurch der Bildkontrast bei wenig röntgendichten Präparaten, wie z. B. unkontrastierten Pflanzen oder Insekten, deutlich erhöht werden kann (Abbildung 8a, b). Weiterhin sind spektrale Verfahren wie das Mehrfachenergieverfahren (*dual-energy CT*) zu nennen. Dabei wird eine Probe mit zwei unterschiedlichen Energiespektren gescannt, wodurch farbige Röntgenbilder generiert und dadurch Elemente/Materialien spektral unterschieden werden können (Abbildung 8c, d).

Analyse, Visualisierung und Archivierung von MikroCT-Daten

Zur Analyse und/oder Visualisierung der fertigen CT-Daten (Volumendatensatz) ist fast immer eine weitere Bearbeitung erforderlich. Diese stellt aber in der Praxis häufig eine größere technische Herausforderung als die Erhebung der Daten dar, und der damit verbundene Aufwand wird meist unterschätzt. Im einfachsten Fall werden die Daten mittels *volume rendering* visualisiert (siehe unten). Hierfür reichen – vorhandene Hard- und Software vorausgesetzt – einige wenige Einstellungen über z. B. Schieberegler, um beispielsweise die Skelettelemente von Wirbel-

ABB. 8 | BEISPIELE FÜR SPEZIELLE CT-METHODEN



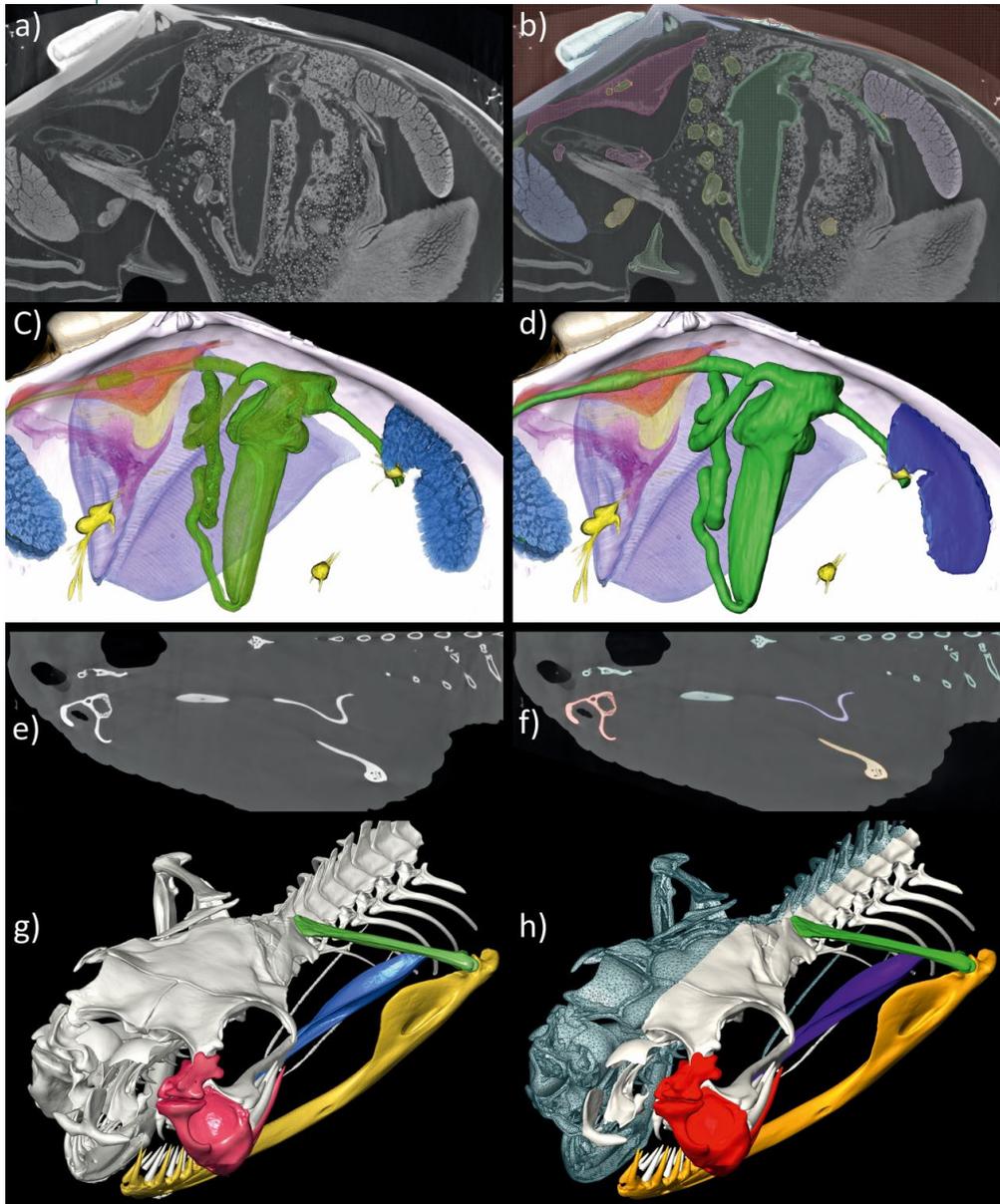
a, b) Vergleich der Ergebnisse eines luftgetrockneten Insekts (Länge ca. 8 mm) mit konventioneller Absorption (a) und Phasenkontrast (b). a1–2, b1–2) Projektionsbild mit Detailvergrößerung. a3–5, b3–5) Schnitt mit Detailvergrößerungen. Grüne Pfeile markieren Details, die im Phasenkontrast klar deutlicher hervortreten. a6, b6) Oberflächendetails bei *volume rendering*. c, d) Mikroskopische *dual-energy CT* eines aquatischen Salamanders (*Triturus* sp., Kopfbreite ca. 1,5 cm). Querschnitt Kopfbereich. c) Einfaches Schnittbild eines 40 kVp Scans. d) Mineralisierte (grün) Elemente getrennt von Jod-kontrastiertem Weichgewebe (violett) nach durchgeführter Materialseparierung.

tieren darstellen zu können. Selbst solche Daten werden aber normalerweise im Vorfeld noch verbessert, indem z. B. Grauwerttiefe, Kontrast und Bildrauschen bearbeitet werden. Auch so einfache Vorgänge können aufgrund der typischerweise großen Datenmengen und dadurch bedingten Übertragungszeiten bereits erheblichen Zeitaufwand verursachen. Eine direkte Visualisierung mittels

volume rendering wird beispielsweise dadurch erschwert, dass die Probe während des Scans mit Materialien wie Watte stabilisiert wurde. In diesem Fall muss die Probe im virtuellen Datensatz noch freigestellt werden.

Die Aufteilung eines Datensatzes in mehrere Bereiche/Segmente (= Segmentierung) ist ein zentraler Vorgang, der in vielen Fällen sinnvoll, vorteilhaft oder auch zwingend

ABB. 9 | VISUALISIERUNG DER DATEN



Segmentierung und Visualisierung am Beispiel einer Muschel (Länge ca. 3 cm, kontrastiert mit Jod a–d) und dem Kopf einer Klammerschlange (Länge ca. 5 cm e–h) mit der Software Amira. a, e) Einfaches Schnittbild. b, f) Strukturen (Organe, Knochen) segmentiert. c, g) 3D-Visualisierung mittels *volume rendering*. d, h) 3D-Visualisierung mittels *surface rendering* (teilweise).

erforderlich ist. Man setzt sie ein, um Bereiche im Datensatz unterschiedlich darzustellen, bzw. um Oberflächenmodelle zu generieren, welche in weiterer Folge einen 3D-Druck oder analytische Bearbeitungen wie Finite-Elemente-Analysen ermöglichen. Die Segmentierung wird entweder „manuell“ über subjektive Interpretation oder (semi-)automatisch über eine Vielfalt unterschiedlicher Algorithmen bzw. Werkzeuge vorgenommen. Häufig wird eine Kombination von beidem eingesetzt. Im Extremfall können Arbeiten zur Interpretation und Segmentierung bis zu mehrere Monate für einen einzelnen Datensatz in

Anspruch nehmen. Typisch für aufwändige Bearbeitungen wären Organrekonstruktionen an tierischen Objekten mit Weichteilkontrastierung.

Zur Visualisierung der Daten werden zwei unterschiedliche Strategien, nämlich *volume* und *surface rendering*, eingesetzt. Im ersteren Fall (*volume rendering*) werden die Voxel (Volumen-Pixel) direkt in 3D visualisiert: Basierend auf ihrer Intensität werden Bildbereiche über die sogenannte Transferfunktion, welche eine Farb- und Transparenzkomponente beinhaltet, in eine Bilddarstellung „übersetzt“. Im anderen Fall (*surface rendering*) werden an Grenzen von segmentierten Bereichen Netze oder Punktwolken gesetzt, welche Oberflächen definieren und als solche dargestellt werden. *Volume rendering* eignet sich besser für diffuse, nicht klar abgegrenzte Strukturen bzw. ganz generell für die Darstellung von Dichteunterschieden (z. B. Mineraldichte in Skeletten), aber auch für klar definierte Elemente (z. B. Knochen). *Surface Rendering* eignet sich besonders zur Darstellung von Strukturen, die über Interpretationen (Segmentierung) erfasst wurden (z. B. Weichteilorgane bei Tieren). Daraus ergibt sich bereits, dass sich *volume rendering* näher an der Realität befindet und *surface rendering* einen eher schematischen Charakter hat. In Analogie entspricht Ersteres eher einer Photographie und Zweiteres eher einer Zeichnung. Unterschiedliche Aspekte der Segmentierung und Datenvisualisierung sind in Abbildung 9 illustriert.

Visualisierungen und Analysen von 3D-Bilddaten erfordern hochwertige Computerhardware sowie komplexe Software. Dafür existiert eine große Anzahl von sowohl kommerziellen als auch nicht-kommerziellen Softwaresystemen. Hier seien nur einige wenige populäre wie Amira/Avizo (kommerziell, breite Werkzeugpalette), Dragonfly (kommerziell, breite Werkzeugpalette auch zur Datenanalyse, gratis für nicht-kommerzielle Forschung!), Drishti (nicht-kommerziell, *volume rendering*), Ilastik (nicht-kommerziell, Segmentierung), ImageJ (nicht kommerziell, extrem breite Werkzeugplatte vor allem zur Datenanalyse) oder VGStudio (kommerziell, v. a. *volume rendering*) erwähnt.

Ein Aspekt, der keinesfalls vernachlässigt werden sollte, ist die Menge der generierten Daten. Bereits die Rohdaten (Projektionsbilder) eines Scans erreichen häufig einen Umfang von 50 GB. Die resultierenden Volumendaten haben (im 16-Bit-Format) meist einen nur etwas geringeren Umfang. Daraus ist ersichtlich, dass der Betrieb eines CT-Geräts auch einen Datenspeicher bzw. ein Datenarchivierungssystem mit einem Fassungsvermögen von vielen Terabyte (TB) erfordert. Die für die Weiterbearbeitung zurechtgetrimmten und oft zu 8-bit konvertierten Datensätze sind handlicher und meist unter 10 GB. Es spricht aber vieles dafür, auch die Originaldaten aufzuheben. Unter anderem werden die Algorithmen zur tomographischen Rekonstruktion weiter entwickelt, wodurch zukünftig bessere Ergebnisse auf Basis vorhandener Daten erzielt werden könnten.

Anschaffung und Betrieb eines MikroCT-Geräts

Im Fall der Anschaffung eines MikroCT-Geräts ist anzunehmen, detaillierte Planungen zu einer Reihe von Faktoren wie Gerätetyp in Bezug auf Probenspektrum, Anschaffungskosten, Wartungskosten, Räumlichkeiten und Bedienungspersonal vorzunehmen. MikroCT-Geräte sind Großgeräte, deren Beschaffung und noch viel mehr deren Betrieb aufwändig sind. Die Anschaffungskosten liegen im geringsten Fall für kleine Tischgeräte im Bereich von 150.000,- € und reichen bei größeren Geräten durchaus über 1 Mio. €. Die jährlichen Betriebs-, Wartungs- und Reparaturkosten können 20.000,- € zum Teil deutlich übersteigen. Besonders teure Komponenten sind Strahlenquellen und Detektoren. Vom Aufbau der Strahlenquelle her gibt es zwei Grundtypen: solche mit geschlossener bzw. mit offener Röntgenröhre. Geräte mit geschlossener Röhre sind häufig relativ klein und für kleine Untersuchungsobjekte vorgesehen. Geschlossene Röntgenröhren können vom Anwender nicht geöffnet werden, demnach können Verschleißteile wie das Kathodenfilament auch nicht ersetzt werden. Somit haben geschlossene Röntgenröhren eine modellabhängig begrenzte Lebensdauer von meist mehreren Jahren. Der Ersatz ist mit Kosten von mehreren Zehntausend Euro verbunden. Im Betrieb benötigen geschlossene Röntgenröhren allerdings so gut wie keine Wartung und erlauben einen hohen Probendurchsatz und eine gute Planbarkeit. Für größere und dichtere Objekte sind offene Röhren mit größerer Durchstrahlkraft erforderlich. Bei offenen Röhren muss üblicherweise nicht die ganze Röhre getauscht werden, dafür muss regelmäßig das Kathodenfilament gewechselt werden, und zusammen mit Wartungen und Reparaturen der Peripherie (Vakuumsystem, Hochspannungsgenerator) ist der Betrieb offener Röhren normalerweise bei weitem aufwändiger.

Heutzutage ist ein großes Portfolio von kommerziellen MikroCT-Geräten verfügbar: Tatsächlich kommen Geräte von über 20 Anbietern in Frage, wobei wiederum viele der Anbieter eine Reihe von Geräten für spezielle Einsatzge-

GLOSSAR

Auflösung: Der Begriff Auflösung wird im gegenwärtigen Artikel im Sinne der tatsächlichen optischen bzw. räumlichen Bildauflösung verstanden (englisch: „true spatial resolution“) und bezeichnet die geringstmögliche Distanz zur Darstellung zweier Strukturen im MikroCT-Datensatz. Als grobe Faustformel für MicroCT-Geräte mit modernen Detektoren gilt, dass die Auflösung in etwa $1/1000$ des Probendurchmessers beträgt.

CT: Computertomographie (früher auch „computed axial tomography“ bzw. „CAT“), ein ursprünglich klinisches bildgebendes Verfahren. Basierend auf den Arbeiten von Sir Godfrey Hounsfield und Allan McLeod Cormack, die für ihre bahnbrechenden Entwicklungen 1979 den Nobelpreis für Physiologie und Medizin erhielten, wurden in den frühen 1970er Jahren durch die britische Firma EMI die ersten klinischen CT-Geräte in Betrieb genommen.

Ex vivo: Untersuchungen am toten Tier oder entnommenen Organen oder Gewebsbiopsien. Üblicherweise sind diese Präparate in Lösungen wie Formalin oder Ethanol fixiert und konserviert.

Finite-Elemente-Analyse: Ein numerisches Verfahren, das im Computer die Berechnung unterschiedlicher physikalischer Aspekte basierend auf dreidimensionalen Polygonmodellen erlaubt. Zu den bekanntesten Anwendungen zählen Festigkeits-, Spannungs- und Verformungsanalysen.

In vivo: Untersuchungen am lebenden Tier oder Patienten.

MikroCT: mikroskopische Computertomographie. Sammelbegriff für die CT-Untersuchung verhältnismäßig (verglichen zu klinischer CT) kleiner Objekte mit hoher Auflösung.

Pixelgröße: Bezeichnet die Größe (Kantenlänge) der digitalen Bildelemente (Pixel). Häufig wird von Geräteherstellern die kleinstmöglich erreichbare Pixelgröße eines Gerätes beworben, was zu falschen Erwartungen bzw. Fehlinterpretationen hinsichtlich der tatsächlich erreichbaren Auflösung führen kann.

Röntgendetektor: Ein Bauteil zur Detektion von Röntgenstrahlen. Üblicherweise erfolgt die digitale Detektion von Röntgenstrahlen in zwei Schritten. Ein Szintillator konvertiert die Röntgenstrahlung in sichtbares Licht, dessen Intensität dann vom eigentlichen digitalen Sensor (Charge-Coupled Device CCD, Complementary Metal-Oxide Semiconductor CMOS, Flachbild) pro Bildpunkt (Pixel) registriert wird.

Röntgenstrahlung: Hochenergetische elektromagnetische Wellen. Für die Ex-vivo-MikroCT-Bildgebung werden üblicherweise harte Röntgenstrahlen mit Photonenenergien zwischen 10 keV und 200 keV eingesetzt.

Strahlenquelle: Ein Bauteil zur Generierung von Röntgenstrahlung. In Labor-MikroCTs kommen Mikro- oder Nanofokus-Röntgenröhren zum Einsatz, welche ein polychromatisches, also aus vielen Wellenlängen zusammengesetztes, Röntgenspektrum generieren. In Synchrotron-MikroCT-Anlagen dient ein Speicherring als Strahlenquelle. Dieser kann ein mono- oder polychromatisches Spektrum erzeugen.

Szintillator: Ein Material, welches durch Röntgenstrahlung angeregt wird und in Folge sichtbares Licht emittiert.

biete oder sogar speziell auf Kundenwünsche angepasste Gerätekonfigurationen anbieten. Viele europäische biowissenschaftliche Institutionen arbeiten mit Geräten der Hersteller BRUKER (Skyscan), *Waygate Technologies* (ehem. *GE Inspection & Technologies*, Phönix), Carl Zeiss X-ray Microscopy (ehem. XRadia), YXLON und SCANCO Medical, um nur einige wenige aus einem beträchtlichen Kreis von Herstellern zu erwähnen. Manche Gerätemodelle wie z. B. viele Modelle der Hersteller BRUKER oder YXLON haben einen sehr breiten Einsatzbereich. Andere haben hingegen ein relativ spezifisches Einsatzgebiet. So sind z. B. Tischsysteme der Firma SCANCO mit einem automatischen Probenwechsler ausgestattet und speziell für die quantitative Phänotypisierung von Labortierknochen optimiert. Geräte der Firma Carl Zeiss X-ray Microscopy verfügen über ein zweistufiges Vergrößerungsverfahren mit optischen Detektoren (Abbildungen 4b, 5b), wodurch speziell hochauflösende Scans, auch Innentomographien, ermöglicht werden.

Antransport und Installation eines MikroCT-Geräts können Baumaßnahmen erfordern. Große Geräte können deutlich mehr als eine Tonne wiegen, wodurch Fragen hinsichtlich der Tragfähigkeit des Raumbodens bzw. zur Benutzbarkeit von Aufzügen zu klären sind. Ein Faktor bei Neuanschaffungen sollte auch der Kontakt zur Herstellerfirma sein. Bei Wartung, Ersatzteilbeschaffung, Fragen zur Bedienung und anderem besteht oft für die gesamte Lebensdauer eines Geräts eine enge Abhängigkeit von der Herstellerfirma, und es ist vorteilhaft, wenn Servicetechniker und Ansprechpartner mit deren Eigenheiten langjährig vertraut sind. Der Betrieb eines Geräts setzt eigenes Personal vor Ort voraus. Je nach Komplexität der Systeme kann dies bis zu einer Vollzeitstelle in Anspruch nehmen. Neben der technischen Betreuung fallen Aufgaben wie Nutzer- und Datenverwaltung und eventuell auch die Verrechnung von Nutzungsgebühren an. Ebenfalls zu bedenken ist der Sicherheitsaspekt. Labor-MikroCT-Geräte sind üblicherweise Hochschutzgeräte, das heißt, dass die Geräte einen ausreichend dimensionierten Metallmantel besitzen und keine Röntgenstrahlung nach außen tritt, wodurch die Anwender keiner Strahlung ausgesetzt sind. Trotzdem muss jede Röntgenanlage behördlich bewilligt und regelmäßig geprüft werden. Außerdem sind von Strahlenschutzbeauftragten durchgeführte Schulungen und regelmäßige Strahlenschutzunterweisungen von Anwendern erforderlich.

Ausblick

MikroCT-Geräte sind heutzutage verbreiteter und leichter zugänglich als je zuvor, und es ist anzunehmen, dass MikroCT-Applikationen in den biomedizinischen Wissenschaften weiter zunehmen werden. Zusätzlich bietet die Möglichkeit der Datenlagerung über diverse internetbasierte Ressourcen neue hoch effiziente Möglichkeiten, um wissenschaftliche Daten mit anderen Forschern zu teilen. In den letzten Jahren ist, um ein konkretes Beispiel zu

nennen, z. B. MorphoSource (<https://www.morphosource.org>) mit seiner hohen Funktionalität (Datenverknüpfungen, webbasierte Visualisierung etc.) für biologische Daten sehr populär geworden und beinhaltet bereits einen enormen Umfang unterschiedlicher Daten. Durch die öffentliche Verfügbarkeit von (3D)- Bilddaten eröffnen sich neue Forschungszugänge, speziell im Fall von vergleichenden Studien oder schwer zugänglichem Material wie namensgebenden Typen. Auch für die universitäre Lehre eröffnen 3D-Bilddaten komplett neue Zugänge: So können 3D-Modelle für Studierende ausgedruckt oder direkt als 3D-PDFs verfügbar gemacht werden. Somit können reale Sektionen und Betrachtungen von z. B. Skeletten mit „digitalen Sektionen“ ergänzt werden.

Zusammenfassung

Die mikroskopische Computertomographie (MikroCT) ist ein tomographisches bildgebendes Verfahren zur hochauflösenden dreidimensionalen Visualisierung und quantitativen Analyse von Untersuchungsobjekten. Während diese Technik vor 20 Jahren in der biologischen und biomedizinischen Grundlagenforschung noch als exotisch galt und kaum eingesetzt wurde, ist sie heute aus diesen Forschungsbereichen nicht mehr wegzudenken. Der gegenwärtige Artikel beleuchtet technische Grundprinzipien und Anwendungsgebiete der MikroCT in der Biologie. Außerdem werden einige praktische Aspekte zum Betrieb von laborbasierten MikroCT-Geräten aufgezeigt.

Summary

Microscopic computed tomography (microCT) – With X-ray into the third dimension

Microscopic X-ray computed tomography (MicroCT) is a tomographic imaging technique for high-resolution 3D visualization and quantitative analysis of samples. Whereas twenty years ago this technique was considered to be exotic within biological and biomedical basic research and was hardly ever used, it is thought to be indispensable in these fields of research today. The present article focuses on both basic technical principles and application fields of microCT for the science of biology. Furthermore, it discusses some practical aspects important for researchers and institutions planning to establish a microCT setup in their labs.

Schlagworte:

Tomographie, 3D, Bildgebung, Röntgen

Literatur

Zum Thema CT bzw. MikroCT gibt es eine enorme Fülle an Primär- und Sekundärliteratur. An dieser Stelle wird vorrangig auf Sekundärliteratur im Sinne von Büchern und Übersichtsarbeiten (Reviews) verwiesen. Eine umfangreiche Abhandlung der technischen Grundprinzipien der CT/MikroCT findet sich in den Arbeiten und Büchern von W. Kalender [1] (Buch auch auf Deutsch erhältlich), E. L. Ritman [2, 3] und S. R. Stock [4]. Die Arbeiten von

R. Mizutani und Y. Suzuki [5] sowie Rawson et al. [6] liefern einen Überblick über Anwendungen der MikroCT in den Lebenswissenschaften, ähnliche Zusammenstellungen liefern E. Maire und P. J. Withers [7] sowie L. Vásárhelyi et al. [8] für die Materialwissenschaften sowie De Chiffre et al. [9] für industrielle Anwendungen. Abschließend sei noch auf einige Beispiele aus der Primärliteratur verwiesen: Die Arbeit von J. T. Johnson et al. war wegweisend für den Einsatz von Röntgenkontrastmitteln für die MikroCT-Darstellung nicht-mineralisierter biologischer Gewebe [10] – ein Zugang, der wenige Jahre später vor allem durch die Arbeiten von B. D. Metscher (z. B. [11]) populär gemacht wurde. S. Handschuh et al. [12] demonstrierten den Einsatz von MikroCT in der korrelativen multimodalen Bildgebung von biologischen Präparaten. Als Beispiele für Spezialverfahren seien P. Bidola et al. [13] für Phasenkontrast-MikroCT sowie S. Handschuh et al. [14] für Material-Separierung mittels Mehrfachenergie-Verfahren erwähnt. Eine ausführliche technische Abhandlung zu Verhältnis und Abhängigkeit von Auflösung und Pixelgröße liefern Wegerhoff et al. [15].

- [1] W. Kalender (2021). *Computed Tomography: Fundamentals, System Technology, Image Quality, Applications*, 4th ed. Erlangen, Publicis.
- [2] E. L. Ritman (2004). *Micro-Computed Tomography-Current Status and Developments*. *Annual Review of Biomedical Engineering* 6, 185–208.
- [3] E. L. Ritman (2011). *Current Status of Developments and Applications of Micro-CT*. *Annual Review of Biomedical Engineering* 13, 531–52.
- [4] S. R. Stock (2020). *Microcomputed Tomography: Methodology and Applications*, 2nd ed. Boca Raton, FL, USA: CRC Press/Taylor & Francis.
- [5] R. Mizutani, Y. Suzuki (2012). *X-Ray Microtomography in Biology*. *Micron* 43, 104–15.
- [6] S. D. J. Rawson et al. (2020). *X-Ray Computed Tomography in Life Sciences*. *BMC Biology* 18, 21.
- [7] E. Maire, P. J. Withers (2014). *Quantitative X-Ray Tomography*. *International Materials Reviews* 59, 1–43.
- [8] L. Vasarhelyi et al. (2020). *Microcomputed Tomography-Based Characterization of Advanced Materials: A Review*. *Materials Today Advances* 8.
- [9] L. S. De Chiffre et al. (2014). *Industrial Applications of Computed Tomography*. *Cirp Annals-Manufacturing Technology* 63, 655–77.
- [10] J. T. Johnson et al. (2006). *Virtual Histology of Transgenic Mouse Embryos for High-Throughput Phenotyping*. *Plos Genetics* 2, 471–77.
- [11] B. D. Metscher (2009). *Microct for Comparative Morphology: Simple Staining Methods Allow High-Contrast 3d Imaging of Diverse Non-Mineralized Animal Tissues*. *BMC Physiol* 9, 11.

- [12] S. Handschuh et al. (2013). *A Correlative Approach for Combining MicroCT, Light and Transmission Electron Microscopy in a Single 3d Scenario*. *Frontiers in Zoology* 10.
- [13] P. Bidola et al. (2017). *Application of Sensitive, High-Resolution Imaging at a Commercial Lab-Based X-Ray Micro-CT System Using Propagation-Based Phase Retrieval*. *Journal of Microscopy* 266, 211–20.
- [14] S. Handschuh et al. (2017). *Microscopic Dual-Energy CT (Micro-DECT): A Flexible Tool for Multichannel Ex Vivo 3d Imaging of Biological Specimens*. *Journal of Microscopy* 267, 3–26.
- [15] R. Wegerhoff et al. (2011). *„Basics of Light Microscopy and Imaging“*. Special Edition of *Imaging and Microscopy*, 2nd ed., GIT VERLAG, A Company of John Wiley & Sons, Inc.

Verfasst von:



© Dr. Michael Bernkopf/
Vetmeduni Vienna

Stephan Handschuh, Jahrgang 1981, ist studierter Biologe und arbeitet seit 2012 als wissenschaftlicher Mitarbeiter in der Imaging Core Facility der Veterinärmedizinischen Universität Wien. In dieser Funktion betreut er Projekte aus den unterschiedlichsten biologischen und biomedizinischen Forschungsbereichen mit einem Schwerpunkt auf MikroCT-Bildgebung sowie dreidimensionaler Daten-Visualisierung und -Analyse. Weiterhin arbeitet er kontinuierlich an neuen Methoden zur Präparation und 3D-Darstellung tierischer Gewebe, ein spezieller Fokus seiner Arbeit liegt dabei in der spektralen Röntgenbildgebung.



Bernhard Ruthensteiner, Jahrgang 1960, ist Kurator für Gruppen Wirbelloser Tiere an der SNSB Zoologischen Staatssammlung München. Er beschäftigt sich seit Jahrzehnten mit methodischen Aspekten zur strukturellen Untersuchung von biologischen Objekten. Durch die Auswertung von Schnittserien erarbeitete er sich frühzeitig Kenntnisse zur 3D-Bearbeitung. Er etablierte die MikroCT-Methode an den Staatlichen Naturwissenschaftlichen Sammlungen Bayerns. Hierbei konnte er umfangreiche technische Erfahrungen mit MikroCT sowie dem Umgang mit Objekten verschiedenster (geo-)biologischer Disziplinen aufbauen.

Korrespondenz

*Dr. Bernhard Ruthensteiner
Section Evertebrata varia
Zoologische Staatssammlung München
Münchhausenstr. 21
81247 München
E-mail: ruthensteiner@snsb.de
www.zsm.mwn.de*

ABB. 1 Ein junger Kupferroter Springaffe an der Feldstation in Peru.
Foto: Sofya Dolotovskaya.



Freilandforschung an Primaten im Amazonasregenwald „Wahre Treue“ bei Kupferroten Springaffen?

ECKHARD W. HEYMANN | SOFYA DOLOTOVSKAYA | CHRISTIAN ROOS

Paarleben ist bei Primaten deutlich häufiger als bei anderen Säugetieren. Gleichzeitig ist über Mechanismen der Paarbeziehungen und darüber, ob Paarleben mit genetischer Monogamie einhergeht, aus Untersuchungen im natürlichen Lebensraum kaum etwas bekannt. Eine Freilandstudie im Amazonasregenwald bietet nun erste Einblicke in das Paarleben der Kupferroten Springaffen.

Paarleben ist eine Form der sozialen Organisation, bei der ein geschlechtsreifes Männchen und ein geschlechtsreifes Weibchen zusammenleben und ihre Aktivitäten koordinieren [1]. Während bei Vögeln Paarleben weit verbreitet ist (ca. 90% der Arten; [2]), findet man es bei Säugetieren eher selten (3–9% der Arten; [3]). Prima-

ten fallen jedoch innerhalb der Säugetiere durch einen vergleichsweise hohen Anteil paarlebender Arten auf (19–29%; [3]). Die evolutionären Ursachen des Paarlebens bei Primaten waren und sind Gegenstand intensiver und kontroverser Diskussionen [3–5]. Dabei stehen die „female spacing“- und die „paternal care“-Hypothese im Zentrum der Debatte. Erstere besagt, dass Weibchen aus ökologischen Gründen individuell so im Habitat verteilt sind, dass Männchen jeweils nur ein Weibchen monopolisieren können. Die zweite Hypothese sieht in männlicher Jungenfürsorge die Ursache für Paarleben. Auch Schutz vor ▶ Infantizid wird als evolutionäre Ursache erwogen [5–7], was als Form von Jungenfürsorge im weiteren Sinne verstanden werden kann. Die sehr unterschiedlichen Angaben zu den Anteilen paarlebender Arten innerhalb der Primaten weisen aber bereits darauf hin, dass offenbar keine Einigkeit darüber besteht, welche Arten überhaupt als paarlebend kategorisiert werden sollten und welche nicht. Wie so oft in der Biologie ignoriert die Einordnung in eine Schublade die Diversität, die sich hinter einem Begriff verbergen kann. So reicht Paarleben bei Primaten

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 160 erklärt.

von den „dispersed pairs“ einiger Wieselmakis, bei denen Paarpartner zwar ein Territorium teilen, aber außer in der Paarungszeit nie oder extrem selten miteinander interagieren, über Paare bei verschiedenen Lemurenarten, die Schlafplätze teilen und in unterschiedlichem Ausmaß affiliativ (kooperierend) interagieren, bis hin zu den kohäsiven Paaren der Gibbons, bei denen sich die Partner selten aus ihrem unmittelbaren Blickfeld entfernen [8, 9]. Eine weitere Differenzierung des Paarlebens wird bei der Betrachtung des ► Paarungssystems deutlich. Paarleben ist nämlich nicht – wie fälschlicherweise oft angenommen – notwendigerweise mit sexueller oder genetischer ► Monogamie verbunden. Von Vögeln ist seit langem bekannt, dass bei einer Vielzahl von Arten nicht alle Küken eines Geleges vom Paarpartner des Weibchens abstammen, sondern in unterschiedlichem Ausmaß das Ergebnis von Kopulationen außerhalb des Paares sein können („extra-pair copulations“, EPC und „extra-pair paternities“, EPP; [10]). Bei den wenigen bislang untersuchten paarlebenden Säugetieren scheinen EPPs hingegen eher selten zu sein [11]. Für Primaten liegen kaum einschlägige Untersuchungen vor. Bei Fettschwanzmakis sind EPPs anscheinend häufig [12], und auch bei den oft als Paradebeispiel für „Monogamie“ herangezogenen Gibbons wurden zumindest Kopulationen außerhalb des Paares nachgewiesen [13].

Innerhalb der ► Neuweltaffen findet sich Paarleben bei den Zwergseidenäffchen (*Cebuella*; Familie Callitrichidae), möglicherweise einigen Populationen oder Arten von ► Tamarinen und Marmosetten (*Saguinus*, *Leontopithecus* und *Callithrix*; Familie Callitrichidae), den Nachtaffen (*Aotus*; Familie Aotidae), den Springaffen (*Callicebus*, *Cheracebus* und *Plecturocebus*; Familie Pitheciidae) und den Sakis (*Pithecia*; Familie Pitheciidae). Bislang wurde allerdings bei keinem Vertreter dieser Taxa – mit Ausnahme der Nachtaffen [11] – Untersuchungen dazu durchgeführt, ob Paarleben mit genetischer Monogamie einhergeht. Aber auch Studien zu Paarbeziehungen bei Springaffen liegen bislang ausschließlich aus Gefangenschaft vor, die – wie das Beispiel der Tamarine zeigt [14] – nicht notwendigerweise repräsentativ für die diversen Komponenten und Facetten des ► Sozialsystems sind.

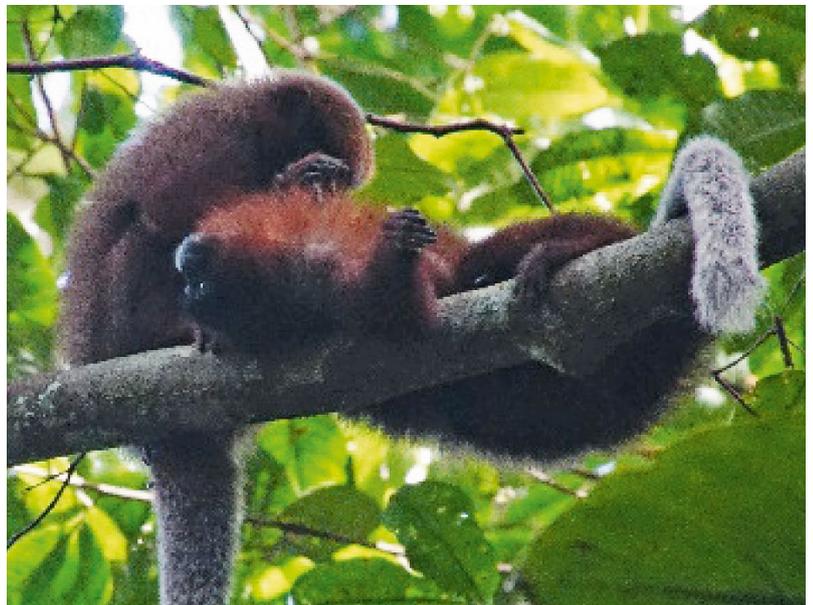
Feldforschung im Amazonastiefland

In einem Forschungsprojekt an der Estación Biológica Quebrada Blanco (EBQB), der Feldforschungsstation des Deutschen Primatenzentrums im peruanischen Amazonastiefland, haben wir die Paarbeziehungen und das Paarungssystem von Kupferroten Springaffen (*Plecturocebus cupreus*, früher *Callicebus cupreus*, Abbildung 1) untersucht. Im Vordergrund standen dabei zwei Fragen: (1) Wie erfolgt die Regulierung der Paarbeziehung, d. h. investieren beide Partner in gleichem Umfang in soziale Interaktionen, Aufrechterhaltung der räumlichen Nähe, Jungenfürsorge sowie in die Verteidigung des Territoriums und gegen Raubfeinde? (2) Resultiert das Paarleben in sexueller und damit auch genetischer Monogamie oder kommt

es zu Vaterschaften außerhalb des Paares? Um diesen Fragen nachzugehen, führten wir Verhaltensbeobachtungen an sieben habituierten Familiengruppen durch und sammelten Kotproben für genetische Analysen von insgesamt 14 Familiengruppen.

Springaffen (Unterfamilie Callicebinae) gehören zu den Schweifaffenverwandten (Familie Pitheciidae). Sie umfassen die Gattungen *Callicebus*, *Cheracebus* und *Plecturocebus* (bis 2016 in der einzigen Gattung *Callicebus* zusammengefasst) mit insgesamt 34 Arten, die über weite Teile des Amazonasgebietes und der Mata Atlántica (im Osten Brasiliens) verbreitet sind. Mit einer Körpermasse von ca. 800–1400 g gehören Springaffen zu den kleinen Neuweltaffen. Alle Springaffenarten scheinen paarlebend zu sein, doch gibt es bislang nur für wenige Arten detaillierte Verhaltensbeobachtungen im natürlichen Lebensraum. Demographische Daten zeigen, dass meistens neben einem adulten Paar ein bis drei, selten mehr Individuen unterschiedlichen Alters (vermutlich die Nachkommen des Paares) in einer Familiengruppe leben. In Menschenhand und nach den wenigen Daten aus dem Freiland wird das Jungtier, anders als bei den meisten anderen Primaten, zu über 90 Prozent vom adulten Männchen getragen. Auffälligstes Signal von Springaffen sind die Duettgesänge des Paares, an denen sich aber auch adulte oder subadulte Nachkommen beteiligen können. Soziale Fellpflege (Ab-

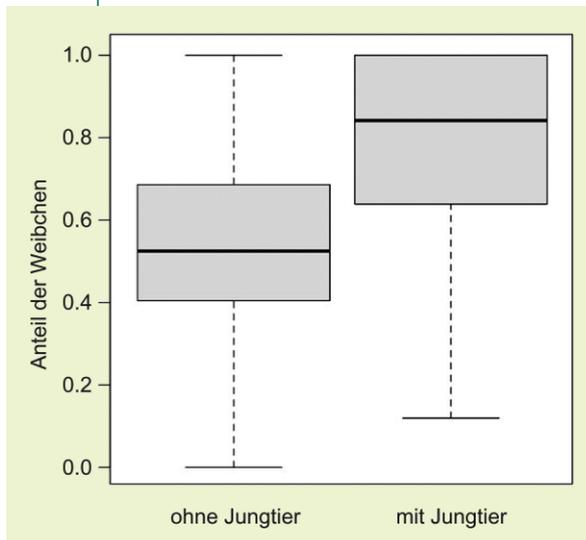
ABB. 2 Soziale Fellpflege zwischen einem Springaffenpaar. Foto: Sofya Dolotovskaya.



IN KÜRZE

- Bei Kupferroten Springaffen geht Paarleben mit **genetischer Monogamie** einher.
- Weibchen investieren **mehr in die Paarbeziehung** als Männchen.
- Männchen **erbringen „Dienstleistungen“** in Form von Tragen der Jungtiere und Verteidigung des Territoriums gegen Raubfeinde.
- Die Befunde an den Kupferroten Springaffen sprechen für die **„male-services“-Hypothese** zur Erklärung von Evolution und Aufrechterhaltung des Paarlebens.

ABB. 3 | SOZIALE FELLPFLEGE ZWISCHEN DEN PAARPARTNERN



Gezeigt ist der Anteil der Weibchen an der sozialen Fellpflege zwischen Paarpartnern. — Median, Box: 25–75 %-Perzentil, Whisker: Streubereich. Nach Daten in [13].

bildung 2) ist die häufigste Interaktion. Wenn Paarpartner in Körperkontakt ruhen, schlingen sie häufig die Schwänze umeinander; auch andere Familienmitglieder können an diesem „tail twining“ teilnehmen.



ABB. 4 Ein adulter männlicher Springaffe trägt ein ca. 5-monatiges Jungtier. Foto: Sofya Dolotovskaya.

Die von uns im Untersuchungsgebiet der EBQB beobachteten Springaffengruppen bestanden aus 2–6 Individuen, jeweils einem adulten Paar und (wie sich aus den genetischen Untersuchungen zeigte, siehe unten), dessen Nachkommen in unterschiedlichen Altersstadien.

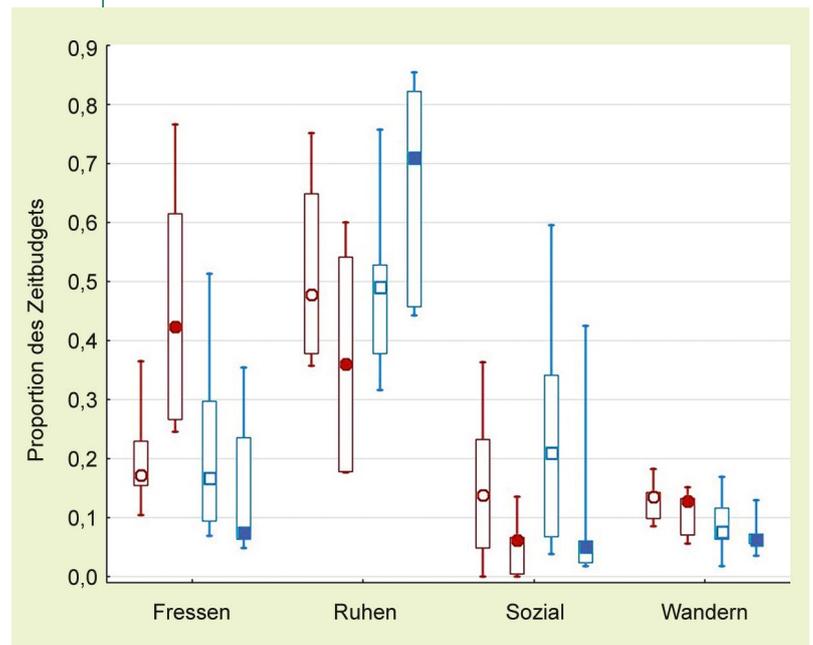
Sozialbeziehungen und Jungenfürsorge

In Springaffenpaaren tragen Weibchen stärker zur Paarbeziehung bei als Männchen [15]. Dies zeigt sich in der Erhöhung ihres Anteils an der sozialen Fellpflege, insbesondere während der Anwesenheit eines Jungtieres (Abbildung 3). Des Weiteren sind Weibchen bei der Aufrechterhaltung räumlicher Nähe zwischen den Paarpartnern aktiver, indem sie sich Männchen signifikant häufiger annähern als umgekehrt.

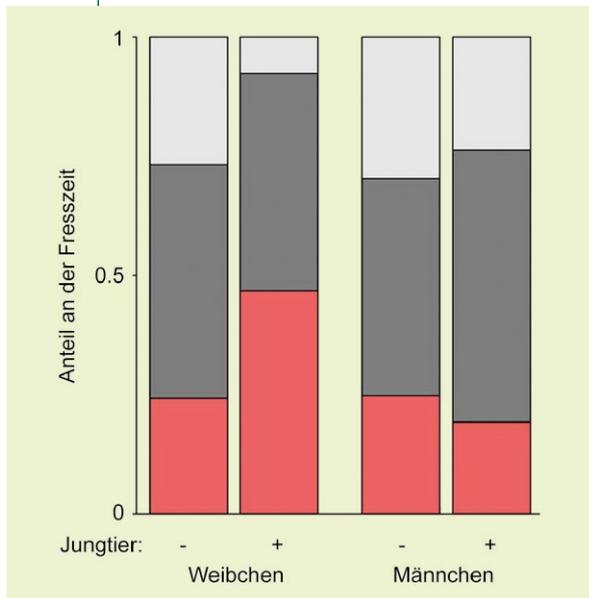
Jungtiere werden ausschließlich vom adulten Männchen, also dem sozialen (und auch genetischen, siehe unten) Vater, getragen (Abbildung 4). Mütter übernehmen Jungtiere nur zum Säugen. Die Anwesenheit eines Jungtieres verändert das Zeitbudget (Aktivitätsbudget) der Paarpartner [16]. Weibchen verbringen nach der Geburt eines Jungtieres signifikant mehr Zeit mit Nahrungsaufnahme; bei Männchen hingegen steigt die mit Ruhen verbrachte Zeit signifikant an (Abbildung 5).

Neben pflanzlicher Nahrung (Fruchtfleisch, Samen, Blüten, Blätter) nehmen Springaffen auch tierische Beute zu sich, vor allem Ameisen und Laubheuschrecken [17]. Nach der Geburt eines Jungtieres steigt der Anteil tierischer Beute im Nahrungsspektrum der adulten Weibchen

ABB. 5 | VERGLEICH DER AKTIVITÄTSBUDGETS



Aktivitätsbudget von adulten Weibchen (○●) und Männchen (□■) in Zeiten ohne (○, □) und mit (●, ■) Jungtier. — Median, Box: 25–75 %-Perzentil, Whisker: Streubereich. Nach Daten in [14].

ABB. 6 NÄHRUNGSZUSAMMENSETZUNG IN ZEITEN OHNE UND MIT JUNGTIER


Nahrungstypen: Arthropoden (rot), Früchte (grau), sonstige Nahrung (hellgrau). Verändert aus [14].

stark an (Abbildung 6), wahrscheinlich als Anpassung an den erhöhten Proteinbedarf während der Laktationszeit [18]. Die Suche nach tierischer Beute ist jedoch zeitaufwändig, die Erbeutung selber kann Manöver erfordern, die mit einem Jungtier auf dem Rücken schwieriger oder riskanter sein könnten.

Begegnungen mit Nachbargruppen und Raubfeinden

Springaffen sind territorial, ihre ca. 3,6 bis 13 ha großen Streifgebiete überlappen nur minimal (0–5%); Begegnungen und physische Interaktionen zwischen Nachbargruppen sind daher eher selten. Von den 21 Begegnungen zwischen Nachbargruppen (an insgesamt 245 Beobachtungstagen über 14 Monate) wurden neun Interaktionen durch ein adultes Männchen initiiert, bei den übrigen zwölf war kein eindeutiger Initiator zu bestimmen; adulte Weibchen initiierten niemals eine Gruppenbegegnung. In 16 der 21 Begegnungen kam es zu aggressivem Jagen, immer war ein adultes Männchen beteiligt; adulte Weibchen waren hingegen nur zweimal an solchem Jagen beteiligt.

Wegen ihrer geringen Körpergröße sind Springaffen einem großen Spektrum an potenziellen Raubfeinden ausgesetzt. Während unserer Studien registrierten wir zwölf Begegnungen mit Ozelot (*Felis pardalis*), Boa (*Boa constrictor*), Tayra (*Eira barbara*), Cayenneweihe (*Leptodon cayanensis*), unidentifizierten Greifvögeln und Gehaubten Kapuzineraffen (*Sapajus macrocephalus*). Die Springaffen reagieren mit Alarmlauten gegenüber allen Raubfeinden außer den Kapuzineraffen, vor denen sie lautlos flüch-

teten und sich versteckten. Bei der Begegnung mit einem Ozelot und einer Boa kam es zu intensivem und langanhaltendem Mobbing. In vier der zehn Begegnungen, in denen Alarmrufe ausgestoßen oder der Raubfeind gemobbt wurde, war jeweils das adulte Männchen aktiver als alle anderen Familienmitglieder, vor allem beim ▶ Mobbing. Begegnungen mit Nachbargruppen und Raubfeinden sind insgesamt zu selten, um eine robuste Schlussfolgerung zu ziehen. Festzuhalten ist jedoch, dass adulte Männchen in diesen Begegnungen tendenziell aktiver sind als adulte Weibchen.

Vaterschaften und die „male-services“-Hypothese

Mit 18 verschiedenen Mikrosatelliten untersuchten wir die Vaterschaften der 18 Jungtiere in unserer Studienpopulation. In allen Fällen war das adulte Männchen einer Gruppe – also der soziale Vater – auch der genetische Vater, d. h. alle Paare waren genetisch monogam [19]. Fasst man die Befunde zu den Paarbeziehungen, der Jungenfürsorge, der Beteiligung an Begegnungen mit Nachbargruppen und Raubfeinden und den Vaterschaftsanalysen zusammen, so sprechen diese für die sogenannte „male-services“-Hypothese zur Erklärung von Evolution und Aufrechterhaltung des Paarlebens bei Springaffen [6]. Männchen erbringen „Dienstleistungen“ in Form des Tragens von Jungtieren und der Verteidigung gegenüber Nachbargruppen und Raubfeinden (die natürlich auch im Eigeninteresse des Männchens sind). Das Tragen des Jungen durch das Männchen ermöglicht es Weibchen, während der energieintensiven Zeit der Laktation verstärkt tierische Beute zu fangen. Weibchen hingegen investieren stärker in die Paarbeziehung und – was vermutlich am wichtigsten ist – ermöglichen die Exklusivität der Vaterschaften für den Paarpartner. Unsere Ergebnisse fügen die Kupferroten Springaffen vorläufig der (noch) sehr kurzen Liste von Säugetieren an, bei denen Paarleben mit genetischer Monogamie einhergeht [11]. Eine Untermauerung der Ergebnisse durch langfristige Untersuchungen ist natürlich notwendig. Diese könnten z. B. auch zeigen, ob die Intensität der Paarbeziehung einen Einfluss auf den Reproduktionserfolg hat und sich somit „wahre Treue“ für beide Paarpartner auszahlt.

Zusammenfassung

Paarleben ist bei Säugetieren im Allgemeinen selten, bei Primaten jedoch relativ häufig, und findet sich unter anderem bei den südamerikanischen Springaffen. In einer Freilandstudie an Kupferroten Springaffen untersuchten wir die Mechanismen des Paarlebens und fragten, ob Paarleben mit genetischer Monogamie einhergeht. In unseren Studiengruppen investierten Weibchen mehr in die Paarbeziehung als Männchen, vor allem durch häufigere soziale Fellpflege und einen aktiveren Beitrag zur Aufrechterhaltung der räumlichen Nähe. Männchen hingegen waren die exklusiven Träger von Jungtieren und außerdem aktiver bei

der Verteidigung des Territoriums und gegenüber Raubfeinden. Wir fanden keinerlei Hinweise auf Vaterschaften außerhalb der Paare. Zusammengefasst unterstützen unsere Befunde die „male-services“-Hypothese als Erklärung von Evolution und Aufrechterhaltung des Paarlebens bei Springaffen.

Summary

True faithfulness? Pair living and monogamy in coppery titi monkeys

Pair living is rare amongst mammals in general, but relatively common in primates, and found e. g. in the South American titi monkeys. In a field study on coppery titi monkeys in Peruvian Amazonia we examined the mechanisms of pair living and whether pair living is associated with genetic monogamy. In our study groups, female titi monkeys

invested more in pair bonding by grooming the pair mate more often than vice versa and by being more active in the maintenance of spatial proximity between the mates. Males were the exclusive carriers of infants and also were more active in the defense of the territory and against predators than females. We did not find evidence for extra-pair paternities. Taken together, our findings support the “male-services” hypothesis for the evolution and maintenance of pair living in titi monkeys.

Schlagworte:

Springaffen, Paarleben, Monogamie, Amazonien.

Danksagung

Verhaltensbeobachtungen und Sammlungen von Kotproben kleiner Affen in einem tropischen Regenwald sind ohne Unterstützung einheimischer Feldassistenten nahezu unmöglich. Wir danken daher Camilo Flores Amasifuén, Migdonio Huanuiri Arirama, Ney Shahuano Tello, Carlos Caritimari Arirama, Arnaldo Arimuya Flores, Santiago Cariajano Sandi und Aladino Hidalgo Souza für ihren unermüdlichen und effektiven Einsatz und ihren Humor in schwierigen Momenten, aber auch dafür, dass sie ihr reichhaltiges Wissen über den Regenwald und seine Bewohner mit uns geteilt haben. Christiane Schwarz sei gedankt für ihre exzellente Assistenz bei den genetischen Analysen. Gefördert wurde unser Projekt aus Mitteln der Deutschen Forschungsgemeinschaft, der Leakey Foundation, des Primate Action Funds und der International Primate Society. Die Feldarbeiten erfolgten mit Genehmigung durch den Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre (SERFOR) des Peruanischen Landwirtschaftsministeriums.

Literatur

- [1] P. M. Kappeler, C. P. van Schaik (2002). Evolution of primate social systems. *Int. J. Primatol.* 23, 707–740.
- [2] D. L. Lack (1968). *Ecological adaptations for breeding in birds.* Methuen, London.
- [3] D. Lukas, T. H. Clutton-Brock (2013). The evolution of social monogamy in mammals. *Science* 341, 526–529.
- [4] D. Lukas, T. H. Clutton-Brock (2014). Evolution of social monogamy in primates is not consistently associated with male infanticide. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 111, E1674.
- [5] C. Opie et al. (2014). Reply to Lukas and Clutton-Brock: Infanticide still drives primate monogamy. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 111, E1675.
- [6] C. P. van Schaik, R. I. M. Dunbar (1990). The evolution of monogamy in large primates: a new hypothesis and some crucial tests. *Behaviour* 115, 30–62.
- [7] C. P. van Schaik & P. M. Kappeler (1997). Infanticide risk and the evolution of male-female association in primates. *Proc. R. Soc. B: Biol.*, 264, 1687–1694.
- [8] P. M. Kappeler (2014). Lemur behaviour informs the evolution of social monogamy. *Trends Ecol Evol* 29, 591–593.
- [9] D. R. Leighton (1987). Gibbons: territoriality and monogamy, in: *Primate societies* (Hrsg.: B. B. Smuts et al.). University of Chicago Press, Chicago, 135–145.
- [10] A. P. Møller, J. V. Briskie (1995). Extra-pair paternity, sperm competition and the evolution of testis size in birds. *Behav. Ecol. Sociobiol.* 36, 357–365.
- [11] M. Huck et al. (2014). Correlates of genetic monogamy in socially monogamous mammals: insights from Azara’s owl monkeys. *Proc. R. Soc. B: Biol. Sci.* 281, 20140195.

GLOSSAR

Infantizid: Tötung abhängiger Jungtiere durch Artgenossen.

Mobbing (Hassen): Annäherung, Belästigung und Scheingriffe auf einen potenziellen Raubfeind, eventuell verbunden mit spezifischen Rufen; Mobbing resultiert in der Regel in der Entfernung des Raubfeindes.

Monogamie: ein Paarungssystem, bei dem Kopulationen nur zwischen jeweils einem adulten Männchen und Weibchen (Paar) stattfinden (sexuelle Monogamie) und Jungtiere eines Weibchens vom Paarpartner abstammen (genetische Monogamie).

Neuweltaffen: auch als Breitnasenaffen, Platyrrhini, bezeichnet, eine Parvordo (oder rangloses Taxon) innerhalb der Simiidae; die Schwestergruppe umfasst die Altwelt- oder Schmalnasenaffen, Catarrhini.

Paarungssystem: a) soziales P.: Anzahl der Geschlechtspartner, mit denen kopuliert wird. b) genetisches P.: Anzahl der Geschlechtspartner, mit denen Nachkommen erzeugt werden.

Sozialsystem: Umfasst die drei Elemente soziale Organisation, Sozialstruktur und Paarungssystem.

Soziale Organisation: Größe, Zusammensetzung (Geschlechter, Altersklassen) und zeitlich-räumliche Dynamik von sozialen Einheiten.

Sozialstruktur: Muster der sozialen Interaktionen und der daraus resultierenden Sozialbeziehungen zwischen den Mitgliedern einer sozialen Einheit.

Tamarine: kleine Neuweltaffen aus den Gattungen *Leontocebus* und *Saguinus*. Galten aufgrund von Beobachtungen in Zoos, Zuchtkolonien und Laboren lange Zeit als paarlebend, bilden aber im Freiland hauptsächlich Gruppen aus zwei oder mehr adulten Männchen und in der Regel einem adulten, reproduzierenden Weibchen sowie dem Nachwuchs unterschiedlichen Alters.

Zeitbudget: Aufteilung der aktiven Zeit (d. h. der außerhalb eines Schlafplatzes verbrachten Zeit) auf die für die Aufrechterhaltung der Homöostase und der sozialen Beziehungen notwendigen Aktivitäten, also Nahrungsaufnahme, Ruhen, Wandern, soziale Interaktionen.

- [12] J. Fietz et al. (2000). High rates of extra-pair young in the pair-living fat-tailed dwarf lemur, *Cheirogaleus medius*. *Behav. Ecol. Sociobiol.* 49, 8–17.
- [13] C. Barelli et al. (2013). Extra-pair paternity confirmed in wild white-handed gibbons. *Am. J. Primatol.* 75, 1185–1195.
- [14] E. W. Heymann (2018). Tamarine – die etwas anderen Primaten. *BIUZ* 48, 114–119.
- [15] S. Dolotovskaya et al. (2020). What makes a pair bond in a Neotropical primate: female and male contributions. *R. Soc. Open Sci.* 7, 191489.
- [16] S. Dolotovskaya, E. W. Heymann, (2020). Do less or eat more: strategies to cope with costs of parental care in a pair-living monkey. *Anim. Behav.* 163, 163–173.
- [17] M. N. Nadjafzadeh, E. W. Heymann (2008). Prey foraging of red titi monkeys, *Callicebus cupreus*, in comparison to sympatric tamarins, *Saguinus mystax* and *Saguinus fuscicollis*. *Am. J. Phys. Anthropol.* 135, 56–63.
- [18] K. Hinde, L. A. Milligan (2011). Primate milk: proximate mechanisms and ultimate perspectives. *Evol Anthropol*, 20, 9–23.
- [19] S. Dolotovskaya et al. (2020). Genetic monogamy and mate choice in a pair-living primate. *Sci. Rep.* 10, 20328.



Bild: Katya Ovsiyanikova

Sofya Dolotovskaya wurde 1987 in Ufa (Russland) geboren und studierte 2004–2009 Zoologie an der Lomonosov Moscow State University. Nach Internships und einer Tätigkeit als Wissenschaftsjournalistin und Übersetzerin wissenschaftlicher Bücher (u. a. „The Ancestor’s Tale“ von Richard Dawkins) ins Russische arbeitete sie zunächst als wissenschaftliche Mitarbeiterin in der Primatengenetik des DPZ, bevor sie zwischen 2017 und 2020 Freilandstudien an Kupferroten Springaffen an der DPZ-Feldstation in Peru und genetische Analysen zur Ermittlung von deren Verwandtschaftsbeziehungen und Vaterschaften durchführte. Sie promovierte im Oktober 2020 und bereitet derzeit weitere Feldstudien an Kupferroten Springaffen vor.



Bild: Karin Tilch

Christian Roos wurde 1972 geboren und studierte 1995–2000 Biologie an der Technischen Universität München. Er ist Wissenschaftler am Deutschen Primatenzentrum (DPZ) in Göttingen und leitet die Gene Bank of Primates. Außerdem lehrt er als außerplanmäßiger Professor an der Georg-August-Universität Göttingen. Seine Forschungsschwerpunkte sind die Phylogenie, Phylogeographie, Genomik und Taxonomie von Primaten.

Verfasst von:

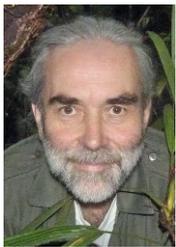


Bild: Lucia H. Bartecki

Eckhard W. Heymann wurde 1957 geboren und studierte 1975–1981 Biologie an der Justus-Liebig-Universität Gießen. Im Anschluss an seine Promotion führte er 1985–1986 erste Freilandstudien zum Verhalten und zur Ökologie von Tamarinen im Amazonastiefland durch. Er ist Wissenschaftler am Deutschen Primatenzentrum (DPZ) in Göttingen und leitet die DPZ-Feldstation in Peru. Außerdem lehrt er als außerplanmäßiger Professor an der Georg-August-Universität Göttingen. Seine Forschungsschwerpunkte sind die ökologischen Interaktionen und Sozialsysteme von Neuweltaffen.

Korrespondenz

Prof. Dr. Eckhard W. Heymann
Verhaltensökologie & Soziobiologie
Deutsches Primatenzentrum – Leibniz-Institut für Primatenforschung
Kellnerweg 4
37077 Göttingen
E-Mail: eheyman@gwdg.de

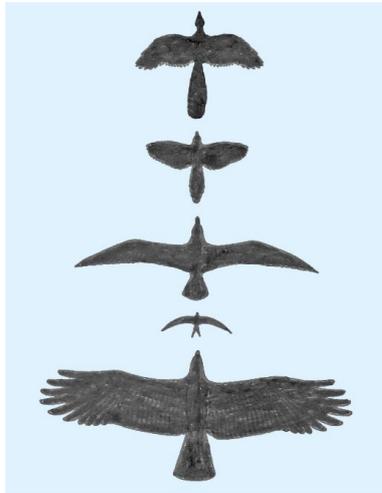
KNETEN FÜR DIE WISSENSCHAFT



Khalid Abdullah ist MSc-Student der Biologie an der Universität Jember in Indonesien und er hat ein ungewöhnliches Hobby: Er bastelt Bakterien, Viren, DNA, Zellen und was sonst gewünscht ist aus Knete. Diese Figuren bringt er dann in Stop-Motion-Videos in Bewegung. Seine kurzen Filmchen waren so einprägend und gleichzeitig so unterhaltsam, dass er für ein DFG Schwerpunktprogramm (SPP 2141) angeworben wurde, um einige Erklärungsvideos zu CRISPR/Cas zu drehen (<https://www.youtube.com/channel/UCUP3bBYAh9kYK1d8hd9mBTg>). Zurzeit arbeitet er an einem neuen Projekt, in dem er Viren und Impfstoffe auf einfache Art für die Allgemeinheit erklärt (<https://www.youtube.com/channel/UCMmgWvhjBBVpl2c-FikOow>).

Weil Khalid Biologe ist, kann er ein Video-Projekt ohne zeitraubende Erklärungen umsetzen: Er bekommt ein grobes Story-Board und fertigt einen Entwurf an. Dieser wird mit den Wissenschaftlern diskutiert und schon beginnt der Dreh. Danach gibt es manchmal noch kleinere Revisionen, aber in der Regel ist ein Film nach vier bis fünf Wochen fertig. Das ist eine schöne und effektive Möglichkeit, Forschung und biologische Sachverhalte für eine breite Öffentlichkeit verständlich zu machen.

Kontakt: info@biowisskomm.de



Flügelformen als Ergebnis der Evolution

Rund, spitz, gespalten

HEINRICH EDER | WERNER NACHTIGALL

ABB. 1 Entwicklung der Flügelformen. Von oben nach unten: Flügel des Urvogels *Archaeopteryx*, vor ca. 150 Mio. Jahren: kurze gedrungene Form (nach [3]), Elster: kurzer Flügel, angenähert elliptischer Flügelabschluss, Möwe: langer Flügel mit Zuspitzung und Rückwärtspeilung des Außenflügels, Mauersegler: großer Pfeilwinkel des Flügelendes mit Zuspitzung, Adler: Aufspaltung zur Schwungfederkaskade [2]. Die Größenverhältnisse entsprechen der Natur.

In der Natur begegnet man den unterschiedlichsten Flügelformen. Ihre spezielle Konfiguration kann zum Beispiel Vorteile bei der Mobilität und im Energieverbrauch mit sich bringen. Der hervorsteckende Unterschied besteht in der Ausprägung der Schlankheit des Flügels und der Flügelspitzen. Flügelformen stellen eine Anpasstheit an Lebensraum, Jagdverhalten und Reichweite dar. So haben zum Beispiel Überraschungsjäger wie Sperber und Habicht, die im Unterholz jagen, kurze Flügel. Möwen, die sich im freien Luftraum bewegen, haben im Vergleich zur Körperlänge spitze, gestreckte Flügel. Die wichtigsten Grundformen der heute in der Natur vorkommenden Flügel sowie des Urvogels *Archaeopteryx* sind in Abbildung 1 exemplarisch zusammengestellt (z. B. [1–3]). Spitze Flügelenden findet man bereits bei den Flugsauriern, deren Flügel mit Häuten bespannt waren. Die spitzen Flügelenden bei den Federflüglern (heutige Vögel) haben sich jedoch erst durch entsprechende evolutiv bedingte/selektionsbedingte Formgebung der Handschwingen gebildet, denn die Urvögel besaßen noch kurze, gerundete Flügelabschlüsse.

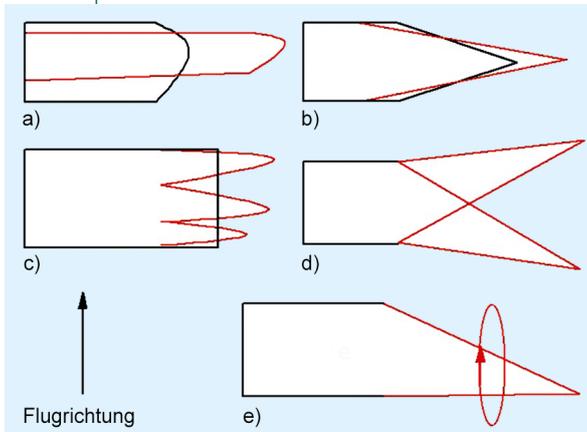
Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 171 erklärt.

Flügel besitzen im Wesentlichen drei Widerstandsanteile: einen, der mit der Form des Flügelquerschnittes (Profil) zusammenhängt (Druckwiderstand), einen, der mit der Beschaffenheit der Oberfläche zusammenhängt (Reibungswiderstand) und den ► induzierten Widerstand (Kasten S. 164 und [4]). Letzterer hängt eng mit der Verteilung des Auftriebs über der Flügelspannweite und damit der Flügelumrissform zusammen. Da der induzierte Widerstand meist den Hauptanteil des vom Vogel erfahrenen Gesamtwiderstandes bildet, setzen sich im Laufe der Evolution Flügelformen durch, bei denen dieser minimiert ist. Dies ist auch der Grund, warum wir heute ganz bestimmte Grundformen von Flügelumrissen vorfinden. Grundsätzlich ist jede Auftriebserzeugung infolge des Druckunterschiedes zwischen Flügelober- und -unterseite und der daraus folgenden Ausgleichsströmung mit einer Wirbelbildung verbunden. Die hierdurch am Flügel abwärts gerichtete Strömungskomponente ist die Ursache des induzierten Widerstandes. Flügel, die besonders hohen Auftrieb erzeugen, besitzen demzufolge einen hohen induzierten Widerstand. So beträgt dieser beim Storch 75 Prozent des Gesamtwiderstandes, während er bei den Meeresseglern wie dem Albatros etwa 50 Prozent des Gesamtwiderstandes ausmacht (nach Daten von [2, 5]).

Da der Vogelflug die technische Entwicklung der Fliegerei zumindest in den Anfängen stark beeinflusst hat (siehe z. B. [6]), finden sich die natürlichen Flügelformen ansatzweise auch bei Flugzeugen wieder. Ingenieure haben sehr schnell herausgefunden, dass die von Flugsauriern und Vögeln entwickelten Flügelformen einen geringeren Luftwiderstand besitzen.

Zuspitzung verringert den Widerstand

Der Flügelumriss und besonders die Ausprägung der Spitze am Flügelende haben Einfluss auf den induzierten Widerstand und damit auf den Gesamtwiderstand. Das Flügel-

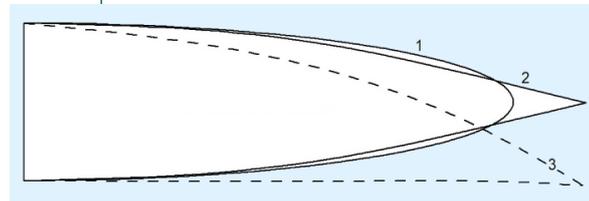
ABB. 2 | ENTWICKLUNGSFORMEN VON VOGELFLÜGELN


Strukturelle Ausprägungen des Vogelflügels, die die Flugeigenschaften beeinflussen können, sind a) Erhöhung der Schlankheit (Streckung) des Gesamtflügels, b) Erhöhung der Zuspitzung des Handflügels, c) Aufspaltung der Handschwingen, d) Vorwärts-/Rückwärtspeilung des Handflügels, e) Verdrehung (Schränkung) des Handflügels.

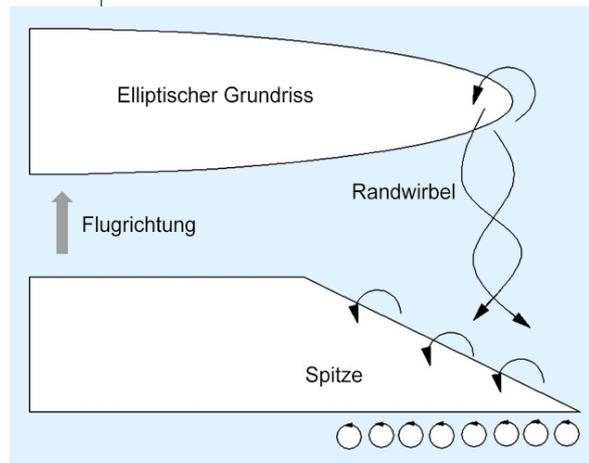
ende wird bei allen Vögeln von den äußeren Handschwingen gebildet. Die unterschiedliche Längen- und Breitenstaffelung war das entscheidende Werkzeug der Evolution, um unterschiedliche Formen hervorzubringen. Grundsätzlich können die folgenden geometrischen Parameter des Flügelumrisses beeinflusst werden (Abbildung 2): Verhältnis Flügellänge zu Breite (► Streckung), Zuspitzung und Pfeilung. Dazu kommt eine Verdrehung des Handflügels, die sogenannte Schränkung. Für die Zuspitzung des Flügelendes im Laufe der Evolution gibt es vermutlich einen gewichtigen Selektionsvorteil: die Verringerung des induzierten Widerstands, die wiederum einen Mobilitätsvorteil mit sich bringt.

In der Aerodynamik gilt die elliptische Auftriebsverteilung als diejenige mit dem geringsten induzierten Widerstand, sofern die Spannweite limitiert ist. Der zugehörige Flügel hat etwa Ellipsenform. Ist die Spannweite nicht limitiert, kann unter Konstanzhaltung der für Manövrier- und Festigkeitseigenschaften wichtigen Größen ► Wurzelbiegemoment und ► Massenträgheitsmoment (siehe Kasten S. 167) der induzierte Widerstand unter das Niveau des elliptischen Flügels gesenkt werden [7]. Die Evolution hat das Problem bereits seit Millionen von Jahren gelöst; das Ergebnis lautet: Zuspitzung des Flügelendes statt eines elliptischen oder kreisrunden Abschlusses. Mit der größeren Spannweite erfasst der Flügel einen größeren Luftquerschnitt und arbeitet dadurch effizienter, weil der induzierte Widerstand sinkt.

Das Massenträgheitsmoment des Flügels beeinflusst die Manövrierfähigkeit und ist dafür verantwortlich, wie schnell ein Vogel einen Richtungswechsel einleiten kann. Je größer das Trägheitsmoment, desto länger dauert das Einleiten einer Kurve. Das kann z. B. die Fähigkeiten bei

ABB. 3 | ZUSPITZUNG VERRINGERT WIDERSTAND


Im dargestellten Beispiel haben die Flügel 1, 2 und 3 das gleiche Wurzelbiegemoment bzw. Massenträgheitsmoment und die gleiche Grundfläche. Die Spannweite b vergrößert sich gegenüber der Ellipse (Flügel 1) infolge der Zuspitzung um 14%, die Streckung Δ um 29%. Gleichzeitig nimmt der induzierte Widerstand F_{Wi} um rund 10% ab. Die Rückwärtspeilung (Flügel 3) führt zu einer weiteren Reduzierung des induzierten Widerstandes.

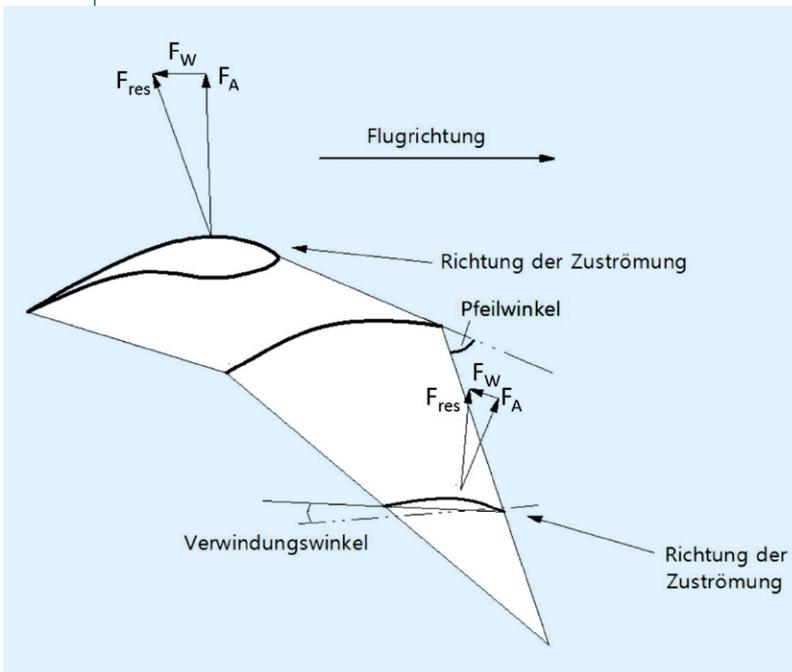
ABB. 4 | RANDWIRBEL VERSCHIEDENER FLÜGELFORMEN


Der elliptische Flügel erzeugt am Flügelende einen kräftigen Randwirbel. Der spitz auslaufende, zurückgepeilte Flügel (untere Grafik) wird von einer über die gesamte Handfläche ausgedehnten Wirbelschicht gefolgt, die schneller zerfällt als der konzentrierte Randwirbel des elliptischen Flügels [8]. Die Rückwirkung auf den Innenflügel, d. h. der dort erzeugte Abwind, ist im zweiten Fall geringer, was den induzierten Widerstand senkt.

IN KÜRZE

- Die Evolution hat bestimmte **charakteristische Flügelformen** hervorgebracht.
- Sie zielen meist auf die **Reduzierung des induzierten Widerstandes** ab.
- Erst die Widerstandsreduzierung ermöglicht **größere Reichweiten** und Migration.
- **Seevögel** besitzen schlanke, zugespitzte Flügel, **Landsegler** breite Flügel mit aufgefächerten Handschwingen.
- **Aerodynamische Berechnungen** bestätigen die Ergebnisse der Evolution hinsichtlich der Optimierung der Flügelformen.

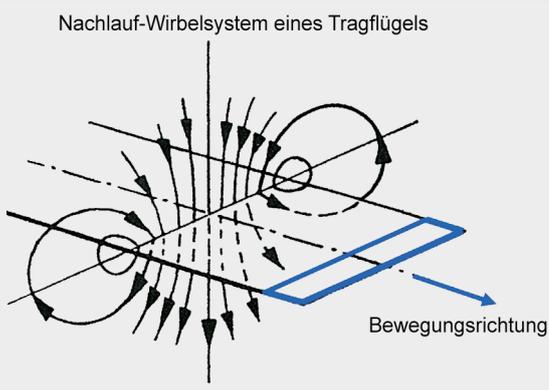
ABB. 5 | EFFEKTE DER PFEILUNG



Die Pfeilung führt zusammen mit der Zuspitzung zu einem steileren Anströmwinkel der Luft an der Flügelspitze. Der Außenflügel wird aufgrund der dort wirkenden Auftriebskraft F_A gegenüber dem Innenflügel verdreht, so dass Strömungsablösungen vermieden werden. Infolge der Verdrehung ergibt sich ein Gesamtkraftvektor F_{res} , der nach vorne gerichtet ist und einen Vortrieb erzeugt.

DER INDUZIERTER WIDERSTAND F_{wi}

Die sich am Tragflügel aufbauende Druckdifferenz (Oberseite: Unterdruck, Unterseite: Überdruck) führt zu Querströmungen mit Wirbelbildung. Am Flügelende beginnt infolge des dortigen Druckausgleichs ein kräftiger Wirbel (Randwirbel) und rollt sich hinter dem Flügel zusammen mit den Wirbelfäden des Innenflügels auf. Das Wirbelfeld im Nachlauf des Flügels (Abbildung) wirkt durch Induktion auf den davor liegenden Flügel und erzeugt dort vertikal gerichteten Abwind. Daraus resultiert der induzierte Widerstand F_{wi} (Erläuterung siehe auch [4]). In der Elektrodynamik entspricht dieses Phänomen der Selbstinduktion einer Spule.



der Jagd erheblich beeinflussen. Das Biegemoment an der Flügelwurzel ist für die Bruchfestigkeit entscheidend. Im Bereich der Flügelwurzel (Humerus-Knochen) hat es den höchsten Wert. Das Wurzelbiegemoment hängt von der Verteilung des Auftriebs entlang der Spannweite ab, das Massenträgheitsmoment von der Verteilung der Masse entlang der Spannweite. Da die Verteilung des Auftriebs und die Massenbelegung aus Gründen der Statik einen ähnlichen Verlauf entlang der Spannweite haben, kann man beides zusammen näherungsweise zu einem Optimierungskriterium zusammenfassen.

Im Laufe der Evolution kann nun beobachtet werden, dass sich die Spannweite infolge Zuspitzung so vergrößert hat, dass Massenträgheitsmoment und Wurzelbiegemoment nicht zunehmen (Abbildung 3). Auch die Flügelfläche bzw. der Gesamtauftrieb kann dabei konstant gehalten werden. Ein Optimum liegt nach [7] vor, wenn die Spannweite infolge Zuspitzung um rund 20 Prozent erhöht wird. Dabei sinkt der induzierte Widerstand um etwa 12 Prozent. Die „Materialkosten“ zur Erlangung dieses Widerstandsvorteils sind praktisch gleich Null, da nicht mehr Baumaterial verbraucht wird als beim elliptischen Flügel.

Einfluss der Pfeilung

Außer der Zuspitzung hat sich in der Evolution noch ein weiteres Merkmal zur Minimierung des Widerstandes entwickelt: die Rückwärtspeilung des Außenflügels (Abbildung 4). Die infolge Pfeilung und Zuspitzung entstehende Wirbelschicht ist ausgedehnt und zerfällt schneller als der kompakte Randwirbel des elliptischen Flügels. Zimmer [8] hat verschiedene Modellflügel mit Hilfe des Wirbelgitterverfahrens untersucht und kommt zu dem Ergebnis, dass Zuspitzung in Verbindung mit Pfeilung des Außenflügels den geringstmöglichen induzierten Widerstand liefert.

Der nach rückwärts gepfeilte Handflügel reduziert nicht nur den induzierten Widerstand, sondern er verwindet sich infolge der Luftkräfte. Die Verwindung ist notwendig, um Ablösungen der Strömung zu verhindern (Abbildung 5). Die Verwindung ist auch erforderlich, da die Zuströmung der Luft am gepfeilten Flügelende mit steilerem Winkel erfolgt als in der Flügelmitte. Die Verwindung ist vor allem im Abschlag deutlich ausgeprägt, wodurch sich an der Flügelspitze ein nach vorne gerichteter Kraftvektor F_{res} ergibt, der Vortrieb erzeugt. Bei zahlreichen Flugbildern findet man eine deutliche Verwindung des Außenflügels vor allem im Schlagflug. Auch im Gleitflug ist insbesondere bei Kurzflüglern bei hohen Auftriebswerten eine Verwindung des Handflügels beobachtbar (Abbildung 6). Dagegen zeigen z.B. Albatrosse mit ihren lang gestreckten Flügeln keine erkennbare Verwindung (Abbildung 7).

Land- und Meeressegler unter den Vögeln

Die Differenzierung der Flügelenden erfolgte evolutiv im Wesentlichen in zwei Richtungen: Land- und Meeressegler



ABB. 6 Gleitflug einer Küstenseeschwalbe (*Sterna paradisaea*). a) starke Zuspitzung verbunden mit Rückpfeilung des Außenflügels. b) Die Verwindung des Außenflügels wirkt einer Strömungsablösung bei hohem Auftrieb entgegen. Die Küstenseeschwalbe bewältigt die längste Zugstrecke unter den migrierenden Arten von der Arktis zur Antarktis und wieder zurück. Fotos: pjt56@ über Wikimedia Commons und iStock.



ABB. 7 Der Flügel des Wanderalbatros zeigt wegen der hohen Streckung im Bereich der Flügelspitze keine stärkere Verwindung. Foto: CanStock.

[2]. Diese adaptive Aufspaltung bringt Vorteile bei der Nutzung des jeweiligen Lebensraumes [9]. Meeres-Streckenflieger, wie der Wanderalbatros (Abbildung 8), besitzen – bezogen auf ihre Körperlänge – Flügel großer Spannweite mit spitzen, zurückgepfeilten Enden, wobei die Starteigenschaften des Vogels mit der großen Spannweite von über drei Meter problematisch sind und die Flügelgröße schon deswegen an Grenzen stößt. Auch bei migrierenden Kleinvögeln ist die Flügelgröße abhängig von der Zugentfernung. Fiedler [10] fand bei Mönchsgrasmücken (*Sylvia atricapilla*), dass sich Spannweite, Flügelstreckung und Zuspitzung mit zunehmender Zugstrecke verschiedener Populationen vergrößern.

Landsegler, wie der Storch (Abbildung 9), besitzen breite Flügel mit besonders viel Fläche und vermindern damit die flächenspezifische Belastung. Der Grund: Sie müssen bei der Nutzung der Thermik langsam fliegen und eng kreisen können, denn thermische Aufwinde haben in der Regel eine begrenzte Ausdehnung. Die unterste Ge-



ABB. 8 Wanderalbatros – hier der Laysanalbatros – sind typische Streckenflieger mit langgestreckten spitz nach hinten zulaufenden Flügelenden. Foto: iStock.



ABB. 9 Weißstorch (*Ciconia ciconia*) im Nestanflug mit abgespreiztem spitzem Daumenfittich (Alula). Auch die Handschwingen besitzen ausgeprägte Spitzen. Sie stellen für sich jeweils kleine Flügel dar, die ähnlichen Prinzipien unterliegen, wie sie für einen zugespitzten Gesamtflügel gelten. Foto: Heinrich Eder.

windigkeit eines Storches beim Thermikkreisen wurde mit nur 6,5 m/s (ca. 23 km/h) gemessen [11]. Mit der Flügelbreite wächst auch der induzierte Widerstand. Hier hält die Natur jedoch einen weiteren Trick bereit: die aufgefächerte Schwungfederkaskade, die den Randwirbel in kleine energiearme Wirbel auflöst [12]. Ein Storchflügel simuliert mit Hilfe der Kaskade einen rund 20 Prozent längeren Flügel, als es der natürlichen Spannweite entspricht – und das ohne Anstieg des Massenträgheitsmomentes und des Biegemomentes! Die Entwicklung der Kaskade stellt also einen Synergismus mit Mehrfacheffekten dar.

Flügelform bei Insekten

Hautflügel (*Hymenoptera*, *Planipennia*) und viele andere Insektenordnungen besitzen meist gerundete bzw. elliptisch geformte Flügelenden (Abbildung 10). Das hat mit ihrer Leichtbauweise zu tun: Eine mit einem verstärkten Rand aus Chitin umgebene Membran mit einer Dicke von wenigen Mikrometern ist mit einzelnen Adern durchzo-

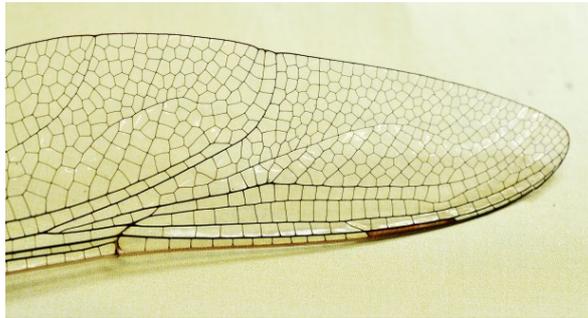


ABB. 10 Flügel der Mosaikjungfer (*Aeshna affinis*) mit elliptisch geformten Enden. Da Reibungs- und Druckwiderstand hier überwiegen, ist die Form des Flügelabschlusses zweitrangig und entspricht vorrangig den mechanischen Erfordernissen (Festigkeit, Formstabilität, Gewicht). Foto: Heinrich Eder.

gen, die die Biegesteifigkeit gewährleisten. Ein Insektenflügel muss verwindungsfähig sein, damit er sich beim Auf- und Abschlag verdrehen kann. Dies ist eine wesentliche Voraussetzung dafür, eine für die Auftriebserzeugung günstige ▶ Kinematik einzustellen. Die Membranbauweise mit einem festen Rand besitzt geringes Gewicht bei hoher Festigkeit. Von der Festigkeitslehre her wissen wir, dass Bogenformen ein Optimum darstellen – man vergleiche die Bogenkonstruktionen im Bauwesen und bei Brücken. Wegen der geringen ▶ Re-Zahl überwiegt der Reibungswiderstand der Luft, so dass die Form des Flügelabschlusses und damit der induzierte Widerstand hier nicht im Vordergrund stehen.

Vielfältige Flügelabschlüsse findet man bei Schmetterlingen. In der Regel besitzt der komplette Flügel eine ▶ Vorwärtspfeilung. Diese erhält man, wenn man die ▶ tragende Linie einzeichnet (Abbildung 11). Einzelne Arten bilden rückwärts gerichtete Fortsätze oder gezackte Flügelenden aus, ohne dass die funktionsmorphologische Bedeutung hier klar ersichtlich wäre (Abbildung 12).



ABB. 11 Kaisermantel (*Argynnis paphia*) mit Vorwärtspfeilung der tragenden Linie bei 25% der Flügeltiefe (die 25%-Linie wird in der Aerodynamik auch tragende Linie bezeichnet, entlang der man sich den Angriffspunkt des Auftriebs vorstellen kann). Foto: Heinrich Eder.

Abstrahierte Flügelformen und ihre Näherung bei Schmetterlingen und Vögeln

Im Folgenden werden die häufigsten Flügelabschlüsse und deren aerodynamische Bedeutung in Form von modellhaften Näherungen besprochen und der induzierte Widerstand berechnet. Die meisten in der Natur vorkommenden Flügelumrisse sind nicht eindeutig den schematisierten Umrissen nach Tabelle 1 zuzuordnen, sondern Mischformen.

Elliptischer Flügelabschluss (Typ A)

Eine elliptische bzw. runde Flügel-Abschlussform findet sich häufig bei Insekten. Die Handschwingen einiger nicht oder wenig wandernder Vögel bilden beim Gleitflug einen mehr oder weniger gerundeten Flügelabschluss (z. B. Spechte, Häher, Elster, Eulen). Diese Vögel müssen zur Nahrungssuche meist keine größeren Entfernungen überwinden. Auch Vögel, die im dichten Bewuchs jagen, besitzen diese Flügelform.

Schmetterlingstyp (Typ B)

Vorwärtspfeilung des Flügels findet man bei den meisten Schmetterlingen (Abbildung 11). Die funktionsmorphologische Bedeutung der Vorwärtspfeilung ist noch unklar. Der Grund könnte eine Vergrößerung der Flügelfläche bei limitierter Spannweite sein. Der vorgepfeilte Flügel ist besonders robust gegenüber Strömungsablösungen an der Flügelspitze, was gerade für den weitgehend verwindungsfreien Abschlag sehr günstig ist. Die Strömung reißt bei dieser Flügelgeometrie bei Überschreitung des Höchstauftriebes im Mittelbereich des Flügels eher ab als außen, d. h. die Fluglage bleibt auch bei sehr hohen Anströmwinden stabil. Zumindest in der Anfangsphase des Aufschlags kann ein Schmetterlingsflügel dagegen stark verwunden sein. Das ist eine Voraussetzung dafür, dass der Flügel auch beim schlagdynamisch problematischen Aufschlag förderliche Luftkräfte, d. h. möglichst viel Auftrieb er-



ABB. 12 Flügel eines Atlasspinners (*Attacus atlas*) mit Fortsätzen an den Spitzen. Die Schlangenkopf-ähnliche Zeichnung dient vermutlich der Abschreckung von Fressfeinden (Mimikri). Foto: iStock.

zeugt. Möglicherweise hängt die Flügelgeometrie auch mit dem „Gaukelflug“ zusammen, der den Tagfaltern eigen ist und der sie wohl vor Jägern schützen soll. Der erhöhte induzierte Widerstand der Vorwärtspeilung spielt wegen der geringen Re-Zahl hier keine große Rolle, da der Reibungswiderstand überwiegt.

Spitzer Flügelabschluss ohne Pfeilung (Typ C)

Spitz zulaufende Flügel ohne prononcierte Rückwärtspeilung, gelegentlich sogar mit Vorwärtspeilung, findet man bei manchen Vögeln, wie z. B. den Bienenfressern (*Merops apiaster*, Abbildung 13). Mit ihren spitz zulaufenden Flügelgeflossen können auch fliegende Fische beachtliche Strecken beim Gleiten über Wasser zurücklegen. Auch hier, im Bodeneffekt knapp über der Wasseroberfläche, wirkt sich die Zuspitzung durch die effektive Erhöhung der Streckung günstig aus. Der induzierte Widerstand spitz geformter Enden ist bei limitierter Spannweite und ohne Rückwärtspeilung allerdings etwas höher als bei der Ellipse (Tabelle 1). Wenn man das Massenträgheitsmoment bzw. das Wurzelbiegemoment als limitierende Bedingung ansetzt, kann – wie oben am Beispiel gezeigt wurde – durch Erhöhung der Spannweite der induzierte Widerstand reduziert werden. Damit wird dieser Nachteil kompensiert.

Rückwärtspeilung (Typ D und E)

Zurückgepeilte, spitze Flügelenden findet man z. B. bei Seevögeln wie Möwen und Albatrossen. Besonders ausgeprägt ist der gepfeilte, zugespitzte Außenflügel z. B. bei Fregattvögeln und Sturmtauchern. Der Widerstandsgewinn dieses Flügeltyps bezogen auf den induzierten Anteil liegt laut Messungen und Berechnungen von Zimmer [8] bei 5 bis 10 Prozent. Zusammen mit einer hohen Streckung des Flügels ergeben sich ► Gleitzahlen bis zu 18 wie z. B. beim Albatros (vergl. [2]). Hohe Gleitzahlen bedeuten große Streckengewinne, was z. B. dem Albatros bei der



ABB. 13 Bienenfresser (*Merops apiaster*) besitzen ein ausgeprägt zugespitztes Flügelende mit Vorwärtspeilung. Foto: iStock.



ABB. 14 Mauersegler (*Apus apus*) mit stark prolongiertem, zurückgepeiltem Außenflügel. Foto: iStock.

DAS MASSENTRÄGHEITSMOMENT I

Der Abstand r einer Masse m von einer Drehachse bestimmt das Massenträgheitsmoment I .

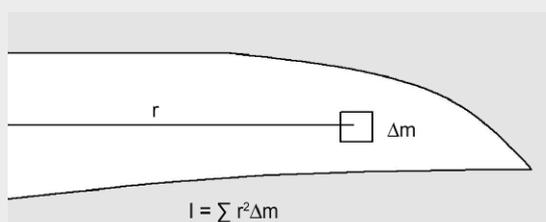
$$I = r^2 \cdot m$$

Das Gesamtträgheitsmoment erhält man durch Summation der Anteile $\Delta(m \cdot r^2)$ über die ganze Fläche.

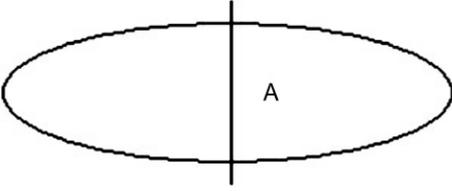
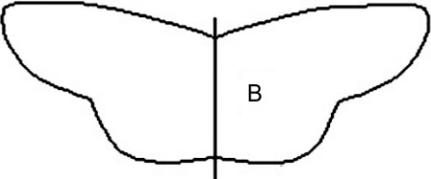
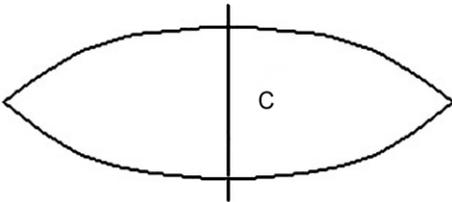
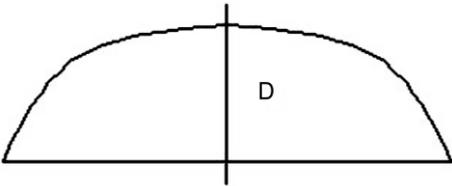
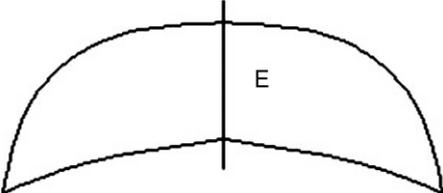
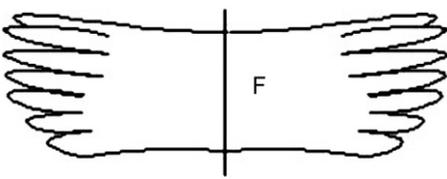
$$I = \sum r^2 \cdot \Delta m$$

Das Trägheitsmoment ist verantwortlich für die Trägheit einer rotierenden Masse. Ein hohes Trägheitsmoment erfordert eine große Kraft, um den Körper in Rotation zu versetzen. Besonders die von der Drehachse weit entfernten Massenanteile Δm erhöhen wegen des Abstandsquadrates r^2 das Trägheitsmoment.

Beispiel: Eine Eistanzerin verringert ihr Trägheitsmoment, indem sie die Arme und Beine an den Körper heranzieht, und rotiert dabei schneller. Streckt sie sie wieder aus, wird sie wieder langsamer. Für den Flügel bedeutet das: Ein leichter Außenflügel erleichtert Drehungen um alle Achsen und erhöht damit die Wendigkeit des Vogels.



TAB 1. FLÜGELFORMEN UND IHR EFFIZIENZFAKTOR k FÜR DEN INDUZIERTEN WIDERSTAND

Flügelumriss	Beispiele	k -Wert
	Netz-/Hautflügler (z. B. Libellen, Fliegen, Bienen usw.), Vögel (z. B. Elster, Specht, Eule, Kiebitz, Reiher)	1,0
	Schmetterlinge und andere Insekten	1,08
	Bienenfresser, fliegende Fische	1,03
	Tauben, Enten, Seevögel, Schwalben, Landsegler im Schnellflug	0,99
	Mauersegler, Seeschwalben, Fregattvögel, Falken	0,97
	Landsegler im Thermikflug (Störche, Adler, Geier, Kondore, Milane)	0,8 ¹⁾

¹⁾ Ergebnis aus Flugmessungen [5]. Fotos (von oben): Elster, Blauer Schreckenfaller, Bienenfresser, Mowe, Seeschwalbe, Rotmilan (iStock Foto, CanStock Foto, Jochen Fünfstück).

Futtersuche auf hoher See hilft, seinen Suchradius bis zu 1000 km und mehr auszudehnen. Nicht zuletzt verbessert die Pfeilform der Außenflügel die Richtungs- und die Längsstabilität. Aktive Korrekturen der Fluglage, die ja immer mit Widerstandszunahme einhergehen, sind weniger häufig nötig, was die Flugleistung zusätzlich verbessert.

Bei stärkerer Rückpfeilung des Außenflügels rückt das Prinzip des weit \blacktriangleright stromabwärts liegenden Randwirbels noch mehr in den Vordergrund, so dass die \blacktriangleright Induktionswirkung auf den Restflügel geringer ausfällt als bei moderater Pfeilung. Der induzierte Widerstand reduziert sich bei diesem Flügelumriss um rund 10 Prozent [8].



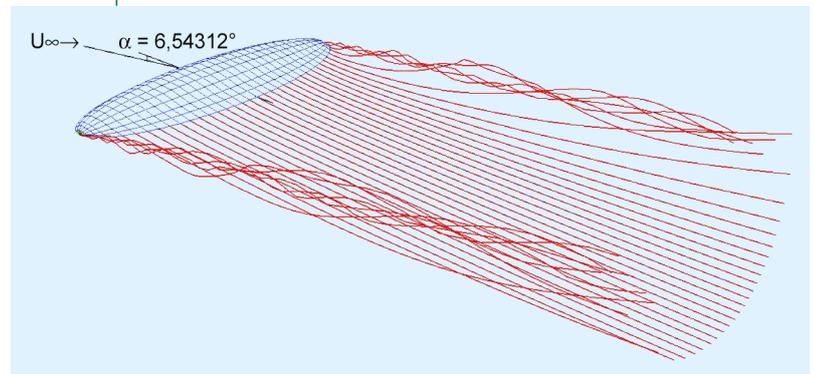
ABB. 15 Verteilung der Wirbelstärke hinter der Schwungfederkaskade eines Storches nach Windkanaluntersuchungen von [15]. Die Position der einzelnen Schwungfedern ist markiert. Von jeder Schwungfederspitze geht ein kleiner Randwirbel ab. Die Teilwirbel vereinigen sich nach zwei bis drei Spannweiten stromab wieder zu einem kompakten Wirbel. Foto: Institut für Aerodynamik, TU München.

Maximale Zurückpfeilung mit Zuspitzung des distalen Flügels findet man z. B. beim Mauersegler (*Apus apus*, Abbildung 14) bzw. dem sehr ähnlich aussehenden Fahlsegler (*Apus pallidus*). Diese Vögel verbringen ihr ganzes Leben überwiegend im Flug. Der sichelförmige Flügel mit der geringen Masse im Außenbereich gewährleistet auch eine extreme Wendigkeit beim Fang von Insekten. Auch Schwalben und Turmfalken (*Falco tinnunculus*) besitzen mit ihren spitzen, stark zurückgepfeilten Flügelenden eine hohe Wendigkeit, da das Massenträgheitsmoment trotz langer Außenflügel in Grenzen gehalten wird. Mehlschwalben zeigen mit ihren spitzen Flügeln eine erstaunliche Gleitflugfähigkeit. Oft werden bei der Insektenjagd mehrere Kreise ohne großen Höhenverlust im Gleitflug zurückgelegt.

Aufgefächerte, kaskadierte Flügelenden (Typ F)

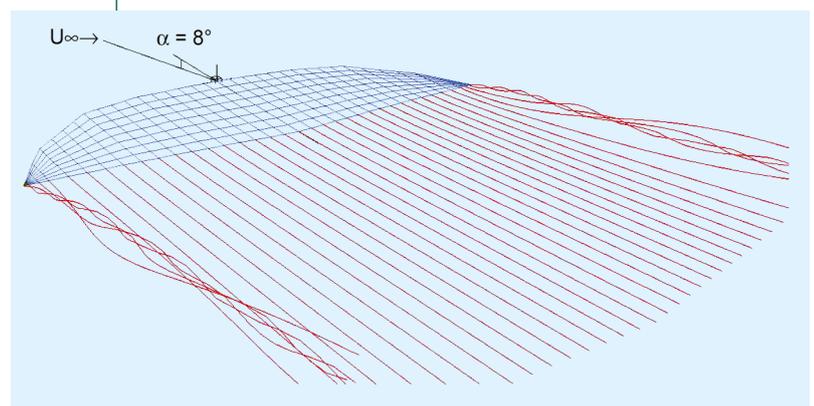
Die Auffächerung des Flügelendes im Gleit- bzw. Segelflug mittels höhengestaffelter (kaskadierter) Handschwungfedern findet man bei Landseglern wie Störchen (*Ciconia*), Milanen (*Milvus*), Geiern (*Gyps*) und Adlern (*Aquila*). Die migrierenden Arten legen beim Zug bis zu 10.000 km zurück und nutzen dabei meist thermische Aufwinde, Windscherungen, Wolkenaufwind und Hangaufwind entlang Gebirgsketten. Da thermische Aufwinde örtlich meist stark begrenzt sind, ist der Flügel für enges Kreisen ausgelegt. Das bedeutet, er muss viel Fläche bei einer begrenzten Spannweite besitzen. Die Streckung des Flügels Λ beträgt bei den Landseglern etwa 7, bei den Hochseeseglern dagegen bis zu 18. Da der induzierte Widerstand eines kurzen Flügels sehr hoch ist, stellt die Schwungfederkas-

ABB. 16 | RANDWIRBEL EINES ELLIPTISCHEN FLÜGELS



3D-Darstellung des Wirbelfeldes eines elliptischen Flügels. Im Nachlauf biegen immer mehr Wirbelfäden nach außen ab und vereinigen sich mit dem Randwirbel. Grafik: G. Ercolani.

ABB. 17 | RANDWIRBEL EINES GEPFEILTEN FLÜGELS



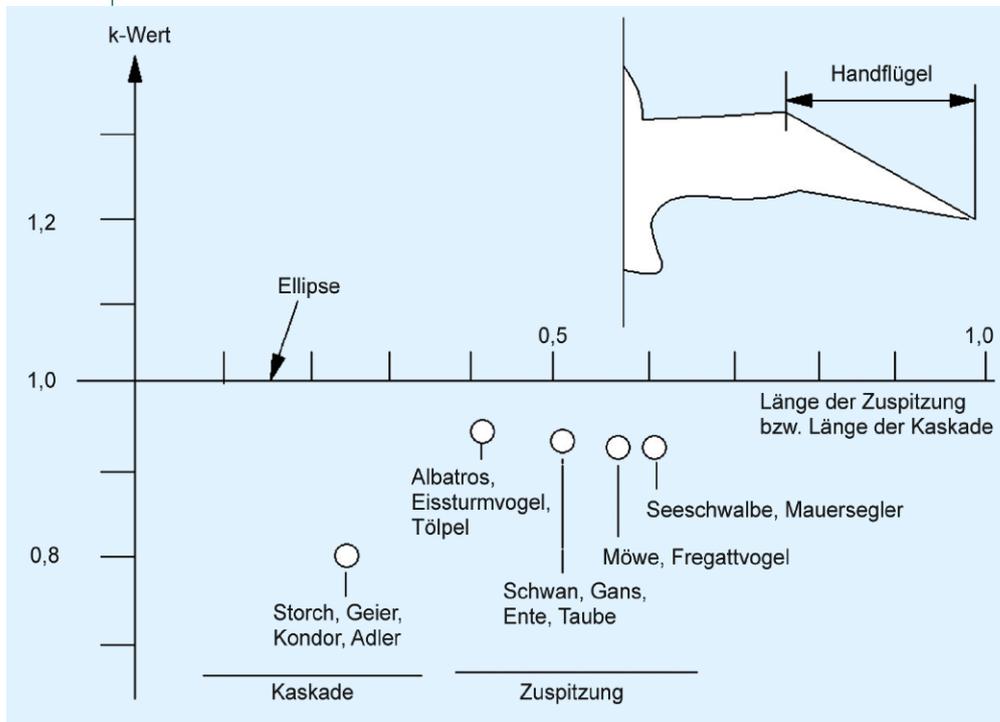
Wirbelnachlauf eines zurückgepfeilten Flügels (Typ D). Der Randwirbel ist hier deutlich schwächer ausgeprägt als bei der Ellipse. Dieser Flügeltyp zeigt mit $k = 0,97$ den geringsten induzierten Widerstand der berechneten Flügelformen. Grafik G. Ercolani.

kade einen Anpassungsvorteil dar. Nach Messungen an Störchen im freien Gleitflug [5] wird der induzierte Widerstand durch die Kaskadierung um mindestens 20 Prozent reduziert. Aerodynamische Berechnungen kommen zu einem ähnlichen Ergebnis [13]. Das Prinzip bei der Auffächerung lautet: Minimierung der Wirbelenergie. Von den wie kleine Tragflügel arbeitenden Schwungfedern geht jeweils ein kleiner Randwirbel ab. In der Summe wird ein energieärmeres Wirbelfeld erzeugt, als das bei einem geschlossenen Tragflügelende der Fall ist [14] (Abbildung 15). Des Weiteren liegt der Schwerpunkt der Wirbelstraße sehr weit außen bei ca. 90 Prozent der Halbspannweite [15], was auf einen geringen induzierten Widerstand hindeutet.

Berechnung für abstrahierte Flügelformen

Die Computersimulation mit dem Programm FLZ Vortex erfolgt nach dem Prinzip des Wirbelgitterverfahrens. Für die Berechnung des Wirbelfeldes wird der Flügel in einzelne

ABB. 18 | INDUZIERTER WIDERSTAND VON NATURFLÜGELFORMEN



Der Effizienzfaktor k für den induzierten Widerstand in Abhängigkeit von der Handflügelgröße [5, 8].

Elemente aufgeteilt. Je mehr Zellen, desto genauer wird die Berechnung. Hier wurde eine 36×8 Matrix (288 Elemente) verwendet. Alle Modellflügel wurden zum Zwecke der Vergleichbarkeit bei der Berechnung des induzierten Widerstandes auf eine Streckung von 4 normiert. Manche Flügel erscheinen deshalb stärker gedrunken als in der Natur.

Das Vortex-Programm berechnet für die von uns angenommenen, modellhaften Flügeltypen A-F den kompletten Nachlauf und den induzierten Widerstand. Die Ergebnisse der Simulation sind zahlenmäßig in Tabelle 1 und die grafischen Ergebnisse (exemplarisch) in den Abbildungen 16 und 17 dargestellt. Bezieht man die berechneten Widerstände F_{Wi} auf den induzierten Widerstand des Ellipsenflügels (F_{Wiell}), bekommt man einen Effizienzfaktor $k = F_{Wi}/F_{Wiell}$, $k = 1$ bedeutet, dass der induzierte Widerstand demjenigen der Ellipse (genauer der elliptischen Auftriebsverteilung) entspricht. Ein k -Wert unter 1,0 bedeutet einen geringeren Widerstand als derjenige der elliptischen Verteilung, ein größerer k -Wert einen größeren. Wie aus der Tabelle 1 hervorgeht, in der die berechneten k -Werte für die Modellflügel Typ A bis F zusammengefasst sind, zeigen zurückgepfeilte Flügelformen einen geringeren induzierten Widerstand.

Die Berechnungen an schematisierten Testflügeln dienen lediglich der Vergleichbarkeit. Reale Naturflügelformen berechnete der Aerodynamiker H. Zimmer im Rahmen seiner Dissertation mit Hilfe des Wirbelgitterverfahrens [8]. Die Ergebnisse für den Effizienzfaktor k in Abhängig-

keit von der Länge der Zuspitzung des Handflügels bzw. der Kaskade sind in Abbildung 18 dargestellt. Für die Schwunfederkaskade wurden die Messwerte von [5] herangezogen.

Einfluss der Zuspitzung beim Schlagflug

Beim Schlagflug herrschen andere Bedingungen als im Gleitflug. Der Auftrieb des Flügels bewegt sich beim Abschlag teilweise im oberen Grenzbereich, kurz bevor Strömungsablösung auftritt. Aerodynamisch gesehen ist auch hier eine Vergrößerung der Spannweite unter Einhaltung der zulässigen Biegemomente an der Flügelwurzel von Vorteil. Das heißt ein längerer Flügel erfasst ein größeres Luftvolumen und arbeitet deshalb effizienter. Der Widerstandsvorteil als Folge von Zuspitzung oder Kaskadierung des Außenflügels macht sich besonders beim Flügelabschlag bemerkbar, wo die Auftriebsbelastung maximal ist.

Zusammenfassung

Die Flugleistungen von Vögeln und Insekten hängen eng mit der Flügelform zusammen. Jeder auftriebsbelastete Flügel erzeugt Abwind, der unmittelbar auf ihn wirkt und der den induzierten Widerstand hervorruft. Die Evolution hat bestimmte Flügelformen hervorgebracht, die ein Minimum an induziertem Widerstand besitzen. Das verschafft z. B. den Vögeln Vorteile bei der Futtersuche, indem sich die Reichweite erhöht oder Migration ermöglicht wird. Seevögel zeichnen sich durch zugespitzte schlanke Flügel aus, während Landsegler dagegen breite Flügel mit Auffächerung der Handschwingen besitzen. Jede Flügelform scheint bezogen auf den Lebensraum des Individuums ein Optimum darzustellen. Mit den heutigen mathematischen Methoden können die Ergebnisse der Evolution voll bestätigt werden.

Summary

Wingtips – shape and significance

Flight performance of birds and insects is closely related to wing shape. Each lift-loaded wing generates a downwash that acts directly on it, causing induced drag. Evolution has produced specific wing shapes that have a minimum of induced drag. This provides advantages for the birds in foraging, for example, by increasing the range, or allows migration. Seabirds are characterized by pointed, slender wings, while land gliders have broad wings with fanned out hand wings. Each wing shape seems to be an optimum in relation to the habitat of the individual. With today's mathematical methods, the results of evolution can be fully confirmed.

Schlagworte:

Flugleistung, Flügel-Zuspitzung, Flügelpfeilung, induzierter Widerstand.

Nomenklatur:

F_A Auftrieb (N), F_W Widerstand (N), F_{Wi} induzierter Widerstand (N), A : Flächeninhalt (m^2), b : Spannweite (m), I : Massenträgheitsmoment ($kg \cdot m^2$), Λ : Streckung

Danksagung:

Die Autoren danken Herrn Dott. Informatiker G. Ercolani für die Durchführung der Berechnungen mit dem FLZ Vortex Programm.

GLOSSAR

Gleitzahl: Verhältnis der zurückgelegten Gleitflugstrecke zur Ausgangshöhe.

Induzierter Widerstand: Die Druckverhältnisse am Tragflügel erzeugen ein Wirbelfeld, das auf den Flügel zurückwirkt und dort Abwind erzeugt. Dies ist die Ursache für einen Zusatzwiderstand, den so genannten induzierten Widerstand (siehe auch Kasten S. 164).

Induktionswirkung: Fernwirkung eines Strömungsfeldes auf entferntere Bereiche. Luftwirbel können (ähnlich wie Magnetfelder) nach dem Gesetz von Biot-Savart in entfernteren Bereichen Geschwindigkeiten induzieren.

Effizienzfaktor k : Der k -Wert gibt an, wie das Verhältnis des induzierten Widerstandes bezogen auf die elliptische Auftriebsverteilung ist. $k < 1$ bedeutet einen kleineren, $k > 1$ einen größeren induzierten Widerstand als derjenige der elliptischen Auftriebsverteilung.

Kinematik: Das Gebiet der Mechanik, in dem die Bewegung von Körpern rein geometrisch mit den Größen Ort, Zeit, Geschwindigkeit und Beschleunigung beschrieben wird (Definition nach Wikipedia).

Massenträgheitsmoment: Das Massenträgheitsmoment (siehe auch Kasten S. 167) setzt einer beschleunigten Drehbewegung einen Widerstand (Beschleunigungskraft) entgegen. Gleiches erfolgt bei einer beschleunigten geradlinigen Bewegung einer Masse (Newtonsches Gesetz).

Re-Zahl (Reynoldszahl): Sie entspricht dem Verhältnis Trägheitskraft/Reibungskraft. Verschiedene Strömungszustände mit gleicher Re-Zahl sind vergleichbar (Reynoldsches Ähnlichkeitsgesetz).

Rückwärts-/Vorwärtspfeilung: Verläuft das Flügelende schräg nach hinten, spricht man von Rückwärtspfeilung. Entsprechend verläuft bei Vorwärtspfeilung das Flügelende schräg nach vorn.

Streckung Λ : Verhältnis Spannweite b zu mittlerer Flügeltiefe. Für beliebige Flügelformen wird die Formel $\Lambda = b^2/A$, b : Spannweite (m), A Flügelfläche (m^2) verwendet.

stromabwärts, stromaufwärts: Punkt im Strömungsfeld hinter/vor dem Flügel.

Tragende Linie: Modellhaft kann man sich vorstellen, dass der Auftrieb eines Flügels entlang einer virtuellen Linie angreift: der tragenden Linie. Sie verläuft in 25 Prozent der Flügelhöhe.

Wurzelbiegemoment: Das an der Basis (Einspannstelle) eines Flügels vorhandene Biegemoment. Es entspricht der Summe aller Kräfte, multipliziert mit dem jeweiligen Abstand von der Einspannstelle.

Literatur

- [1] W. Fiedler et al. (2018). Die Vögel Mitteleuropas im Flug bestimmen. Quelle & Meyer, Wiebelsheim.
- [2] K. Herzog (1968). Anatomie und Flugbiologie der Vögel, G. Fischer, Stuttgart.
- [3] P. Wellenhofer (1983). Solnhofener Plattenkalk: Urvögel und Flugsaurier, Freunde des Museums Solnhofener Aktien-Verein e.V.
- [4] H. Eder (2017). Bionik der Flugfeder. Biol. Unserer Zeit 1/47, 54–59.
- [5] H. Eder H et al. (2015). Evaluation of aerodynamic parameters from infrared laser tracking of free-gliding white storks. J Ornithol 156, 667–677.
- [6] O. Lilienthal (1910). Der Vogelflug als Grundlage der Fliegekunst. Oldenburg München und Berlin.
- [7] L. Prandtl (1933). Über Tragflügel kleinsten induzierten Widerstandes. Zeitschrift für Flugtechnik und Motorluftschiffahrt Nr. 11(24).
- [8] H. Zimmer (1983). Die Aerodynamische Optimierung von Tragflügeln im Unterschallgeschwindigkeitsbereich und der Einfluss der Gestaltung der Flügelenden. Dissertation Institut für Aerodynamik und Gasdynamik Universität Stuttgart.
- [9] G. Rüppell (2003). Die Eroberung des Luftraumes. Biol. Unserer Zeit 4/33, 231–243.
- [10] W. Fiedler (2005). Ecomorphology of External Flight Apparatus of Blackcaps (*Sylvia atricapilla*) with Different Migration Behaviour. Ann. N. Y. Sci 1046, 253–263.
- [11] H. Eder et al. (2016). Das Geheimnis des Storchensflugs. Biol. Unserer Zeit 2/46, 106–112.
- [12] H. Eder (2019). Die Bionik der Schwungfederkaskade. Biol. Unserer Zeit 1/49, 68–72.
- [13] D. Hummel (1980). The aerodynamic characteristics of slotted wingtips in soaring birds. 17th Int. Ornithology Congress, Berlin.
- [14] U. Küppers, I. Rechenberg (1983). Randwirbelaufteilung durch aufgefächerte Flügelenden VDI Fortschrittsberichte Reihe 7, Nr. 81, ISSN 0341–1753.
- [15] X. Pascoe (2009). Nachlaufvermessungen eines Storchensflügels, Semesterarbeit am Lehrstuhl für Aerodynamik und Fluidmechanik der TU München.

Verfasst von:



Dr. Heinrich Eder, Studium der Physik und Medizintechnik an der TU München, Wissenschaftliches Interesse: Bionik des Fliegens, Muskelkraftflug. Seit 2009 Zusammenarbeit mit dem Max Planck Institut für Ornithologie (jetzt: MPI of Animal Behavior), Radolfzell.



Prof. Dr. Werner Nachtigall, Studium der Biologie und Physik mit Schwerpunkt Aerodynamik an der LMU und der TU München. Leitete das Zoologische Institut der Universität des Saarlands 1968 bis 1992. Forschungsschwerpunkt Bewegungsphysiologie.

Korrespondenz:

Dr. Heinrich Eder
Am Stadtpark 43
81243 München
Email: Eder-h@arcor.de

Charaktervogel karger Landschaften

Der Steinschmätzer

HANNES PETRISCHAK | RALF DONAT | JÖRG FÜRSTENOW | PETER NITSCHKE

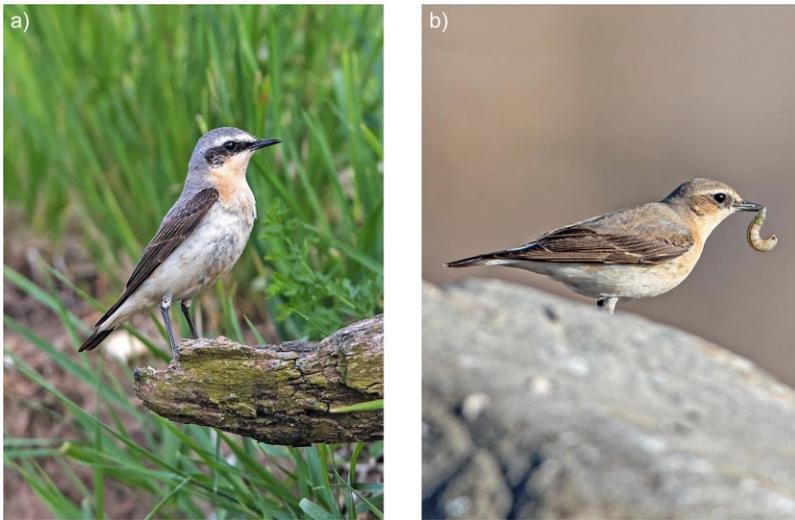


ABB. 1 a) Steinschmätzer-Männchen im Prachtkleid. b) Steinschmätzer-Weibchen mit erbeuteter Raupe. Fotos: Ralf Donat.

In Deutschland ist der Steinschmätzer vom Aussterben bedroht. Zu seinen letzten Rückzugsgebieten zählen ehemalige Truppenübungsplätze und Bergbaufolgelandschaften. Von gezielten Maßnahmen zum Erhalt von Brutplätzen und Nahrungsgründen kann er stark profitieren. So präsentiert er beispielsweise in einigen brandenburgischen Schutzgebieten noch sein auffälliges Verhalten.

Auf den ersten Blick zählt der Steinschmätzer (*Oenanthe oenanthe*) nicht zu den spektakulärsten Arten der heimischen Vogelwelt. Mit rund 15 Zentimeter Länge ist er ein mittelgroßer Vertreter der Fliegenschnäpper (Familie Muscicapidae), zu denen unter anderem so bekannte Arten wie Rotkehlchen, Nachtigall und Hausrotschwanz zählen. Der Steinschmätzer ist hingegen fast nur ornithologischen Insidern vertraut, was mittlerweile auch seiner Seltenheit geschuldet ist. Allerdings hat er in Gestalt, Verhalten und Verbreitung viele bemerkenswerte Eigenhei-

ten vorzuweisen. Deshalb ist sein fortschreitendes Verschwinden aus unseren Landschaften und damit auch aus der Wahrnehmung vieler Menschen besonders bedauerlich. Er steht außerdem stellvertretend für den dramatischen Niedergang fast aller Vogelarten der offenen Kulturlandschaft – Feldlerche (*Alauda arvensis*), Kiebitz (*Vanellus vanellus*), Braunkehlchen (*Saxicola rubetra*) und Brachpieper (*Anthus campestris*) sind prominente Beispiele.

Das hervorstechendste Merkmal des Steinschmätzers ist die schwarze Gesichtsmaske, die als breiter schwarzer Streifen in Höhe der Augen verläuft, oberseits begrenzt durch einen hellen Überaugenstreif. Beim Weibchen ist die dunkle Maske schwächer ausgeprägt, kürzer und manchmal auch nur angedeutet. Im Prachtkleid unterscheiden sich beide Geschlechter auch sonst: Scheitel, Nacken und Rücken des Männchens sind grau gefärbt, die Flügel schwarz, der Bauch weiß; Kehle und Brust tragen eine mehr oder weniger deutliche gelbliche Tönung (Abbildung 1a). Die Weibchen sind insgesamt stärker braun gefärbt: der Rücken graubraun, die Flügel dunkelbraun, Gesicht, Kehle und Brust hellbraun (Abbildung 1b). Allerdings verblassen das Braun der Weibchen und das Gelb an der männlichen Kehle im Laufe der Brutzeit oft. Nach der sommerlichen Mauser erscheinen beide Geschlechter einander sehr ähnlich im braunen Schlichtkleid – nur das kräftigere Schwarz der Flügel und der Maske kennzeichnen dann die Männchen. Der Steinschmätzer trägt also viele Kleider. Ein Merkmal ist allerdings in allen Fällen charakteristisch: Die Schwanzfedern bilden ein schwarzweißes Muster mit einer schwarzen Endbinde, die zusammen mit einem schwarzen Längsstreifen in der Mitte ein umgedrehtes „T“ formt. Dies wird im Flug sichtbar und hilft bei der Bestimmung [1].

Rekordverdächtig: Verbreitung und Zugrouten

Die Gesamtverbreitung des Steinschmätzers umfasst ein außergewöhnlich großes Areal: Es reicht von den arktischen Küstenregionen im Nordosten Kanadas über Grönland und nahezu ganz Europa durch das nördliche und mittlere Asien bis nach Alaska und in den äußersten Nordwesten Kanadas hinein. Die Brutgebiete liegen stets in offenem Gelände mit niedriger oder karger Vegetation, also beispielsweise in Tundren, im Gebirge über der Waldgrenze, in Dünen, an steinigen Hängen, in sandigen Hei-

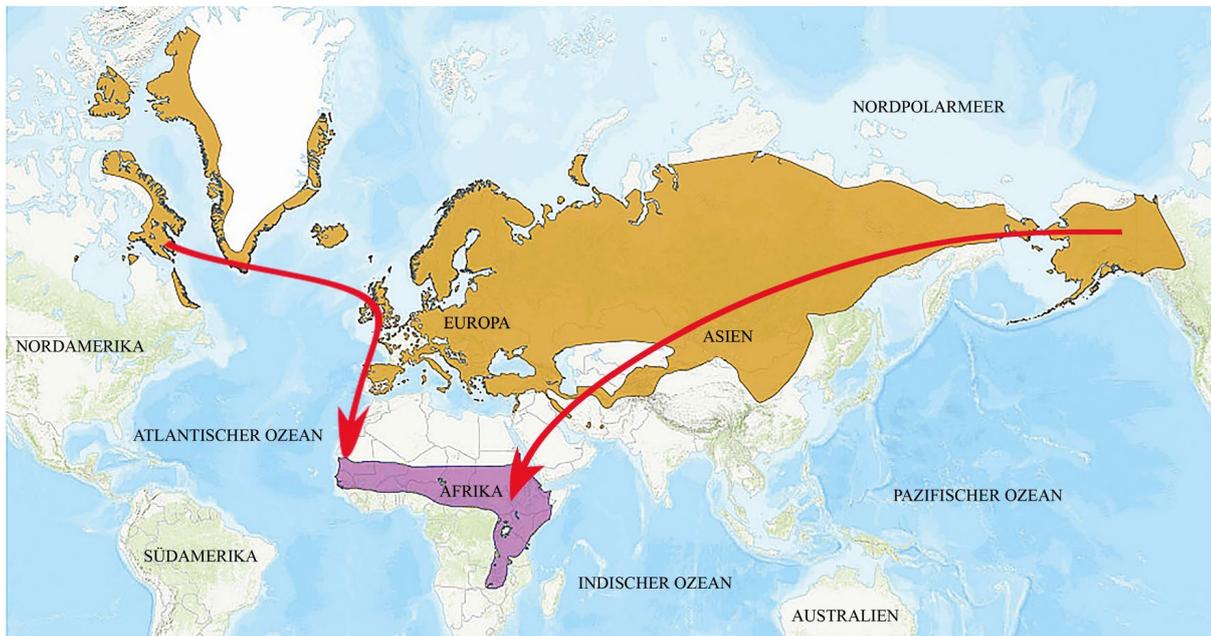


ABB. 2 Das riesige Brutgebiet (gelb) des Steinschmätzers umspannt fast die ganze Nordhalbkugel, das Überwinterungsgebiet (violett) liegt in Afrika südlich der Sahara. Die Zugrouten im Herbst (rot) führen aus dem arktischen Nordosten Kanadas über den Atlantik, aus Alaska hingegen durch Asien – und im Frühjahr wieder auf dem gleichen Weg zurück. Quelle der Verbreitungskarte: BirdLife International and Handbook of the Birds of the World 2018; Zugrouten nach [3].

den, in Kies- und Sandgruben, auf Kahlschlägen, auf Abraumhalden, in extensiv genutztem Kulturland und in Weinbergen. Wichtig sind Spalten, Nischen oder Höhlen als Nistplätze. Alle Steinschmätzer überwintern in Afrika südlich der Sahara vorwiegend in der Trocken- und Feuchtsavanne [2]. Mit Hilfe von Geolokatoren konnten die sehr unterschiedlichen Zugwege der Steinschmätzer aus Nordamerika belegt werden: Von Alaska aus ziehen die nur 25 Gramm schweren Vögel quer durch Sibirien, Zentralasien und über die Arabische Halbinsel nach Ostafrika. Dabei legen sie eine Strecke von knapp 15.000 Kilometern zurück. Die Vögel aus dem nordöstlichen Kanada überqueren hingegen den Atlantik und ziehen an der Westküste Europas nach Süden ins westliche Afrika (Abbildung 2). Die Zugrouten der nearktischen Steinschmätzer beruhen offensichtlich auf der nacheiszeitlichen Ausbreitung in ihre heutigen Brutgebiete [3].

In Mitteleuropa war der Steinschmätzer in historischer Zeit ein weit verbreiteter Brutvogel. Das belegt nicht zuletzt die Vielzahl volkstümlicher, teils regionaltypischer Synonyme wie Steinquäker, Steinklatsche, Steinrutscher, Weißschwanz, Weißkehlchen, Weißbrüstli, Gelbbrüstiger Fliegenvogel, Bleckstert, Plättenhucker oder Sommervogel [4].

Historie des Niedergangs in Deutschland

Ideal waren die Lebensbedingungen für den Steinschmätzer im 18. Jahrhundert, in der Zeit der geringsten Waldfläche und der größten Nährstoffarmut der Böden. Die intensive (Über-)Nutzung der Landschaft in Verbindung mit der

Waldweide sowie der traditionellen Dreifelderwirtschaft mit ihren Brachäckern führte zu einem kargen, lichten und strukturreichen Landschaftsbild.

Bereits ab 1870 wurde jedoch der beginnende kontinuierliche Rückgang des Steinschmätzers registriert. Dies beruhte schon damals auf dem Wandel der Landnutzung: Brachflächen nahmen aufgrund des zunehmenden Anbaus von Futterpflanzen ab, der wiederum die zunehmende

IN KÜRZE

- Seit dem 19. Jahrhundert ist ein **kontinuierlicher Rückgang des Steinschmätzers in Deutschland** zu verzeichnen, bedingt durch den Wandel von einer nährstoffarmen, übernutzten, vorwiegend kargen Landschaft zu nährstoffreicheren Verhältnissen. Dieser Trend beschleunigte sich im Zuge der Industrialisierung der Landwirtschaft ab 1960.
- Mittlerweile gilt der Steinschmätzer als Brutvogel in Deutschland als **vom Aussterben bedroht** mit maximal rund 3.000 Brutpaaren. Er ist weitgehend auf Sonderstandorte zurückgedrängt. Eine bedeutende Rolle spielen **Truppenübungsplätze und Bergbaufolgelandschaften**.
- In **Sielmanns Naturlandschaften in Brandenburg** wird der Steinschmätzer erfolgreich durch den **Erhalt extensiv genutzten Offenlandes und die Anlage von Steinhäufen** geschützt. Dies geschieht im Rahmen von Kompensationsmaßnahmen, Vertragsnaturschutz und investiven Förderprogrammen. Dadurch stabilisieren sich die Populationen und tragen insbesondere in der Döberitzer Heide zu **eindrucklichen Naturerlebnissen** bei.

Stallhaltung der Rinder begünstigte. Die Viehbestände nahmen außerdem teils drastisch ab, etwa in der Schafhaltung nach dem Verfall des Wollpreises. Zudem wurde die Mineraldüngung eingeführt. Im Zuge der Flurbereinigung verschwanden viele kleinräumige Strukturen, Ödflächen wurden in Ackerland umgewandelt. Kohle löste Holz als Brennstoff ab; durch Aufforstungen nahm die Waldfläche allmählich wieder zu. Der Weinbau wurde in Teilen Deutschlands eingestellt. Auch die Beseitigung von Lesesteinhaufen, die zunehmend als Baumaterial genutzt wurden, und die Rekultivierung kleiner Steinbrüche wirkten sich negativ aus. Positiv war zwar die Entstehung von zahlreichen neuen Sonderstandorten im Umfeld neuer Bahnstrecken und Industrieanlagen, aber bereits zu Beginn des 20. Jahrhunderts war der Steinschmätzer nicht mehr großflächig verbreitet [5].

Danach setzte sich der Niedergang der Bestände fort, noch einmal erheblich beschleunigt durch die Industrialisierung der Landwirtschaft seit etwa 1960. Zwischenzeitlich, in der Nachkriegszeit, war der Steinschmätzer allerdings in den Trümmerlandschaften Berlins ein vertrauter Anblick [6]. Heute bieten große innerstädtische Brachflächen letzte Rückzugsorte in Berlin, stehen aber unter dem Druck der Nachverdichtung [7]. Andere Lebensräume auf Zeit sind oder waren abgetorfte Moore in Nordwestdeutschland, wo Steinschmätzer in den trocknenden Torfsodenstapeln Nistplätze finden – diese möglichst durch Steinhaufen zu ersetzen, ist ein sinnvoller Schritt nach dem Ende des Torfabbaus [8].

Das Aussterben droht

In der Roten Liste der Brutvögel Deutschlands wird der Steinschmätzer als vom Aussterben bedroht (Kategorie 1)



ABB. 3 Die alten Bunkeranlagen in der Döberitzer Heide sind beliebte Brutplätze des Steinschmätzers. Die Beweidung mit Ziegen und Schafen, aber auch mit verschiedenen Rindern und Koniks dient der Offenhaltung der Landschaft. Foto: Peter Nitschke.

geführt. Auf der Basis der Daten bis zum Jahr 2016 existieren bundesweit nur noch 2.000 bis 3.100 Brutreviere. Als Hauptursache für den drastischen Rückgang wird die Eutrophierung der Landschaft mit Stickstoff genannt, einhergehend unter anderem mit der Aufgabe von Nutzungen wie der extensiven Weidewirtschaft, mit der Rekultivierung und Aufforstung von Heiden sowie der Sukzession auf Truppenübungsplätzen [9]. Der rasante Niedergang drückt sich in Vergleichszahlen aus: Im Jahr 1980 gab es rund 23.000 [6], in den 1990er Jahren nur noch bis zu 13.000 Brutpaare [2].

Ähnlich verhält es sich auf regionaler Ebene. Auch in Brandenburg, das mit einem Anteil von rund 20 Prozent an den bundesweiten Beständen eine vergleichsweise hohe Verantwortung für den Erhalt der Art in Deutschland hat, ist der Steinschmätzer mit nur noch maximal 450 Brutrevieren vom Aussterben bedroht – Mitte der 1990er Jahre lag die Zahl allein in diesem Bundesland noch bei 2.000 bis 4.000 besetzten Revieren. In der Agrarlandschaft und im Siedlungsbereich ist der Steinschmätzer hier bereits weitgehend ausgestorben. Schwerpunkte liegen aktuell auf ehemaligen Truppenübungsplätzen und in der Bergbaufolgelandschaft, wo aber aufgrund des zunehmend dichten Bewuchses auch teils starke Rückgänge zu verzeichnen sind [10].

Refugien im Gefolge von Panzern und Granaten

Ein solcher ehemaliger Truppenübungsplatz mit einem bedeutsamen Steinschmätzer-Vorkommen ist die Döberitzer Heide. Sie liegt gerade einmal einen Kilometer Luftlinie von der westlichen Stadtgrenze Berlins entfernt. Hier hat sich in rund 300 Jahren militärischer Nutzung des ehemals etwa 6.000 Hektar großen Truppenübungsplatzes „Döberitz“ eine Landschaft von hohem naturschutzfachlichen Wert entwickelt und erhalten. Es entstand ein Mosaik weitgehend unzerschnittener Lebensräume mit Trockenrasen, Heiden, Mooren, Laubmischwäldern, Feuchtwiesen, Röhrichtern und Gewässern, Flugsandfeldern und Binnendünen, die viele, teilweise sehr seltene Tier- und Pflanzenarten beheimaten. Seit dem Jahr 2004 befinden sich rund 3.600 Hektar als Sielmanns Naturlandschaft Döberitzer Heide im Eigentum der Heinz Sielmann Stiftung [11, 12].

Vor allem die intensive militärische Nutzung des 20. Jahrhunderts beeinflusste die ökologische Ausstattung des Gebietes entscheidend. Diese bildete die Grundlage zum Schutz und zur Ausweisung des Areals als Naturschutz-, Fauna-Flora-Habitat- und Vogelschutzgebiet. Eine weitgehend unterbliebene forstwirtschaftliche Nutzung, mechanischer Bodenabtrag durch Kettenfahrzeuge sowie zahlreiche Brände und Explosionen führten zur Entstehung großer Offenflächen und bewahrten vergleichsweise nährstoffarme Verhältnisse.

Viele andernorts vollständig verschwundene Arten profitierten von diesen Effekten. So fand auch der Stein-

schmätzer in den alten, teils zerstörten Militärgebäuden Unterschlupf und auf dem direkt angrenzenden niedrigwüchsigen, offenen Grasland seine Nahrung. Die gesprengten Bunker der NS-Zeit waren schon zu Zeiten des aktiven Truppenübungsplatzes bevorzugte Brutplätze für den seltenen Vogel. Nachdem die militärische Nutzung Anfang der 1990er Jahre mit dem Abzug des russischen Militärs eingestellt wurde, galt es, die Lebensbedingungen für Steinschmätzer und viele weitere seltene Arten, die hier ihr Rückzugsgebiet gefunden hatten, langfristig zu erhalten. Dies sollte im Falle des Steinschmätzers aus einer Kombination von künstlichen Nisthilfen wie Lesesteinhaufen bei gleichzeitigem Erhalt des Offenlandes ermöglicht werden.

Artenschutzmanagement: Offenland und Steinhaufen

Ein wichtiger Beitrag ist die Bestandssicherung von alten Gebäuden. Rund 40 mehr oder weniger gut erhaltene Bunker (Abbildung 3) existieren heute noch auf der Döberitzer Heide. Diese und einige weitere Bauwerke (beispielsweise ehemalige Kasernen) und deren Umfeld werden vom Steinschmätzer sowie anderen Höhlen- und Halbhöhlenbrütern genutzt. Der Steinschmätzer brütet aber auch häufig in weiteren Kleinstrukturen wie Kabelschächten und Baumstämmen. In den 1990er Jahren fanden zahlreiche Abriss- und Rückbaumaßnahmen von alten Kasernenanlagen in der Döberitzer Heide statt. Dabei kam es zur Errichtung zahlreicher Steinhügel, die ideale Nistplätze darstellen. In den letzten knapp 20 Jahren wurden außerdem über 60 Lesesteinhaufen neu angelegt (Abbildung 4a). Die Finanzierung dieser Artenschutzmaßnahmen erfolgte zunächst teils über Spendeneinnahmen der Stiftung, teils über Vertragsnaturschutzmittel des Landes Brandenburg oder auch im Rahmen von naturschutzfachlicher Kompensation, beispielsweise zum Ausgleich von Baumaßnahmen in Potsdam.

Von besonderer Bedeutung in diesem Zusammenhang sind eingeworbene Fördermittel im Umfang von mehreren Millionen Euro von Bund, Land und Europäischer Union aus der „Gemeinschaftsaufgabe zur Verbesserung der Agrarstruktur und des Küstenschutzes“ (GAK) und dem Stadt-Umland-Wettbewerb (SUW, Potsdam und Umgebung). Die Heinz Sielmann Stiftung lässt seit dem Jahr 2017 mit Hilfe dieser Mittel großflächig zugewachsenes Offenland – Heiden, Sandtrockenrasen, Binnendünen, magere Flachland-Mähwiesen, Pfeifengraswiesen – auf den munitionsbelasteten Flächen wiederherstellen (Abbildung 4b). Allein im Rahmen dieser Projekte wurden 35 Steinhügel angelegt. Die laufende und künftige Offenhaltung der Flächen durch Beweidung oder Mahd ist durch Vertragsnaturschutzmittel gewährleistet. Erfahrungswerte aus Kompensationsmaßnahmen zeigen übrigens, dass für den Steinschmätzer pro Brutrevier 1–2 Hektar Offenland als Nahrungshabitat anzusetzen sind (Abbildung 4c).



ABB. 4 Maßnahmen zur Förderung des Steinschmätzers in der Döberitzer Heide. a) Anlage eines Steinhaufens. b) Um zugewachsenes Offenland wiederherzustellen, werden Büsche und junge Bäume entfernt. Diese Tätigkeiten müssen auf dem ehemaligen Truppenübungs Gelände durch Munitionssondierungen begleitet werden und sind daher recht aufwendig. c) Nach den investiven Maßnahmen in der Döberitzer Heide zeigt sich dieser Landschaftsausschnitt idealtypisch für den Steinschmätzer: Kurze, lückige Vegetation, sandige Rohbodenstellen, Sitzwarten und als Nistplatz ein Steinhaufen. Fotos: Jörg Fürstenow.



ABB. 5 Da der Steinschmätzer wie dieses Männchen gern Zaunpfähle als Warten nutzt, ist er in der Döberitzer Heide ein häufiger Wegbegleiter. Foto: Hannes Petrischak.



ABB. 7 Junge Steinschmätzer tragen nach dem Ausfliegen noch einige Wochen lang ein braungeflecktes Jugendkleid. Foto: Hannes Petrischak.

Die Bestandsentwicklung des Steinschmätzers belegt, dass alle diese Maßnahmen sehr notwendig und glücklicherweise auch erfolgreich sind. Zum Ende der militärischen Nutzung im Jahr 1992 wurde der Bestand auf etwa 200 Brutpaare geschätzt. Der Verlust wertvollen Offenlandes durch die natürliche Sukzession machte sich schnell bemerkbar. 1997 soll es noch rund 70 Brutpaare gegeben

haben [13]. Im Jahr 2002 wurden nur 26 Reviere ermittelt [14], bis 2016 sank der Bestand auf 20 Reviere [15]. Aktuell haben sich die Bestände auf den besiedelten Flächen stabilisiert, die Gefährdungen und Beeinträchtigungen werden aufgrund der extensiven Beweidung und weiterer Pflegemaßnahmen als gering eingestuft. Durch eine Reaktivierung der zwischenzeitlich verbuschten Flächen zeichnet sich nun sogar eine Bestandszunahme ab: Im Jahr 2021 waren alle in jüngster Zeit wiederhergestellten und um Steinhäufen bereicherten Offenlandflächen mit mehreren neuen Revieren besetzt.

Steinschmätzer-Erlebnisse in der Döberitzer Heide

Da die Döberitzer Heide außerhalb der Kernzone, in der Wisente und Przewalski-Pferde leben, von einem insgesamt 55 Kilometer langen Wanderwegenetz durchzogen ist, lässt sich der Steinschmätzer hier ausgezeichnet beobachten. Viele Steinhäufen und Bunkeranlagen liegen in Sichtweite der Wege. Im April kehren die Vögel aus ihren afrikanischen Überwinterungsgebieten zurück. Bis in den August hinein prägen sie die Landschaftseindrücke, denn sie leben keineswegs heimlich. Ihre hohen, durchdringenden Rufe (etwa „wiht“) kombinieren sie bei jeder Annäherung mit Warnrufen („tack“), so dass auf jedem Spaziergang von irgendwoher ein „wiht-tack-wiht-tack“ zu vernehmen ist. Der Gesang der Männchen ist schwätzend-flötend-schmatzend; häufig hört man ein Geräusch, das so klingt, als würden zwei Kieselsteine kräftig aneinandergeschlagen. Da die Vögel stets erhöhte Punkte aufsuchen – neben den Steinhäufen vor allem Zaunpfähle als Ansitzen, um Beute zu machen und die Umgebung zu sichern (Abbildung 5) –, sind sie optisch und akustisch viel präsenter als fast alle anderen Vogelarten. Obwohl sie gern vom Menschen geschaffene Strukturen nutzen, sind sie nicht zutraulich, sondern halten immer eine deutliche Distanz. Daher sollten längere Beobachtungen am Brut-



ABB. 6 Steinschmätzer-Weibchen vor dem Eingang zum Nistplatz in einem Brennholzstapel (a). Tief zwischen den Holzscheiten lag das Nest, in dem sich im Spätsommer noch drei unbefruchtete bzw. beschädigte Eier befanden (b), nachdem die Familie mit den ausgeflogenen Jungen das Revier bereits verlassen hatte. Fotos: Hannes Petrischak.





ABB. 8 Steinschmätzer mit Heuschrecken-Nahrung für den Nachwuchs. Im Sommer sind die Farben der Eltern schon deutlich verblasst. (a) Männchen, (b) Weibchen. Fotos: Hannes Petrischak.

platz nur mit Fernglas oder Spektiv aus angemessener Entfernung erfolgen, um Beunruhigungen zu vermeiden.

Die Männchen kommen im Frühjahr vor den Weibchen ins Revier zurück. Im ausgewählten Hohlraum bauen die Vögel nach der Paarbildung ein napfförmiges Nest aus Pflanzenhalmen, das mit Wolle oder Federn ausgepolstert wird (Abbildung 6). Meist im Mai legt das Weibchen 4–6 hellblaue Eier, die es allein bebrütet [2]. In dieser Zeit sieht man folglich hauptsächlich Männchen, die auf den Steinhaufen – manchmal sind es auch Haufen aus Wurzelstubben, Totholz oder sogar Metallschrott – wachen und von dort aus Insekten als Nahrung auch für das Weibchen erbeuten, das sie in dieser Zeit füttern. Nähert man sich einem solchen Brutplatz, fliegt das Männchen wie beiläufig zum nächsten Busch oder Zaunpfahl, um den „Feind“ vom Nest fortzulocken. Nach rund 14 Tagen schlüpfen die Jungen, die noch gut zwei Wochen im Nest bleiben und anschließend mehrere Wochen außerhalb des Nestes von den Eltern weitergefüttert werden. Die Jungvögel sind am braungefleckten Jugendkleid gut zu erkennen (Abbildung 7). Sobald sie das Nest verlassen haben, sind die Eltern in permanenter Aufregung: Sie starten pausenlos zu Flügen, um Insekten in der Luft oder am Boden zu erbeuten (Abbildung 8), halten gleichzeitig mit ständigen Kontakt- und Warnrufen die Umgebung im Auge und scheuchen die Jungen bei nahender Gefahr in regelrechten Sturzflügen in Verstecke zwischen den Steinen zurück. Die ganze Familie bleibt in den ersten Wochen noch im Revier und versammelt sich regelmäßig auf dem angestammten Steinhaufen (Abbildung 9). Im Sommer lässt ein Teil der Paare noch eine zweite Brut folgen, so dass sich das Spektakel wiederholen kann. Ende Juli/Anfang August kann man einzelne Pärchen aber auch noch am Brutplatz beobachten, wenn alle Jungen schon längst das Weite gesucht haben. Das Paar vollzieht jetzt hier leicht zeitversetzt die Mauser, so dass jeweils einer der beiden Vögel „gerupft“ aussieht, bis beide ihr hellbraunes Schlichtkleid



ABB. 9 Steinschmätzer-Familie auf einem typischen Haufen aus Betonbruch in der Döberitzer Heide. Männchen (links) und Weibchen (Mitte) sind neben drei Jungvögeln zu erkennen. Foto: Hannes Petrischak.



ABB. 10 Männchen (links) und Weibchen verweilen kurz vor Abschluss der Mauser Ende Juli noch am Brutplatz und zeigen bereits weitgehend das recht einheitliche braune Schlichtkleid. Foto: Hannes Petrischak.



ABB. 11 Die Bergbaufolgelandschaft von Wanninchen unterliegt nicht zuletzt durch Senkungen und Rutschungen einer hohen Dynamik, in deren Zuge immer wieder auch neue Offenlandbereiche entstehen, die der Steinschmätzer als Lebensraum nutzen kann. Foto: Ralf Donat.



ABB. 12 Schilder weisen auf bergrechtliche Sperrungen im ehemaligen Braunkohleabbaugebiet hin – hier sogar mit Steinschmätzer. Foto: Ralf Donat.



ABB. 13 Blütenreiche Brachflächen am Rande der Bergbaufolgelandschaft bieten Vögeln wie dem Steinschmätzer mit ihrem Insektenreichtum ideale Nahrungsgründe. Foto: Ralf Donat.

tragen (Abbildung 10). Im Spätsommer erscheinen fast alle Reviere wieder still und verlassen.

Nach der Kohle: neue Lebensräume auf Zeit

Auch in den Bergbaufolgelandschaften, die aus dem Braunkohletagebau hervorgegangen sind, gilt der Steinschmätzer als Charaktervogel. Beispielhaft zeigt sich dies in Sielmanns Naturlandschaft Wanninchen im südlichen Brandenburg. Hier sind ebenfalls über 3.000 Hektar Fläche für den Naturschutz gesichert [11, 16]. Der Steinschmätzer profitiert insbesondere von den großen vegetations- und nährstoffarmen, aber insektenreichen Kippenflächen. Bereits in den 1970er Jahren, als der Braunkohleabbau in der Niederlausitz (Luckauer Raum) noch im vollen Gange war, mehrten sich die Nachweise der Art in dieser Region. Außerhalb der Bergbaufolgelandschaft gab es bereits in den 1980er Jahren kaum noch Brutnachweise in der Agrarlandschaft des Luckauer Beckens. Damals wurden bereits rückwärtige Bereiche des Kohleabbaus rekultiviert. Das Gelände wurde planiert und verschiedene Pflanzenarten wie Waldstaudenroggen und Steinklee wurden eingesät, um den Boden zu sichern. Oft lagen Materialien wie alte Bahnschwellen aus dem Tagebaubetrieb herum, oder es wurden die für die Kohleförderung störenden Findlinge zu Haufen zusammengetragen. Diese Strukturen, verbunden mit der Ansaat, förderten die Ausbreitung des Steinschmätzers.

Nach der politischen Wende erfolgte auf der Grundlage der Sanierungspläne die Ausweisung von Naturschutzvorrangflächen. Hier wurden gezielt Lesesteinhaufen und Wurzelstubbenreihen angelegt. In weiten Bereichen der offenen Flächen erfolgte bis 2010 die Beweidung mit Schafen. Dadurch und durch die Etablierung weiterer Blühpflanzen (und damit der Entwicklung der Insektenvielfalt) verbesserten sich die Lebensräume für Steinschmätzer. Jedoch gab es durch den Anstieg des Grundwassers in den künftigen Bergbauseen Hinweise auf Bestandsrückgänge. Eine erneute, wenn auch kurzzeitige Bestandserhöhung erfolgte dann im Rahmen der Sanierung von Seeuferrn. Die Uferböschungen wurden mit Wasserbausteinen gesichert. In diesen großflächigen Steinpackungen fanden Steinschmätzer weitere Brutmöglichkeiten, doch überwachsen diese Steinpackungen inzwischen mehr und mehr mit Gehölzen.

Mit zunehmender Sukzession, vor allem durch Kiefern, verringern sich die optimalen Lebensräume in den Innenkippenbereichen. Trotz aller Befürchtungen existieren jedoch bis heute in Teilgebieten gute Bedingungen für die Aufzucht der Jungen. Dies hängt damit zusammen, dass durch geotechnische Störungen (Grundbrüche, Rutschungen), aber auch durch die Wirkung von Wind und Wasser immer wieder die Sukzession unterbrochen wird und Offenlandbereiche erhalten bleiben oder kurzfristig neu entstehen (Abbildung 11).

Derzeit kann die Entwicklung in den Innenkippenflächen nicht vollständig erfasst werden, da ein bergrecht-

liches Betretungsverbot besteht (Abbildung 12). Auffällig ist jedoch die Konzentration von Steinschmätzerbruten in den Kippenrandbereichen sowie auf landwirtschaftlichen Nutzflächen, auf denen sich seit mehreren Jahren auf Grund bergrechtlicher Sperrungen Dauerbrachen entwickelt haben (Abbildung 13). Es handelt sich dabei um Lebensräume auf Zeit, da die Herstellung von Landwirtschaftsflächen im Sanierungsplan festgeschrieben ist. Derzeit kann man von rund zehn Steinschmätzerrevieren in Wanninchen ausgehen. Zur Stabilisierung des Brutbestandes werden auch hier verschiedene Maßnahmen in den Randbereichen der Bergbaufolgelandschaft umgesetzt. Dazu zählen die Anlage von Findlingshaufen und Blühstreifen sowie mehrere Beweidungsprojekte.

Kaninchen als hilfreiche Ingenieure

Außerhalb von Truppenübungsplätzen und Bergbaufolgelandschaften finden sich Steinschmätzer im mitteleuropäischen Tiefland fast nur noch vereinzelt an kleinräumigen Sonderstandorten wie Kiesgruben. Eine Ausnahme bilden einige Küstenregionen: Die aktuell höchste Dichte brütender Steinschmätzer in Mitteleuropa wird für die ostfriesische Insel Norderney angegeben, auf der in den Jahren 2018 und 2019 rund 200 Paare ermittelt wurden. Die Steinschmätzer leben hier in den Dünen und profitieren von der großen Zahl an Wildkaninchen (*Oryctolagus cuniculus*, Abbildung 14) auf der Insel, die als Ökosystemingenieure mit ihren Höhlen für ein reiches Angebot an Nistplätzen und mit ihrem Verbiss für kurzrasige Vegetation und offenen Rohboden sorgen. Auf kaninchenfreien Inseln wie Spiekeroog leben hingegen nur wenige oder gar keine Steinschmätzer [17]. Auch im Binnenland gilt der anhaltende Rückgang von Kaninchenbeständen übrigens als eine der zahlreichen Ursachen für das regionale Aussterben des Steinschmätzers [5].



ABB. 14 In Lebensräumen, die von Wildkaninchen gestaltet werden, erreicht der Steinschmätzer eine hohe Bestandsdichte – diese Aufnahme zeigt beide Arten gemeinsam auf Skomer Island (Wales). Foto: Hannes Petrischak.

Zusammenfassung

Der Steinschmätzer (*Oenanthe oenanthe*) ist auf der Nordhalbkugel vom arktischen Kanada über weite Teile Eurasiens bis nach Alaska in offenen, steinigen Landschaften weit verbreitet. Der alljährliche Zug insbesondere zwischen den nordamerikanischen Brutgebieten und den afrikanischen Überwinterungsregionen zählt zu den bedeutendsten Flugleistungen aller Singvögel weltweit. Doch in Deutschland verzeichnet der Steinschmätzer ähnlich wie viele andere Vogelarten unserer Kulturlandschaft seit Jahrzehnten kontinuierliche Bestandsverluste. Mittlerweile ist er hier als Brutvogel akut vom Aussterben bedroht. Er leidet unter dem Verlust nährstoffarmer Lebensräume durch Stickstoffeinträge, Nutzungsintensivierung oder Nutzungsaufgabe sowie unter dem Verlust geeigneter Nistplatzstrukturen mit Höhlen und Nischen. Abgesehen vom Hochgebirge und einigen Küstenlebensräumen beschränken sich aktuelle Vorkommen weitgehend auf kleinräumige Sonderstandorte wie Kiesgruben, aufgelassene Steinbrüche, Abraumhalden oder auch städtische Brachflächen. Wichtige Refugien stellen ehemalige Truppenübungsplätze und Bergbaufolgelandschaften dar. Hier lässt sich das lebhafteste Verhalten gut beobachten, wenn die Vögel von Mai bis Juli ihren Nachwuchs in festen Revieren an alten Bunkern, Totholzstapeln oder Steinhaufen aufziehen. Konkrete Schutzmaßnahmen in der Döberitzer Heide und in weiteren Schutzgebieten zeigen exemplarisch, dass es gelingen kann, regionale Bestände des Steinschmätzers zu stabilisieren, wenn man ihm Steinhügel als Niststandorte anbietet und gleichzeitig extensiv genutztes Offenland in der unmittelbaren Umgebung erhält. Da die Schaffung neuer Nistmöglichkeiten nicht einmal großen Aufwand erfordert, sei dies zur dringenden Nachahmung empfohlen, um den bundesweiten Negativtrend dieser bemerkenswerten Art zu stoppen.

Summary

The northern wheatear, a character species of barren landscapes

The northern wheatear's (*Oenanthe oenanthe*) distribution area extends from the northern hemisphere from the Canadian Arctic through much of Eurasia to Alaska. It lives in open, rocky landscapes. Its annual migration route, especially between the North American breeding areas and the African overwintering sites, is one of the most remarkable round-trip migratory journeys of all songbirds worldwide. In Germany, however, as with many other bird species in our cultural landscape, a continual decline in number of the wheatears has been observed throughout the last decades. By now, it is acutely threatened by extinction. It suffers from the loss of open, nutrient-poor habitats due to nitrogen input, intensification or abandonment of use, as well as from the loss of suitable nesting site structures with cavities like burrows and crevices. Apart from high mountain regions and some coastal habitats, most of the current populations are limited to small-scale special locations such as gravel pits, abandoned quarries, spoil heaps or urban wasteland.

Important refuges are former military training areas and post-mining landscapes. Here, the wheatears' lively behaviour can be watched well when the birds rear their offspring in fixed territories on old bunkers, stacks of deadwood or piles of stones from May to July. Concrete conservation measures in "Döberitzer Heide" nature reserve and in other protected areas show that it is possible to stabilize regional populations of the wheatear if cairns are offered as nesting sites and if extensively used open land is preserved nearby. Since providing new nesting opportunities does not even require great effort, this is strongly recommended for imitation in order to stop the decline in number of this remarkable species.

Schlagworte:

Steinschmätzer, Vogelzug, Kulturlandschaft, Rote Liste, Eutrophierung, Sukzession, Landschaftspflege, Artenschutz, Truppenübungsplatz, Bergbaufolgelandschaft.

Literatur

- [1] L. Svensson, K. Mullarney, D. Zetterström (2018). Der Kosmos-Vogelführer. Franckh-Kosmos, Stuttgart.
- [2] H.-G. Bauer, E. Bezzel, W. Fiedler (2012). Das Kompendium der Vögel Mitteleuropas. AULA, Wiebelsheim.
- [3] F. Bairlein et al. (2012). Cross-hemisphere migration of a 25 g songbird. *Biology Letters* 8, 505–507.
- [4] W. Wüst (1970). Die Brutvögel Mitteleuropas. Bayerischer Schulbuch-Verlag, München.
- [5] H. Grimm (2004). Der Brutbestand des Steinschmätzers *Oenanthe oenanthe* im Jahre 2002 in Thüringen mit Anmerkungen zur historischen Entwicklung der thüringischen Kulturlandschaft und ihrer Eignung als Lebensraum für im Offenland brütende Vogelarten. *Anz. Ver. Thüring. Ornithol.* 5, 85–104.
- [6] C.-A. von Treuenfels (2019). „Weißkehlchen“ meist nur noch auf dem Durchzug. *FAZ*, 30.6.2019, <https://www.faz.net/-i4a-9ojr8>
- [7] P. Meffert, Lebensraum auf Zeit: Steinschmätzer, Brachpieper & Co. auf Berliner Brachflächen, *Naturmagazin Berlin-Brandenburg*, 1/2013, 12–13.
- [8] W. Kunz (2016). Artenschutz durch Habitatmanagement. Wiley-VCH, Weinheim.
- [9] T. Ryslavy et al. (2020). Rote Liste der Brutvögel Deutschlands, 6. Fassung. *Berichte zum Vogelschutz* 57, 13–112.
- [10] T. Ryslavy et al. (2019). Rote Liste und Liste der Brutvögel des Landes Brandenburg, *Naturschutz und Landschaftspflege in Brandenburg* 28 (4), Beilage.
- [11] H. Petrischak (2019). Expedition Artenvielfalt. Oekom, München.
- [12] H. Petrischak, J. Fürstenow (2018). Vielfältiges Leben in Sand und Heide. *Biol. Unserer Zeit* 48 (3), 180–188.
- [13] H. Sciborski (1997). Der Steinschmätzer. Döberitzer Heide mit Ferbitzer Bruch, Heft 7.
- [14] M. Körner (2003). Zur Brutbiologie, Raumnutzung und Habitatwahl des Steinschmätzers *Oenanthe oenanthe* (Linné 1758) auf dem ehemaligen Truppenübungsplatz Döberitzer Heide in Brandenburg. Diplomarbeit Uni Potsdam.
- [15] M. Putze (2017). Die Brutvorkommen wertgebender Vogelarten im EU-SPA 7011 „Döberitzer Heide“. Gutachten im Auftrag LfU Brandenburg.
- [16] R. Donat (2018). Dynamische Entwicklung des Lebens nach der Kohle. *Biol. Unserer Zeit* 48 (4), 260–267.
- [17] S. Kämpfer, T. Fartmann (2020). Wildkaninchen als Schlüsselfaktor: Der beste Freund des Steinschmätzers. *Falke* 4, 22–25.

Verfasst von:



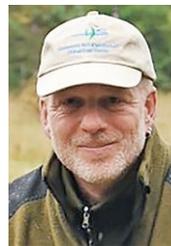
Hannes Petrischak studierte Biologie in Kiel. Promotion 2003 mit einer Arbeit über Schmetterlinge im Regenwald Costa Ricas. Von 2010 bis 2016 war er Geschäftsführer der Stiftung Forum für Verantwortung. Seit 2016 leitet er den Geschäftsbereich Naturschutz in der Heinz Sielmann Stiftung. In diesen Geschäftsbereich fällt die Betreuung von fünf stiftungseigenen Landschaften mit insgesamt rund 12.000 Hektar Fläche in Brandenburg.



Ralf Donat war von 1991–2004 im Landesumweltamt Brandenburg tätig und begleitet seitdem die Entwicklung der Bergbaufolgelandschaft in der Niederlausitz. Seit 2002 leitet er das Natur-Erlebniszentrum Wanninchen und ist seit 2005 bei der Heinz Sielmann Stiftung Leiter von Sielmanns Naturlandschaft Wanninchen mit den Schwerpunkten Flächenmanagement, naturschutzfachliche Begleitung der Bergbausanierung und Monitoring.



Jörg Fürstenow ist in der Heinz Sielmann Stiftung für Landschaftspflegemanagement und ökologisches Monitoring zuständig. Die Entwicklung der Döberitzer Heide verfolgt er intensiv seit den 1980er Jahren. Er nimmt regelmäßig vegetationskundliche und faunistische Kartierungen vor und begleitet sämtliche Landschaftspflegemaßnahmen in der fachlichen Vorbereitung und Umsetzung.



Peter Nitschke ist Diplom-Forstingenieur (FH) und seit 1999 an verschiedenen Standorten in der Heinz Sielmann Stiftung tätig. Er ist Leiter von Sielmanns Naturlandschaft Döberitzer Heide; hier hat er die Einrichtung der Kernzone mit Wisenten, Przewalski-Pferden und Rotwild koordiniert. Ein wesentlicher aktueller Schwerpunkt liegt im Management und der Begleitung großer Landschaftspflegemaßnahmen im Rahmen öffentlicher Förderprojekte.

Korrespondenz

Dr. Hannes Petrischak
Heinz Sielmann Stiftung
Dyrotzer Ring 4
14641 Wustermark/Elstal
E-Mail: hannes.petrischak@sielmann-stiftung.de

Verständliche Immunabwehr durch anschauliche Modelle

Mit Staubsaugern und Handschuhen gegen Viren

ANDREAS KORN-MÜLLER

Nicht nur in Corona-Zeiten spielt das Immunsystem unseres Körpers eine wesentliche Rolle für die Gesundheit. Mit einfachen Modellen, anschaulichen Vergleichen und humorvollen Comics lässt sich sowohl das grundlegende Zusammenspiel zwischen Immunzellen, Antikörpern und Antigenen als auch das Auftreten von Mutationen sowie die Wirkweise von Schnelltests besser verstehen.



ABB. 1 Zwei Schülerinnen mit dem Autor und seinen Zellmodellen nach einer Wissenschaftsshow im Deutschen Museum.

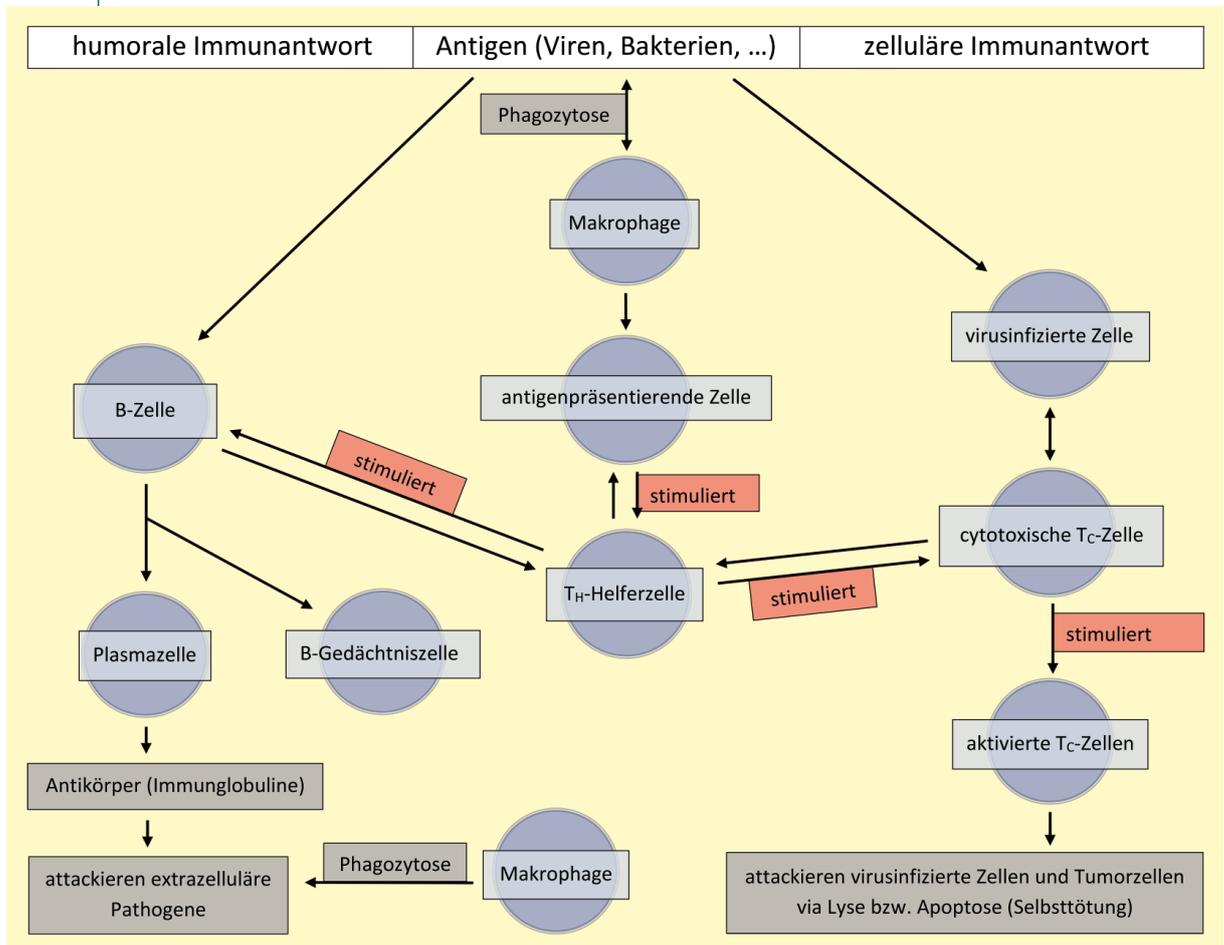
In zwei meiner acht Wissenschaftsshow's spielt das Immunsystem eine wichtige Rolle, bei der „HIV-Biochemie-Show“ und der „Immuno-Viren-Show“. Zielgruppe sind vor allem Schüler/-innen ab der 7. Klasse, beispielsweise bei einer Show im Deutschen Museum in München (Abbildung 1) oder bei Wissenschaftsfestivals wie den „Science Days“ sowie in Schulen. Eine weitere Zielgruppe meiner öffentlichen Shows sind wissenschaftlich interessierte Laien, die mit Hilfe von anschaulichen und humorvollen Modellen auch emotional angesprochen werden. Dabei geht es in erster Linie darum, Wissen zu vermitteln, indem Neugier und Begeisterung geweckt werden. Das eher Abstrakte und Unsichtbare wird haptisch begreifbar gemacht, was auch den naturwissenschaftlichen Unterricht enorm aufwerten kann. Die via PowerPoint präsentierten Comicfiguren stoßen besonders bei jüngeren Schüler/-innen auf Interesse und Heiterkeit. Dies bestärkt meinen Ansatz zur anschaulichen Modellentwicklung in der Naturwissenschaft. In den Lehrplänen der 7. und 8. Klassen in Bayern und Baden-Württemberg (Mittelschule, Realschule und Gymnasium) ist das prinzipielle Verständnis der Immunabwehr von großer Bedeutung, wie es die aufgeführten Lernbereiche „Immunbiologie“, „Mensch und Gesundheit“ sowie „Schutz- und Abwehrsystem beim Menschen“ verdeutlichen [1–3].

Komponenten des Immunsystems

Die Immunabwehr bei einer Infektion erfolgt zum einen über den humoralen Weg (Antikörper), zum anderen über den zellulären Weg (vor allem T-Killerzellen) und ist ein hochkomplexer und äußerst differenzierter Prozess [4]. Abbildung 2 zeigt eine typische Übersicht der spezifischen Immunantwort, wie sie in vielen Lehrbüchern und im Internet zu finden ist. In meinen Wissenschaftsshow's versuche ich, komplexe Sachverhalte möglichst anschaulich und didaktisch reduziert auf das Wesentliche zu konzentrieren, um so ein erstes Grundverständnis zu vermitteln. Beim Thema Immunsystem erfolgt dies auf dreifache Weise: mit Hilfe von selbst gebauten Zellmodellen, mit anschaulichen Vergleichsmodellen sowie mit humorvollen Comics.

In diesem Beitrag werden die fünf wichtigsten Immunzellen und die wesentlichen Immunreaktionen in diesem Sinne vorgestellt – wohl wissend, dass die gesamte Immunabwehr wesentlich komplizierter ist. Die Modelle sind aus einfachen Materialien hergestellt und können für den Unterricht (evtl. von den Schüler/-innen) selbst angefertigt werden. Ein Arbeitsblatt mit den anschaulichen Comics ist online abrufbar.

ABB. 2 | SCHEMA DER HUMORALEN UND ZELLULÄREN IMMUNANTWORT



1. Fresszellen (Makrophagen), die erste Abwehrfront: Staubsauger & Konfetti

Die omnipräsenten, sehr beweglichen Makrophagen (Fresszellen), die meist als Erstes gegen eingedrungene Erreger vorgehen [5] und viele „Ausstülpungen“ aufweisen, kann man mit Staubsaugern vergleichen. Ein mit Latex oder Stoff drapiertes Exemplar ist in Abbildung 3a, die Comic-Version in Abbildung 3b zu sehen. Makrophagen phagozytieren bzw. „saugen“ alles auf, was ihnen vor die

„Tentakeln“ kommt und nicht in unseren Körper hineingeht: Dreck, Staub, Blütenpollen, ein winziger Splitter, ein abgerissenes Zeckengebiss, Pilzsporen, Bakterien, Viren. Krankheitserreger kann man einfach mit einer Handvoll Konfetti darstellen, das anschließend mit dem Staubsauger weggesaugt wird (Abbildung 3c).

2. Antikörperzellen: Handschuh-Fabriken

Die Oberflächenproteine (Rezeptoren) einer jeden Zelle dienen vielerlei Zwecken [6]. Genau diese Rezeptoren benutzen Viren als Andockstelle, als Einfallstor in die Zelle. Denn alle Mikroorganismen und Viren besitzen auf ihrer Oberfläche Proteinmoleküle, die je nach Erregerart genau auf bestimmte zelluläre Rezeptoren passen. In Abbildung 4 sind drei virale Beispiele schematisch dargestellt. Virus und Zelle sagen sich quasi „Guten Tag“ und geben sich (nichtsahend aus der Sicht der Zelle) die Hände zur Begrüßung. Ein fatales Shakehands! Das Virus krallt sich förmlich am Rezeptor der Zelle fest, zieht sich heran wie ein enterdes Piratenschiff und fusioniert mit der Zelle. Das Virus nutzt das „Schlüssel-Schloss-Prinzip“ und entert die Zelle.

Antikörper gelten als die wichtigste und mächtigste Waffe gegen Krankheitserreger wie Bakterien und Viren

IN KÜRZE

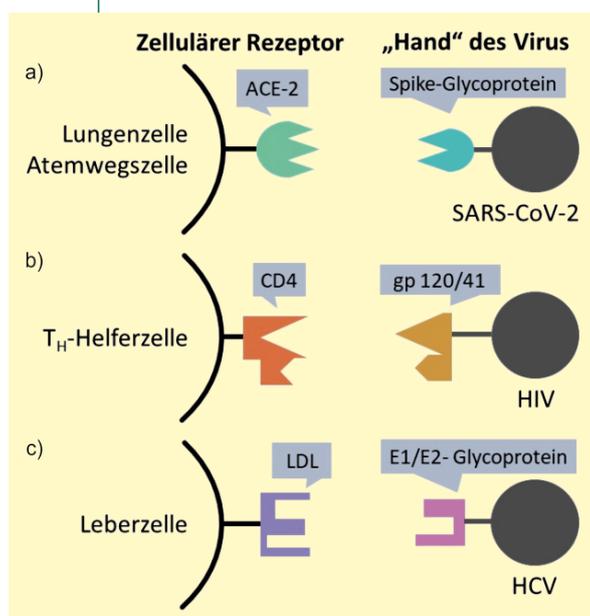
- Mit Hilfe von **selbstgebauten Modellen** werden die Grundzüge der Immunabwehr anschaulich erläutert.
- Aus Styroporkugeln und Pappmaché können **comicartige Immunzellen** erstellt werden.
- Puppenhände und Fausthandschuhe machen die **Antigen-Antikörper-Reaktion** leicht verständlich.
- Eine bewegliche Holzhand veranschaulicht die **Konsequenzen von Mutationen** der viralen Oberflächenproteine.
- Drei Schaufensterpuppenhände, einige Fausthandschuhe und leuchtende Wäscheklammern erklären den **Antikörper- und Antigentest**.

[7]. Um die Wirkweise von Antikörpern anschaulich und verständlich zu erklären, kann man sie mit Handschuhen vergleichen, genauer gesagt mit Fausthandschuhen. Antikörper werden von B-Zellen hergestellt, die man regelrecht als hocheffiziente Fabriken bezeichnen kann. Abbildung 5a zeigt das aus einer Styroporkugel gebaute Modell einer B-Zelle inklusive eines Antikörpers (Handschuh) – gehalten von einem angeschraubten Becher; Abbildung 5b zeigt die Comic-Version einer B-Zelle. Das Geniale dabei: Gegen jeden Erreger kann ein passender Handschuh hergestellt werden [8]. B-Zellen patrouillieren ständig im Körper und tragen dabei ihren jeweils einzigartigen Handschuh mit sich. Trifft eine B-Zelle zufällig auf ein Virus, erkennt sie den Eindringling und versucht, ihren Handschuh über die Hände des Virus zu stülpen. Passt der Handschuh nicht genau auf die virale Hand, ist der Handschuh beispielsweise zu klein oder zu groß, lässt die B-Zelle das Virus wieder los und zieht weiter. Eine andere B-Zelle probiert ebenfalls, ihren Handschuh über die Virus-Hand zu stülpen. Dieses Szenario wiederholt sich solange, bis ein Volltreffer erzielt wird. Passt der Handschuh zufällig genau auf die Hände des Virus, so läuten alle Alarmglocken in dieser B-Zelle, und sie produziert Massen von genau diesem einen passenden Handschuh. Die Folge: Millionen von passgenauen Handschuhen werden in Umlauf gebracht und stülpen sich über die Hände der Viren. Dadurch können die Viren nicht mehr an ihre Zielzellen andocken, es ist kein Shakehands mehr mög-

lich: Die Viren verbleiben außerhalb der Zellen und sind den Fresszellen nun hilflos ausgeliefert.

Ein simples Experiment macht es noch deutlicher: Eine Münze und eine Büroklammer werden auf einen Tisch gelegt. Mit den Fingern kann man diese Gegenstände problemlos greifen und aufnehmen. Zieht man sich aber Fausthandschuhe an, ist das Greifen dieser Gegenstände (fast) unmöglich. Dies können die Zuschauenden in meinen Wissenschaftsshows genauso selbst ausprobieren wie die Schüle/-innen im Unterricht.

ABB. 4 | FATALES ANDOCKMANÖVER



Virale Oberflächenproteine passen nach dem Schlüssel-Schloss-Prinzip auf geeignete Zellrezeptoren (Andockstellen): a) Spike-Protein des Coronavirus SARS-CoV-2 bindet an den ACE-2-Rezeptor, b) gp120/41 des Humanen Immundefizienz-Virus HIV bindet an den CD4-Rezeptor, c) E1/E2 des Hepatitis-C-Virus HCV bindet an den LDL-Rezeptor.

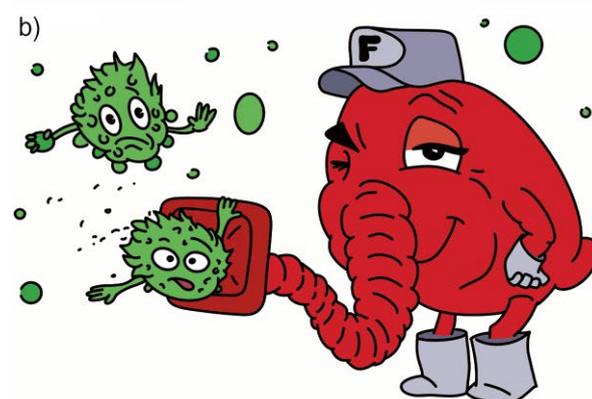


ABB. 3 Modell einer Fresszelle. a) Mit Latex und roter Farbe modifizierter Staubsauger, b) Staubsaugermodell als Comic-Version, c) Staubsaugermodell in Aktion: Erreger-Konfetti wird weggesaugt.

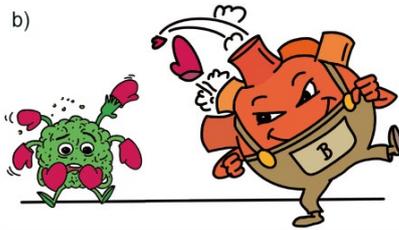
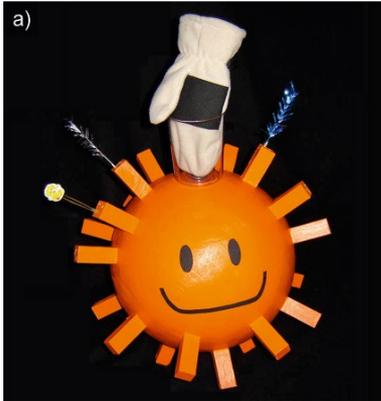


ABB. 5 Modell einer B-Zelle.
 a) Mit Pappmaché versteifte und bemalte Styroporkugel (Durchmesser: 30 cm, aus zwei Halbkugeln) mit angeschraubtem Becher als Handschuhhalter. b) B-Zelle und Krankheitserreger als Comic-Version.

3. Gedächtniszellen: Datenbank & Vielfalt

Unser Abwehrsystem ist sehr lernfähig: Passt ein Handschuh auf die Hände eines Erregers, dann wird dieser Handschuh von B-Zellen nicht nur millionenfach kopiert und in die Blutbahn ausgeschüttet. Zusätzlich wandeln sich einige B-Zellen mit ihrem entsprechenden Handschuh in Gedächtniszellen um und werden in einer „Datenbank“ abgespeichert (Abbildung 6), die meistens lebenslang erhalten bleibt [9]. Durch jede erlebte Viruskrankheit oder durch eine Impfung haben wir ausreichend passende Handschuhe im Blut. Wir sind immun: Gelangt beispielsweise ein Masern- oder Corona-Virus in unseren Körper, so wird es sofort mit massenhaft ausgeschütteten, passenden Antikörpern unschädlich gemacht. Amerikanische Wissenschaftler/-innen haben experimentell berechnet, dass unser Immunsystem durch genetische Rekombinationen bis zu unglaublichen 18 Milliarden verschiedene Antikörper herstellen kann [10]. Diese große Vielfalt beruht auf der hohen genetischen Variabilität und Kombierbarkeit der Antikörpergene [11].

4. Killerzellen: Spiel mir das Lied vom Tod

Killerzellen (cytotoxische T-Zellen) sind die „James Bonds“ der Immunabwehr mit der Lizenz zu töten. Ihr Name ist Programm, und mit ihrer Hilfe wird in der Regel jede virusinfizierte Zelle erkannt und abgetötet. Dabei „schießen“ die Killerzellen mit Hilfe von Perforin Löcher

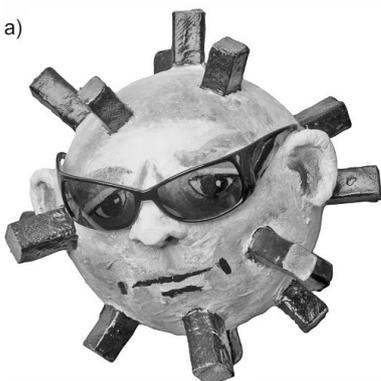


ABB. 7 Modell einer Killerzelle. a) Mit Pappmaché versteifte und Farbe modifizierte Styroporkugel (Durchmesser: 30 cm). b) Killerzelle als Comic-Version.



ABB. 6 Gedächtniszelle als Comic-Version.

in die befallenen Zellen, die anschließend mittels Serinproteasen als „Projektile“ durch eingeleitete Selbsttötung (Apoptose) absterben [12]. Ein Modell aus einer mit Pappmaché umformten und bemalten Styroporkugel ist in Abbildung 7a dargestellt. Killerzellen bringen köpereigene Zellen, sozusagen ihre eigenen Artgenossen, um. Dies tun sie aber immer im Sinne des Gemeinwohls nach dem Motto: Es ist besser, wenn einige wenige Zellen sterben, dafür aber die Gesamtheit der Körperzellen überlebt, zumal abgetötete Zellen in der Regel schnell wieder ersetzt werden. Fresszellen „saugen“ schließlich die toten Überreste „auf“ (Abbildung 7b).

5. T-Helferzellen: Die Einsatzleitung

Die sogenannten T-Helferzellen spielen die wichtigste Rolle in der gesamten Immunabwehr [12]. Sie fungieren als Kommandozentrale, als Koordinationsleitstelle – sie sind das „Pentagon“ der Immunantwort (Abbildung 8a). Auch ihr Name ist Programm. Ohne die Mithilfe der T-Helferzellen passiert nämlich rein gar nichts. Sowohl die antikörperproduzierenden B-Zellen als auch die Killerzellen müssen sich vorab von Helferzellen ein „OK“ geben lassen, bevor sie loslegen. Also: Wenn eine B-Zelle den passenden Handschuh gegen einen Erreger parat hat und ganz wild darauf ist, diesen millionenfach zu kopieren, dockt sie erst einmal an einer T-Helferzelle an und hält Rücksprache. Sagt die Helferzelle „Ja“ zum Vorhaben, kann die B-Zelle sich zigfach teilen und Millionen Antikörper ins Blut ausschütten. Wenn eine Killerzelle eine virusinfizierte Zelle aufgespürt hat und sie terminieren will, muss auch sie zunächst mit einer T-Helferzelle Rücksprache halten. Wieder muss die Helferzelle ihr „OK“ geben, bevor die Killerzelle ihre tödlichen Schüsse abgeben kann. Diese Art von interner Rückkopplung und Koordination soll vor allem verhindern, dass die überaus mächtige und effiziente Immunabwehr unkontrolliert aus dem Ruder läuft.

Besonders tückisch ist das Humane Immundefizienz-Virus (HIV), das ausgerechnet die T-Helferzellen und damit das Herz der Immunabwehr infiziert [13] (Abbildung 8b). Bei einer HIV-Infektion wird daher regelmäßig die Anzahl der CD4-Zellen, zu denen die T-Helfer-

zellen gehören, gemessen und kontrolliert. Ihr Niedergang bildet 1:1 den (verheerenden) Verlauf der Infektion ab.

Virusmutationen: Mit einem Handmodell leicht erklärt

Mit dem Hand-Handschuh-Modell lassen sich auch die Folgen einer Virusmutation sehr anschaulich verdeutlichen. Dazu benötigt man eine bewegliche Holzhand, wie sie typischerweise für Malstudien eingesetzt wird (Internet, 18 cm Höhe, ab 8,50 Euro). Angenommen, diese Form der Holzhand entspricht den Händen des aktuellen Corona-Virus SARS-CoV-2 (Abbildung 9a). Passende Handschuhe werden von B-Zellen produziert und machen das Virus unschädlich (Abbildung 9b). Eine für das Virus günstige Mutation bedeutet, dass sich die Form ihrer Hände ändert; beispielsweise spreizen sich einzelne Finger, rollen sich ein oder krümmen sich (Abbildung 10a-e). Dadurch passen die Handschuhe nicht mehr richtig auf die Hände (Abbildung 10f). Selbst wenn sich nur der kleine Finger etwas krümmt oder sich ein Finger geringfügig ändert, passt der maßgeschneiderte Handschuh nicht mehr, so dass das mutierte Virus der Immunabwehr entkommt.

Coronatests mit dem Hand-Handschuh-Modell veranschaulichen

Bei einem Antikörpertest sucht man nach Antikörpern im Blut, also nach den passenden Fausthandschuhen, die durch eine Infektion von den B-Zellen produziert werden. Beispiel Corona-Viren: Dazu sind die Hände (Spike-Proteine) auf der Testplatte bzw. im Probenröhrchen chemisch fest verankert. Als Modell werden drei Schaufensterpuppenhände (Internet, Höhe: 26 cm, Basisbreite: 7 cm, rund 10 Euro) auf eine Holzplatte montiert (Abbildung 11a). Wird nun eine Blutprobe auf die Testplatte gegeben, sollen die Virus-Hände die passenden Handschuhe aus dem Blut herausfischen. Die entsprechenden Fausthandschuhe binden sich fest an die Hände, während Handschuhe gegen andere Viren (oder Antigene) nicht passen und wieder abfallen (Abbildung 11b und c). Schließlich werden die gebundenen Handschuhe mit Hilfe eines Farbstoffmoleküls markiert – hier im Modell in Form von phosphoreszierenden Wäscheklammern, die mit nachleuchtender Farbe (Fa. Moedel) angemalt wurden (Abbildung 11d). Im Falle eines positiven Testergebnisses tritt entweder eine Farbe oder wie hier im Modell eine Leuchtreaktion auf (Abbildung 11e). Dieser Test macht übrigens erst Sinn, wenn die Infektion bereits einige Wochen zurückliegt, weil es eine gewisse Zeit braucht, bis eine nachweisbare Menge Handschuhe im Blut zirkuliert.

Bei einem Antigenest ist das Verfahren genau umgekehrt: Auf der Testplatte bzw. im Probenröhrchen befinden sich passende Handschuhe (Antikörper), die das Virus (Antigen) aus der Probe herausfischen, beispielsweise aus einem Nasenabstrich. Die in einer Lösung schwimmenden Handschuhe stülpen sich über die viralen Hände, binden somit das gesamte Virus fest an sich und werden mit Hilfe

eines Farbstoffmoleküls markiert. Im Falle eines positiven Tests erscheint eine Farbe, z. B. als Strich bei einem Schnelltest. Als Antigene werden nicht nur die Bauteile und Proteine von Mikroorganismen bezeichnet, sondern auch jegliche Stoffe, die der Körper als fremd erkennt.



ABB. 8 Modell von T-Helferzellen. a) T-Helferzellen als Comic-Version. b) T-Helferzelle (blau) trifft auf den Aids-Erreger HIV (rot). Die aufgespannte Mausefalle soll die Fusionseinheit des Oberflächenproteins gp120/41 darstellen, die bei Kontakt mit dem CD4-Zellrezeptor irreversibel zuschnappt. Aufgrund der besseren Sichtbarkeit sind die beiden Modelle im gleichen Größenverhältnis gebaut worden. In Wirklichkeit wäre das HI-Virus im Verhältnis deutlich kleiner – in etwa nur so groß wie eine kleine Holzperle.

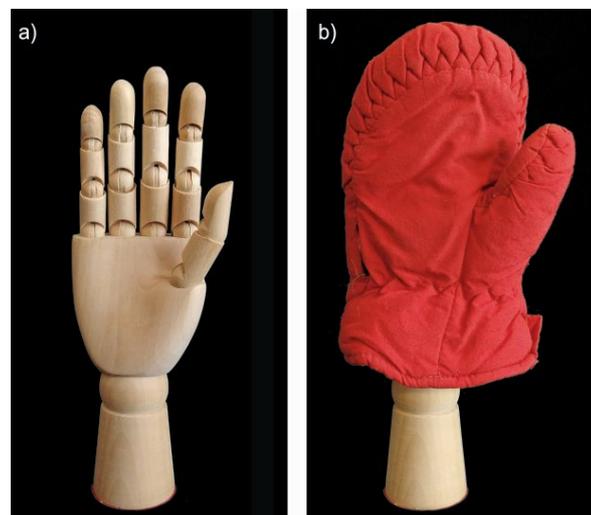
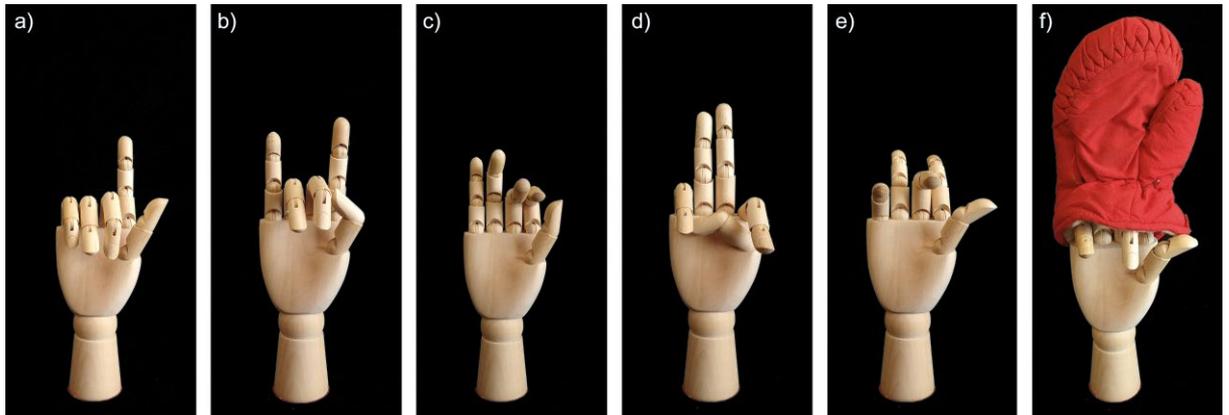


ABB. 9 Modell der Rezeptorbindung. a) Bewegliche Holzhand als Modell eines viralen Oberflächenproteins (Spike-Protein). b) Passender Handschuh (Antikörper) für die Hand (Spike-Protein) eines Virus.

ABB. 10 Fluchtmutationen der Oberflächenproteine. a–e) Verschiedene Mutationen verändern die Fingerstellung im Handmodell. f) Die zuvor passenden Handschuhe (Antikörper) passen nun nicht mehr.



Bei beiden Testarten heißt ein negatives Ergebnis, dass keine passenden Handschuhe bzw. keine Viren(-Hände) in der Probe vorhanden sind und sich somit auch die Farbmarkierung nicht anheften kann. Folglich bleibt eine Farb-reaktion aus.

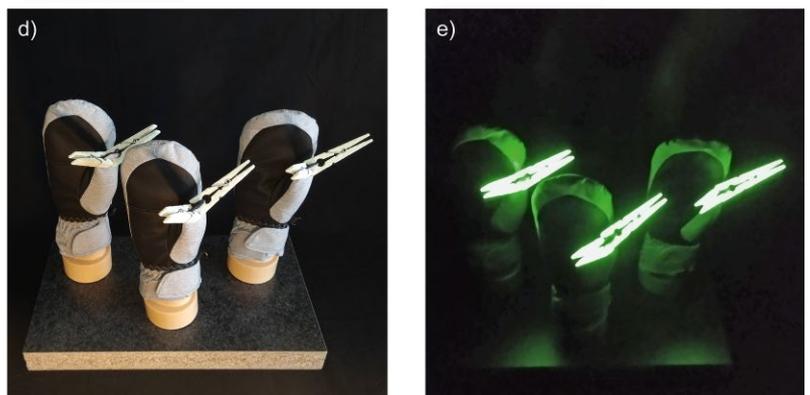
Fazit und Ausblick

Die anschaulichen, „vermenschlichten“ Zellmodelle und vor allem der Handschuhvergleich kommt bei Lernenden sowie Lehrenden sehr gut an und können im Unterricht ohne großen Aufwand oder Kosten interaktiv eingesetzt werden. Die Rückmeldungen nach meinen Shows untermauern meine Erfahrung, dass mit Hilfe anschaulicher, ungewöhn-

licher Modelle neben der Neugier auch das Verständnis signifikant erhöht wird. Ausgewählte Zitate von Schüler/-innen, Lehrkräften und Eltern aus E-Mails an mich nach Showaufführungen lauten beispielsweise: „restlos begeistert“, „unsere Kinder waren begeistert und wollen unbedingt mehr über die Naturwissenschaften erfahren“, „megamegamegacool“, „wirklich fantastisch“, „mit Witz und tollen Erklärungen“, „kindgerecht und erwachsenengerecht“, „Show hat meinen Schülern sehr gut gefallen“, „spannende und informative Show“. Diese Rückmeldungen sind sicherlich nicht streng repräsentativ, spiegeln aber eine allgemeine und altersübergreifende Begeisterung und damit eine positive Sichtweise auf die Naturwissenschaft wider.



ABB. 11 Coronatests im Hand-Handschuh-Modell. a) Die Schaufensterpuppenhände stellen die Spike-Proteine von SARS-CoV-2 dar, die auf der Antikörper-Testplatte fixiert werden. b) Passende Antikörper (graue Handschuhe) aus einer Blutprobe stülpen sich über die Hände. Andere Antikörper, beispielsweise gegen Masern- und Grippe-Viren (blauer und roter Handschuh), passen nicht und können sich daher nicht an die Hände binden. c) Nach kurzer Zeit sind alle viralen Hände des Tests mit passenden Handschuhen (grau) fest verbunden. d) Markierung der gebundenen Handschuhe mit Farbstoffmolekülen (phosphoreszierende Wäscheklammern, die mit nachleuchtender Farbe angemalt wurden). e) Positives Testergebnis: Der Farbstoff leuchtet und wird sichtbar.



Das auf www.biuz.de online abrufbare Arbeitsblatt (inklusive Lösungsvorschlag) bietet Lehrenden die Möglichkeit einer comicartigen Betrachtung des Immunsystems im Unterricht. Beim Thema Antikörper könnten die Schüler/-innen aufgefordert werden, von zu Hause Fausthandschuhe unterschiedlicher Größe in den Unterricht mitzubringen. Die Hände einiger Schüler/-innen dienen dann als virale Proteine. Mit dieser Interaktion kann man die prinzipielle Funktion von Antikörpern verständlich vermitteln. Mit Hilfe einer beweglichen Holzhand können Mutationen und die Schnelltests erklärt werden. Der Bau von Zellmodellen könnte in Zusammenarbeit mit dem Werk- oder Kunstunterricht realisiert werden.

Zusammenfassung

Die humorale und zelluläre Immunantwort bei einer Infektion ist hoch komplex. Mit selbstgebauten und ansprechenden Modellen werden die wesentlichen Grundzüge der Immunabwehr Lernenden ab der 7. Klasse und wissenschaftlichen Laien anschaulich und verständlich kommuniziert. Die drei wichtigsten Zellen der Immunabwehr – B-Zelle, Killerzelle und Helferzelle – kommen als comicartige Modelle aus Styroporkugeln und Pappmaché zum Einsatz. Ein umgestalteter Staubsauger dient als Modell für Fresszellen (Makrophagen), Hände fungieren als Antigene und unterschiedlich große Fausthandschuhe stellen Antikörper dar. Mit Hilfe einer beweglichen Holzhand werden Mutationen der viralen Oberflächenproteine veranschaulicht. Wie ein Antikörper- und ein Antigentest im Prinzip funktionieren, verdeutlichen auf einer Holzplatte montierte Schaufensterpuppenhände, Fausthandschuhe und leuchtende Wäscheklammern.

Summary

With vacuum cleaners and gloves against viruses

The humoral and cellular immune response to an infection is highly complex. With the help of self-made and appealing models, the essential characteristics of the immune defense are imparted in a clear and comprehensible way to learners from the 7th grade onwards and to scientifically interested laymen. The three most important cells of the immune defense system – B cells, killer cells and T helper cells – are used as comic-like models made of styrofoam balls and papier-mâché. A modified vacuum cleaner serves as model for scavenger cells (macrophages), hands function as antigens and mittens of different sizes represent antibodies. With the help of a flexible wooden hand, mutations of viral surface proteins are made clear. How an antibody and an antigen test work in principle is demonstrated by hands of shop window mannequins fastened on to a wooden board, mittens and luminous clothes pegs.

Danksagung

Mein Dank gilt Herrn Melvin Müller für die Erstellung der Grafiken sowie der Comic-Illustrationen.

Schlagworte:

Immunabwehr, Immunzellen, Antikörper, Antigene, Biologieunterricht, Modelle.

Literatur

- [1] <https://www.bildungsplaene-bw.de/Lde/LS/BP2016BW/ALLG/GYM/BIO/IK/7-8/02/05>, (abgerufen am 16.02.2022)
- [2] <https://www.lehrplanplus.bayern.de/fachlehrplan/mittelschule/8/nt/mittlere-reife-klasse> (abgerufen am 16.02.2022)
- [3] <https://www.lehrplanplus.bayern.de/fachlehrplan/realschule/8/biologie> (abgerufen am 16.02.2022)
- [4] J. M. Berg, J. L. Tymoczko, G. J. Gatto, L. Stryer (2018). Biochemie. Springer Spektrum Verlag, Heidelberg, 1165–1199.
- [5] B. Bröker, C. Schütt, B. Fleischer (2019). Grundwissen Immunologie. Springer Spektrum Verlag, Heidelberg, 4–6.
- [6] S. Modrow, D. Falke, U. Truyen, H. Schätzl (2010). Molekulare Virologie. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg.
- [7] J. M. Berg, J. L. Tymoczko, G. J. Gatto, L. Stryer (2018). Biochemie. Springer Spektrum Verlag, Heidelberg, 1170–1182.
- [8] H. Engelhardt (2020). Wieviele Mikrobenarten gibt es? Biol. unserer Zeit 50, 450–451.
- [9] B. Bröker, C. Schütt, B. Fleischer (2019). Grundwissen Immunologie. Springer Spektrum Verlag, Heidelberg, 102–105.
- [10] S. Tonegawa (1983). Somatic generation of antibody diversity. Nature 302, 575–581.
- [11] P. Leder (1982). The Genetics of Antibody Diversity. Scientific American 246, 102–115.
- [12] J. M. Berg, J. L. Tymoczko, G. J. Gatto, L. Stryer (2018). Biochemie. Springer Spektrum Verlag, Heidelberg, 1186–1187.
- [13] A. Korn-Müller (2012). Da stimmt die Chemie. Rowohlt Taschenbuch Verlag, Reinbek bei Hamburg, 73–79.

Zusatzmaterial

Das Arbeitsblatt inklusive Lösungen haben wir unter www.biuz.de zum Download für Sie bereitgestellt: Unter dem entsprechenden Artikel finden Sie es als separates PDF-Dokument.

Der Autor:



Andreas Korn-Müller studierte in Tübingen Chemie und promovierte 1994 am MPI für Biochemie in Martinsried. Nach einer zweijährigen Post-Doc-Forschung im HIV-Hochsicherheitslabor der LMU München arbeitet er seit 1997 freiberuflich auf dem Gebiet der „Wissenschaftsvermittlung“. Neben diversen Ausstellungen an Museen hat Dr. Korn-Müller bisher acht verschiedene Wissenschafts-Shows entwickelt, die er unter dem Künstlernamen „Magic Andy“ weltweit vor allem auf Science Festivals für Jung und Alt erfolgreich aufführt. Bisher hat er vier (Kinder-) Sachbücher geschrieben.

Korrespondenz

Dr. Andreas Korn-Müller
science comedy
Winterbergstr. 6c
01277 Dresden
E-Mail: show@science-comedy.com

SINNESPHYSIOLOGIE

Ohrentier Mensch



Für uns Menschen ist das Hören nach dem Sehen der zweitwichtigste Sinn. Taubheit beeinträchtigt das Alltagsleben und besonders die sozialen Interaktionen der Betroffenen gravierend.

Man denke nur an Gespräche als ein Hauptmittel der Kommunikation, an Geräusche als Warnsignale zum Beispiel im Straßenverkehr oder an musikalische Genüsse. Das vorliegende Buch bietet Nicht-Fachleuten einen sehr guten Einblick in die physikalischen und biologischen Grundlagen des Hörvorgangs, in die psychologischen Aspekte des Hörens und auch in die Ursachen und Symptome verschiedener Hörstörungen. Der Autor, emeritierter Physiologieprofessor an der Universität Gießen, versteht es, das Wissen über das Hörsystem zu kondensieren und den Lesern klar, knapp und ohne Fachsimpelei zu präsentieren.

Die Einleitung führt uns die Wichtigkeit und Komplexität des Hörens vor Augen. Das erste Drittel des Buches behandelt die Physik des Schalls und erklärt, mit welchen Signaleigenschaften es unser Hörsystem zu tun hat und welche Anforderungen es bewältigen muss. Hier tauchen einige Formeln auf, die manche Leser vielleicht abschrecken. Der Autor erklärt die zugrundeliegenden Gesetzmäßigkeiten aber auch in Worten und gibt dazu meist ein Beispiel aus der Alltagserfahrung; man kann also die Formeln überlesen. Wer sich mehr für die Biologie interessiert, kann den Physikeil zunächst auch ganz überspringen.

Anschließend geht es um die Empfängerseite zur auditiven Wahrnehmung, um das Alltagserleben verschiedenster Töne und Geräusche, also um die Hörwelten. Besonderes Gewicht liegt dabei auf der Behand-

lung von Sprache, Musik, störendem Lärm und Lärmschutz. Hier kommen Psychophysik und Psychologie zum Tragen; es werden nicht nur die physikalischen Aspekte beschrieben, sondern auch die subjektiven, emotionalen Attribute, die wir den jeweiligen Hörsignalen beimessen und die das persönliche Hörerlebnis ausmachen. Es folgt eine knappe Darstellung der Anatomie und Physiologie der Hörbahn vom Ohr bis zum Hörkortex. Man erfährt, wie die Ohren und das Gehirn die zuvor beschriebenen Leistungen erbringen, wie die neuronale Aufnahme der Hörreize durch die Haarzellen im Innenohr funktioniert und welches die weiteren Stationen neuronaler Verarbeitung sind. Schließlich werden kurz diverse Hörstörungen und Erkrankungen des Hörsystems angesprochen und die Untersuchungsmethoden und Therapien erklärt, die der Medizin dabei zur Verfügung stehen. Vieles davon wird auch schon in den vorausgehenden Kapiteln an den Stellen erwähnt, an denen die zugehörigen Grundlagen besprochen werden.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass das Buch sowohl naturwissenschaftlich bestens fundiert als auch klar und verständlich beschreibt, was und wie wir hören, und dies mit vielen interessanten und teils verblüffenden Details unterfüttert. Ein Beispiel: Die Haarzellen der Cochlea können durch den Schall verursachte Auslenkungen ihrer Sinneshärchen von nur 100 Picometer (100×10^{-12} m) detektieren. Hochgerechnet entspräche dies einer Auslenkung der Eiffelturmspitze um einen Zentimeter. Das Buch ist ausreichend mit Diagrammen und Kurven illustriert, die sehr nützlich für das Verständnis sind. Wer anatomische Abbildungen zur Veranschaulichung der Hörbahn möchte, muss sie in den zitierten Lehrbüchern oder im Internet suchen. Das gut sortierte Stichwortverzeichnis am Ende hilft beim Nachschlagen einzelner Aspekte. Naturwissenschaftliche Grundkenntnisse

sind für die Lektüre von Vorteil, aber diese kann man bei der Biuz-Leserschaft voraussetzen. Das Buch ist also eher nicht für ein breites Laienpublikum geeignet, sondern für Naturwissenschaftler/-innen einschließlich Studierender, aber z. B. auch für Musiker/-innen, die sich für die Grundlagen der Hörwahrnehmung interessieren. Der interdisziplinäre Ansatz bietet dazu vielfältige Perspektiven. Geschrieben ist dieses gelungene Werk in sehr angenehmem Stil, so dass man es nicht nur mit Gewinn, sondern auch mit Genuss liest. Sehr empfehlenswert!

Leo Peichl, Frankfurt am Main

Das Hören des Menschen.

Physik – Psychologie – Physiologie. Wolfgang Skrandies, Verlag Königshausen & Neumann, Würzburg 2021. 166 S., 19,80 €, ISBN 978-3-8260-7440-0.

BOTANIK

Spannendes vor der Haustür

Für viele Menschen wird die Natur immer fremder. Dem ein oder anderen Zeitgenossen erscheinen Pflanzen daher vielleicht nur als dekorativer grüner Hintergrund in der Landschaft. Dass dem nicht so ist, belegt Bruno P. Kremer eindrucksvoll. In drei Hauptkapiteln, die jeweils den Sprossachsen, den Blättern sowie den Blüten und Früchten der Pflanzen gewidmet sind, zeigt der erfahrene Sachbuchautor, welche morphologisch-anatomische, aber auch welche physiologische Vielfalt unsere heimischen Pflanzen aufweisen und in welcher vielfältigen Beziehung sie zu anderen Lebewesen stehen. Die Beschränkung auf im wesentlichen heimische Gewächse ist dabei nicht nur dem Umfang des Buches geschuldet – die Einbeziehung nicht-heimischer Pflanzen hätte die Seitenzahl und damit auch die Fülle an



Informationen nochmals drastisch erhöht –, vielmehr ist es dem Autor auch ein Anliegen, dem Leser die Natur direkt vor seiner Nase nahe zu bringen. Oft bedarf es gar keiner großen Artenkenntnis, um Interessantes zu entdecken. Ein genauer Blick – auch, aber nicht nur auf die Pflanzen im eigenen Garten – kann manches Wunderwerk der Natur offenbaren.

Fachlich überzeugt der Autor mit seinem umfangreichen Wissen. Zu bemängeln gibt es allenfalls Kleinigkeiten. Um ein paar Beispiele zu nennen: Die „Chloroxybakterien“ (*Prochloron*, *Prochlorococcus* und *Prochlorotrix*) werden mittlerweile den Cyanobakterien zugerechnet. Mit dem Begriff „Phylloodium“ beim Mäusedorn wäre ich zurückhaltender umgegangen, die Begriffe monoklin und diklin wurden vertauscht und die Europäische Lärche (*Larix decidua*) ist keineswegs das einzige in Deutschland angepflanzte sommergrüne Nadelgehölz (man denke etwa an *L. kaempferi* oder *Metasequoia glyptostroboides*). Angesichts der Fülle an präsentierten Informationen handelt es sich dabei aber um Kleinigkeiten, ja vielleicht sogar Spitzfindigkeiten.

Sprachlich ist das Buch in einem lockeren, gut lesbaren Stil geschrieben, wenngleich der Autor an manchen Stellen auch eine besondere Vorliebe für die Wörter „enorm“, „total“ und „cool“ zeigt. Fachlich dürfte das Buch trotz seiner großen Faktenfülle auch den nicht vorgebildeten, aber naturbegeisterten Leser nicht überfordern, auch wenn er sich wahrscheinlich dauerhaft nicht alles wird merken können. Dies mag aber auch dazu animieren, das Buch immer wieder von neuem in die Hand zu nehmen. An einigen wenigen Stellen könnte ein Leser ohne biochemisches Vorwissen vielleicht über Begriffe wie „Disulfidbrücken“ oder „C₃-Pflanzen“ stolpern. Diese werden zwar im Regelfall anschaulich erklärt und im Register aufgeführt, im Ausnahmefall aber auch ohne Erklärung oder mit Verweis

auf eine noch folgende Erklärung verwendet. Auch der vorgebildete Leser wird dem Buch vermutlich einiges Neues entnehmen oder sich zumindest an manches erinnern und den Entschluss fassen, in Zukunft noch etwas genauer hinzuschauen. Vielleicht sollte man sich das Buch als Lektüre für das Frühjahr oder den Sommer vornehmen, da es zu diesen Jahreszeiten sicher am leichtesten ist, viele der im Buch beschriebenen Phänomene zu beobachten. Aber auch im Winter gibt es natürlich einiges zu entdecken, etwa zur Stammanatomie von Bäumen (z. B. Drehwuchs) oder zu den ausnahmsweise rechtswindenden Lianen wie dem Waldgeißblatt.

Johannes Sander, Halver

Geniale Pflanzen.

Bruno P. Kremer, Springer-Verlag, Berlin, 2021, 263 S., 22,99 €, ISBN 978-3-662-63151-5.

ZELLBIOLOGIE

Phänomen Leben

Der britische Biochemiker und Zellforscher Paul Nurse erhielt für seine Forschung über die Regulatoren der Zellteilung und Zellreifung im Jahr 2001 den Nobelpreis für Physiologie oder Medizin. Das Arbeitsgebiet des Autors umfasst genetische und molekularbiologische Methoden, die für das Verständnis der Funktionen der Zelle grundlegend sind. In dem vorliegenden populärwissenschaftlichen Buch geht es um die großen Fragen des Lebens auf der Basis der Erkenntnisse der Zellbiologie. Wie sich Leben definieren lässt, wurde wiederholt beschrieben. Der Autor grenzt jedoch seine Ideen von der üblichen Aufzählung von Bewegung, Atmung, Reizempfindlichkeit, Wachstum und Reproduktion sowie Nahrungsaufnahme und Ausscheidung ab. Seiner Meinung nach beschreiben diese Funktionen zwar was Organismen tun, sie liefern jedoch keine

befriedigende Erklärung dessen, was Leben ist. Nurse beantwortet diese Frage anhand von fünf zellbiologischen Kriterien, nach denen die Kapitel gegliedert sind. Diese reichen von der Zelle als „Atom der Biologie“ über das Gen und die Evolution durch Selektion zu dem Leben als Chemie und Leben als Information.

Zusammenfassend gibt es drei grundlegende Aspekte, die das Leben eines Organismus definieren: (1) Die Fähigkeit, sich durch natürliche Selektion zu verändern. Hierzu gehören die Reproduktion und ein Vererbungssystem mit Variabilität. (2) Alle Lebensformen sind abgeschlossene physische Gebilde, die zwar von ihrer Umgebung abgegrenzt sind, aber mit ihr kommunizieren. Dies umschreibt das Konzept der biologischen Zelle, die die Körperlichkeit des Lebens definiert und auf diese Weise von sich ebenfalls entwickelnden Computerprogrammen und kulturellen Phänomenen verschieden ist. (3) Lebewesen sind (bio)chemische und physikalische Maschinen, die Information verarbeiten. Sie besitzen einen eigenen Stoffwechsel, der ihnen erlaubt, sich am Leben zu erhalten, zu wachsen und sich zu reproduzieren. Dies alles wird durch Informationsverarbeitung reguliert und koordiniert; Lebewesen funktionieren folglich als zweckmäßige Ganzheiten. Die drei genannten Punkte definieren, was Leben ist. Danach bilden Viren eine Ausnahme; sie sind als lebensähnliche Formen an der Grenze zwischen Leben und Nichtleben anzusehen. Aus evolutionsbiologischer Sicht hat das Leben, so wie wir es gegenwärtig kennen, nur ein einziges Mal auf der Erde begonnen. Die beiden abschließenden Kapitel stellen dies in einen größeren Zusammenhang und geben einen Ausblick auf die Möglichkeiten, große Bedrohungen wie die Entstehung von Krebs oder die Folgen des Klimawandels und die Corona-Epidemie zu verstehen. Die Kenntnis der genetischen Mechanismen auf zellulärer Ebene bietet auch Ansatzpunkte, medizini-



sche Probleme wie Infektionskrankheiten und Krebs oder Erbkrankheiten zu bekämpfen. Stichwort hierzu ist die Gentechnik, die beispielsweise seit den 1980er Jahren erlaubt, mit Hilfe gentechnisch veränderter Bakterien Insulin zur Behandlung von Diabetes zu produzieren. Auch gentechnisch veränderte Lebensmittel sieht der Autor als einen vielversprechenden Weg. Der Text ist sehr lesbar und gut geschrieben und umspannt einen weiten Forschungsbereich, der verständlich dargestellt und auch in die geschichtliche Entwicklung der genetischen und zellbiologischen Forschung eingeordnet wird. Neben wissenschaftlichen Erkenntnissen versteht es der Autor, die persönlichen Erfahrungen seines Forscherlebens einfließen zu lassen. Das Buch illustriert auch, dass es sich lohnt, sich über Jahrzehnte mit wissenschaftlichen Problemen wie dem einfach erscheinenden Zellzyklus zu beschäftigen, ohne den Blick auf die größeren Zusammenhänge zu verlieren. Dies steht in wohlthuendem Kontrast zu der oft kurzatmigen Forschung, wie sie sich heute gelegentlich präsentiert.

Wolfgang Skrandies, Gießen

Was ist Leben?

Die fünf Antworten der Biologie. Paul Nurse, Aufbau-Verlag, Berlin, 2021, 263 S., 20,00 €, ISBN 978-3-351-03888-5

ORNITHOLOGIE

Zweite Chance



Der Bartgeier gehört zu den enigmatischen Großvögeln Europas. Er ist ein Nahrungsspezialist. Im Unter-

schied zu anderen Geiern lebt er nicht vom Fleisch toter Tiere, sondern von deren Knochen, die übrigbleiben, wenn Gänse- und Mönchs-

geier ihre Arbeit erledigt haben. Kleine Knochen kann der Bartgeier direkt herunterschlucken und verdauen. Sie enthalten noch relativ viel Nährstoffe. Große Knochen ergreift er mit dem Schnabel oder den Füßen, fliegt sie zu einem Fels- hül (einer sogenannten Knochen- schmiede) und wirft sie dort aus großer Höhe ab. Die Knochen platzen beim Aufprallen auf, so dass der Bartgeier nun an das nahrhafte Knochenmark gelangen kann.

Bartgeier lebten vor 200 Jahren noch verbreitet in allen Gebirgen Europas, Asiens und in Afrika. Im 19. und 20. Jahrhundert wurde der Bartgeier überall als angeblich schädlicher „Raubvogel“ verfolgt und abgeschossen. In den Alpen gilt der Bartgeier seit 1920 als ausgestorben. Nach vergeblichen Ansiedlungsversuchen adulter Bartgeier zu Beginn des 20. Jahrhunderts, gelang es ab 1970, Bartgeier in Gefangenschaft zu züchten. Inzwischen haben sich 40 Zoos am Europäischen Erhaltungszuchtprogramm (EEP) beteiligt, in dem sich 180 Bartgeier befinden. Jedes Jahr können über 20 Junggeier aufgezogen werden, die dann für Auswilderungen im Alpenraum zur Verfügung stehen. 1986 erfolgte die erste erfolgreiche Auswilderung im Rauris in den Hohen Tauern. Seitdem wurden junge Bartgeier auch in der Haute-Savoie, im Engadin, in den Meeralpen und 2021 in den Bayerischen Alpen freigelassen. Diese Auswilderungen waren vielfach erfolgreich; schon 1996 kam es zur ersten Brut freigelassener Bartgeier in der Haute-Savoie. Bis 2020 erbrüteten die neu angesiedelten Bartgeier insgesamt 308 Junggeier in den Alpen. Damit hat der Bartgeier eine zweite Chance erhalten, wieder ein sicherer Brutvogel der Alpen zu werden.

Das Buch führt kurz und prägnant in die Biologie und Zucht der Bartgeier ein. Es stellt die verschiedenen Akteure, die sich um die Erforschung des Bartgeiers sowie um deren Schutz, Nachzucht und Auswilderung kümmern, in kurzen Porträts vor. Das Buch ist mit vielen

sehr guten Fotografien des Bartgeiers illustriert, so dass alleine das Schmökern auch für Nicht-Ornithologen ein Genuss ist. Die Autoren haben ein gut recherchiertes, spannendes und ansprechendes Buch geschrieben, das für jeden Leser sicher neue Einsichten und Erkenntnisse bereithält.

Michael Wink, Heidelberg

Der Bartgeier.

Seine erfolgreiche Wiederansiedlung in den Alpen. Hansruedi Weyrich, Hansjakob Baumgartner, Franziska Lörcher, Daniel Hegglin, Haupt Verlag, Bern, 2021, 243 S., 48,00 €, ISBN 978-3-258-08192-2.

VERHALTEN

Keine Sonderstellung



Wir Menschen gehen gewöhnlich mit Ignoranz und Arroganz davon aus, dass nur *Homo sapiens* ein intelligentes Wesen ist, während die

Tiere nur durch Instinkte überleben. Dabei wird übersehen, dass Tiere eine erhebliche praktische Intelligenz besitzen müssen, um täglich Nahrung zu finden, nicht von Feinden gefressen zu werden und um sich erfolgreich fortzupflanzen. Wenn Anthropologen Spuren von Frühmenschen oder noch älteren Vorfahren finden, werden Hinweise auf Werkzeuggebrauch herangezogen, um die Funde der Gattung *Homo* zuordnen zu können. Denn Werkzeuggebrauch gilt gemeinhin als eine intelligente Leistung und Alleinstellungsmerkmal, an der man Menschen erkennen kann.

Peter-René Becker ist Biologe und Ethnologe und leitete ab 1997

den Bereich Naturkunde im Übersee-Museum in Bremen und ab 2011 das Landesmuseum Natur und Mensch in Oldenburg. Bereits 1993 hatte Peter-René Becker einen ersten Überblick über Werkzeuggebrauch im Tierreich geschrieben. Für das vorliegende Buch hat er eine umfangreiche Literaturrecherche und eine neue Synthese vorgenommen, zumal in den letzten Jahrzehnten sehr viele neue Beobachtungen über den Werkzeuggebrauch bei Primaten (Schimpanse, Orang-Utan) und Rabenvögeln publiziert wurden.

In sechs Kapiteln wird der unterschiedliche Werkzeuggebrauch bei Tieren systematisch erörtert. Zunächst geht es um das Thema Hammer und Hämmern bei Vögeln (Rabenvogel, Schmutzgeier) und Säugetieren (Seeotter, Primaten) – also den Gebrauch von Steinen, um Muscheln, Eier oder Nüsse zu öffnen. Verwandt ist das Schlagen von Nüssen, Eiern oder anderen festen Beutetieren auf eine harte Unterlage (im Buch Amboss-Prinzip genannt). Dieses Verhalten ist bei vielen Vögeln, Reptilien und Säugetieren verbreitet. Einige Vögel und Primaten benutzen Zweigstücke oder lange Dornen, um in Löchern zu stochern. Ziel ist es, Beute aufzuspießen oder an Honig zu gelangen. Etwas raffiniert ist der Einsatz von Ködern, um Beute anzulocken. Manche Tiere werfen im Streit untereinander oder mit Feinden mit Steinen oder Ästen. Generell kann man beobachten, dass Werkzeuggebrauch und Cleverness mehrfach und unabhängig in der Evolution entstanden sind. Alle diese Verhaltensweisen setzen voraus, dass ein Tier einen Plan entwickelt haben muss, um ein Werkzeug für einen spezifischen Zweck einzusetzen. Dies benötigt Einsicht und Intelligenz. Häufig werden Vorbilder nachgeahmt, und in Populationen können sich im Werkzeuggebrauch kulturelle Traditionen herausbilden. Als Alleinstellungsmerkmal kann der Werkzeuggebrauch für *Homo sapiens* nicht länger angesehen werden, auch

wenn wir ihn zu einer besonderen Fertigkeit entwickelt haben. Was uns auszeichnet, ist unsere Fähigkeit zur Rückbesinnung, Antizipation, Reflexion und Verantwortung. Aber auch bei diesen Merkmalen dürfte es dazu zumindest bei den Menschenaffen schon Vorstufen geben. Dieses Buch ist kompetent geschrieben und gefällig gestaltet. Für den an Verhalten, Evolution und Anthropologie interessierten Leser ist es eine absolute Bereicherung und eine Anregung, über die vermeintliche Sonderstellung von *Homo sapiens* nachzudenken.

Michael Wink, Heidelberg

Wie Tiere hämmern, bohren, streichen.

Werkzeuggebrauch und Bandbreite der Kultur bei Tier und Mensch. Peter-René Becker, Hirzel, Stuttgart, 2020, 232 S., 24 €, ISBN 978-3-7776-2848-6.

RATGEBER

Wissenschaft richtig vermitteln



Der Titel ist verwirrend und induziert, dass nur Wissenschaftlerinnen Tipps zu einer adäquaten Kommunikation unter ihresgleichen benötigen.

Sind Frauen in der Wissenschaft im Gegensatz zu ihren (männlichen) Kollegen nicht in der Lage, einen Sachverhalt „kurz und knackig auf den Punkt zu bringen“, gerade das, was ja das handliche Buch vermitteln möchte? Wer sich über diese Ungereimtheit hinwegsetzt und sich mit den Tipps zur Wissenschaftskommunikation befasst, wird jedoch eines Besseren belehrt. Alle (angehenden) Fachleute sind angesprochen und erfahren Schritt für

Schritt, wie sie Sachverhalte aus ihrem Tätigkeitsfeld fachsprachlich angemessen, mit entsprechender „Selbstdarstellung“, verschiedenen Argumentationsformen und -hilfen auch mal „werb wirksam“ kommunizieren können, sei es in Vorträgen, universitären Veranstaltungen, Fachartikeln, Anträgen, Interviews u. ä. Die Sammlung von Strategie-, Taktik- und Vorbereitungstipps, „Wie bringe ich mich mit meinem Anliegen authentisch rüber, welche nonverbalen Kommunikationsformen sollte ich beherrschen?“ liefern zusammen mit den Interviews mit Medien-, Kommunikations- sowie Fachwissenschaftlern griffige Hilfestellungen. Die vielen Beispiele haben einen hohen Übertragungswert auf wissenschaftliche Alltagssituationen und -tätigkeiten. Auch das klare Layout trägt zur Benutzerfreundlichkeit bei. Jeder der inhaltlich voneinander unabhängigen Hilfestellungen ist durch zuvor definierte Symbole überschrieben. Diese lassen auf den ersten Blick erkennen, was das Kapitel zu bieten hat. Die kurz gefassten Kapitelüberschriften geben zudem einen klaren Hinweis auf den Inhalt des betreffenden Tipps und können gezielt angesteuert werden, zum Beispiel „Publikum involvieren“. Außerdem enthält das Buch praktische Übungen etwa zu „Meine Forschung ist wie...“ oder die Gestaltung von textarmen Folien. Kurz gefasst handelt es sich um ein situativ orientiertes Nachschlagewerk, das sowohl in wissenschaftliche Kommunikationsstrategien einführt als auch bereits vorhandene Kompetenzen schärft und somit einen praxistauglichen Beitrag dazu leistet, zur „souveränen Expertin oder zum souveränen Experten zu werden“.

Christiane Högermann, Osnabrück

Die souveräne Expertin.

77 Tipps für die verbale Wissenschaftskommunikation. Volker Hahn, Springer Verlag, Berlin, 2020, 189 S., 16,99 €, ISBN 978-3-3662-61722-9.

MIKROBEN VERSTEHEN

Mikroben leben in einer anderen Welt – Reibung

Mikroben leben mit uns in einer gemeinsamen Biosphäre; sie erfahren ihre Umgebung im Vergleich zu großen Organismen aber in mancher Hinsicht anders, und das betrifft nicht nur ökologische Eigenschaften. In der Welt kleiner Organismen nehmen physikalische Phänomene und Kräfte mitunter einen anderen Stellenwert ein als für große Lebewesen. Einem Effekt sind Mikroben besonders ausgesetzt: der Reibung.

Wir leben im Reich mittlerer Dimensionen und können uns bestenfalls ein theoretisches Bild davon machen, wie die Welt in atomaren oder astronomischen Verhältnissen beschaffen ist. So ist uns auch die Lebenswelt von Mikroben nicht zugänglich, weshalb manche im Mikrokosmos herrschenden Eigenschaften unsere Vorstellung überfordern oder verblüffen, darunter die Folgen der Reibungskräfte für im Wasser schwimmende Mikroben. Sie werden aber anschaulicher, wenn man einer etwas ungewöhnlichen Frage nachgeht.

Wie lang ist der Bremsweg von Mikroben?

Bakterien und Archaeen erreichen, gemessen an ihrer Körpergröße, mitunter beachtliche Geschwindigkeiten. So legt *E. coli* kurzzeitig bis zu 0,06 mm/s zurück [1], das rund 25-fache der Zellgröße, und diese Art ist bei weitem nicht der schnellste Prokaryot [2]. Ein Weißer Hai mit vier Metern Länge müsste im Vergleich dazu mit 100 m/s durch das Meer schießen. Wenn *E. coli* nun "bremst" – also die Flagellen nicht mehr gleichsinnig rotieren lässt oder ihre Bewegung einstellt –, um welche Strecke gleitet die Zelle dann noch weiter? Hai und *E. coli* werden jeweils durch die Reibung zwischen ihrer Oberfläche und den durch die Viskosität (innere Reibung) mitbewegten Wasserschichten abgebremst. Die wesentlichen Unterschiede zwischen den Organismen liegen in ihrer Geschwindigkeit und Körpermasse, die gegen die Trägheitskraft zum Stillstand gebracht werden

müssen. Hier ist beim Hai wesentlich mehr zu bewältigen.

Das Verhältnis aus Bewegungs- und Reibungsenergie zwischen einem (als kugelförmig angenommenen) Körper und der umgebenden Flüssigkeit beschreibt die Reynoldszahl *Re*. Sie enthält die Geschwindigkeit und Größe des Körpers sowie die Dichte und Viskosität des Mediums (Kasten): je kleiner *Re*, desto stärker die Hemmung durch Reibungskräfte. Bakterien wie *E. coli* erreichen einen Wert $\leq 10^{-4}$, der Hai dagegen etwa 10^7 . Reibung hat also einen dominierenden Einfluss auf Mikroben, die sich alle in laminaren Strömungsverhältnissen bewegen ($Re \ll 1$).

Den Bremsweg *s* kann man mittels des Stokesschen Gesetzes, das die Reibungskraft F_R in Flüssigkeiten angibt (und wegen der kleinen Reynoldszahl anwendbar ist), der Kraft-

und einer Bewegungsgleichung ermitteln (Kasten). Die Reibungskraft beträgt für unser Bakterium etwa $6 \cdot 10^{-13}$ N, was sehr gering anmutet. Weil *E. coli* eine so geringe Masse besitzt und praktisch keinen Trägheitskräften unterliegt, ergibt die Bremsverzögerung mit $a \approx 600$ m/s² jedoch einen beachtlichen Betrag. Der "Bremsweg" von *E. coli* fällt deshalb spektakulär kurz aus, er beträgt kaum 10^{-11} m. Das entspricht einem Bruchteil der Größe eines H-Atoms! Auch wenn die Abschätzung idealisiert ist, wird deutlich: Mikroben gleiten nicht aus; sie halten buchstäblich auf der Stelle.

Wie bewältigen Mikroben den Reibungswiderstand?

Die Evolution hat den Hai mit einem reibungsarmen Hautprofil versehen, damit der Energieaufwand beim Schwimmen gering und die Impulsübertragung durch Flossenschläge effizient ausfällt. Dieses Prinzip war für die Entstehung eines mikrobiellen Schwimmparats nicht nutzbar – auch deshalb nicht, weil Wasser für Mikroben ein so viskoses Medium darstellt. Wollte man die Verhältnisse auf unsere Erfahrungswelt übertragen (mit *Re* und *v* von Mikroben), schwömmen wir nicht in Wasser, sondern in einem zähen Brei vergleichbar mit Honig (10^3 kg/(m · s)).

REIBUNGSEINFLUSS AUF SCHWIMMENDE MIKROBEN

a) Bewegung und Reibung

Reynoldszahl

$$Re = \frac{v \cdot d \cdot \rho}{\eta}$$

Dichte (Wasser)

$$\rho = 10^3$$

kg/m³

dynamische Viskosität (Wasser)

$$\eta = 10^{-3}$$

kg/(m · s)

Geschwindigkeit

E. coli
 $v = 6 \cdot 10^{-5}$ m/s

Weißer Hai
 $v \approx 15$ m/s

Durchmesser

$$d \approx 10^{-6}$$
 m

$d \approx 1$ m

b) Bremsweg von E. coli

Stokessches Gesetz

$$F_R = 6\pi\eta r v$$

Reibungskraft

Kraftgleichung

$$a = F_R/m$$

Bremsverzögerung *a*

Bewegungsgleichung

$$s = v^2/2a$$

Bremsweg *s*

Zahl π

Radius des Bakteriums

$$r \approx 0,5 \cdot 10^{-6}$$

m

Masse des Bakteriums

$$m \approx 10^{-15}$$

kg

Symmetrische Bewegungen führen unter Bedingungen kleiner Reynoldszahlen zu keiner Fortbewegung [3]. Die Flagellenfilamente der Bakterien und Archaeen sind spiralig gewunden und werden in eine schraubenähnliche Drehung versetzt – ein asymmetrischer Antrieb, der Mikroben befähigt, in viskosen Medien zu schwimmen [3, 4]. Die rotierende Spirale erfährt eine resultierende Kraft in Richtung ihrer Längsachse und schiebt die Zelle nach vorn [4]. Der Flagellenantrieb wird oft mit einer Schiffsschraube verglichen; er ähnelt strukturell aber eher einem Korkenzieher, der bei Drehung aus dem Medium Kork herausgedrückt wird. Allerdings gelingt die Übersetzung der Flagellenrotation in Vorschub nicht vollständig; sie beträgt bei Flagellenbündeln relativ zur gemessenen Geschwindigkeit rund 10 Prozent der helikalen Ganghöhe pro Umdrehung [5]. Denn die Rotation kann durch den Schlupf der Flagellen im Wasser nur teilweise in Vorschub umgesetzt werden (es ist kein Festkörper wie Kork). In Medien mit höherer Viskosität steigt der Vorschub pro Umdrehung deutlich an [5]. Ein weiterer Teil des möglichen Vorschubs geht durch die Gegenrotation des Zellkörpers verloren. Welchen Reibungswiderstand die Struktur der Zelloberfläche dabei ausübt, ist unbekannt. Grundsätzlich sinkt die Rotationsfrequenz mit steigender Last auf den Drehmotor.

Das Bakterium *Magnetococcus marinus* erreicht mit bipolaren Flagellenbündeln, die synchron als Schub- und Zugsysteme arbeiten, bis zu 0,5 mm/s und legt dabei einen komplizierten spiraligen Pfad zurück, der bei größerer Betrachtung kürzer erscheint als die exakte Spur in 3D. Außerdem ergeben Kurzzeitmessungen höhere Geschwindigkeiten als über längere Perioden erfasste Werte [6]. Die Beurteilung der Bewegungseffizienz ist also facettenreicher als auf den ersten Blick erwartet [3].

Gegen den Strom

Intuitiv sollten die winzigen Mikroben gegen strömendes Wasser

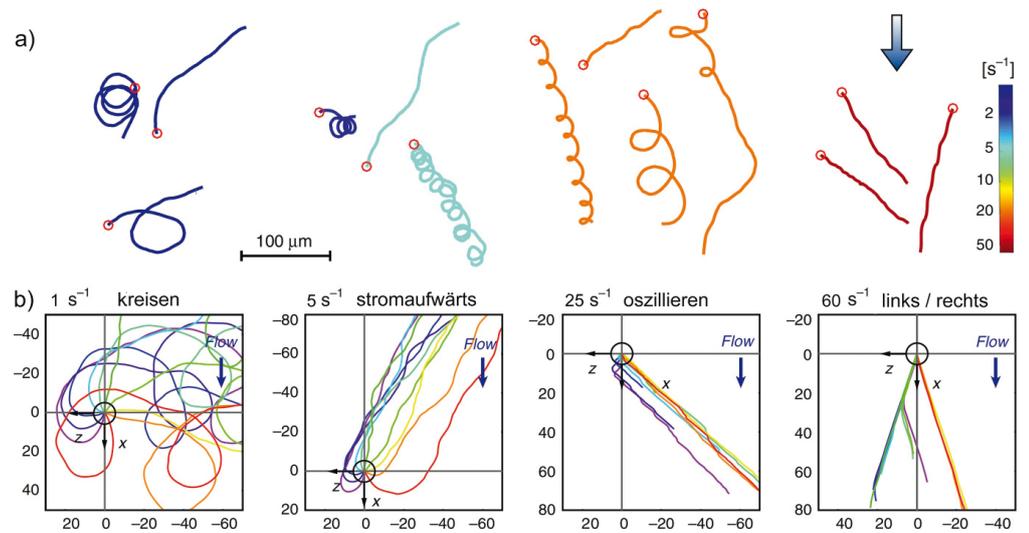


ABB. 1 Bewegungsmuster von *E. coli* in strömendem Wasser 5 μm oberhalb einer Oberfläche (Boden). **a)** Beobachtete Trajektorien bei verschiedenen Scherungsraten (s^{-1} ; eingefärbt nach Farbcode), Pfeil: Fließrichtung, Kreise markieren Startpunkte. **b)** Nach Theorie simulierte Schwimmrichtungen (Wege farblich unterschieden) bei kritischen Scherungsraten (s^{-1}), x-z-Ebene parallel zum Boden, Position in μm relativ zum Startpunkt. Verändert nach [8] gemäß Creative Commons Attribution License CC 4.0.

nicht ankommen können und mitgeschwemmt werden. In der Nähe von Festkörpern (Distanz einige Mikrometer) treten aber jeweils Wechselwirkungen zwischen der viskosen Flüssigkeit (Scherkräfte) bzw. den Zellen (Adhäsionskräfte) und der Substratoberfläche auf. Die Interaktionen führen mit der aktiven Bewegung zu einer Reorientierung der Mikroben. Die elongierten Bakterien (Zellkörper mit Flagellen) richten sich dabei längs zur Strömungsrichtung aus und schwimmen stromaufwärts [7]. Diese als Rheotaxis bezeichnete Fortbewegung lässt sich physikalisch beschreiben und ergibt, theoretisch und beobachtbar, vier typische Schwimmverläufe von *E. coli* [8] (Abbildung 1). Bei geringerer Scherungsrate des Mediums bewegen sich die Zellen bevorzugt in Rechtskurven (wegen der Chiralität und Drehrichtung des Flagellenbündels). Bei moderater Scherungsrate schwimmen sie schräg gegen den Strom. Bei höherer Rate werden sie in Strömungsrichtung abgelenkt und vollführen komplexe Oszillationen. Noch stärkere Strömungen nehmen die Bakterien mit, sie können aber nach rechts oder links abweichen

und zwischen den Richtungen auch wechseln (Abbildung 1).

Die Antriebsformen (variierte Flagellierung) und die resultierenden Fortbewegungen der Mikroben im für sie zähen Medium Wasser entpuppen sich als überraschend komplex [9]. Und man gelangt bald zur Frage, ob den Schwimmvarianten auch eine biologische Bedeutung zukommt. Diesem Aspekt geht der Folgebeitrag nach.

Literatur

- [1] D. Deepika et al. (2015). Arch. Microbiol. 197, 211–222.
- [2] B. Herzog, R. Wirth (2012). Appl. Environm. Microbiol. 78, 1670–1674.
- [3] E. M. Purcell (1977). Am. J. Phys. 45, 3–11.
- [4] H. C. Berg (2004). *E. coli* in Motion. Springer-Verlag, New York.
- [5] Y. Magariyama et al. (2001). FEMS Microbiol. Lett. 199, 125–129.
- [6] K. Bente et al. (2020). eLife 9, <https://doi.org/10.7554/eLife.47551>
- [7] J. Hill et al. (2007). Phy. Rev. Lett. 98, 068101.
- [8] A. J. T. M. Matthijssen et al. (2019). Nat. Commun. 10, <https://doi.org/10.1038/s41467-019-11360-0>
- [9] N. Wadhwa, H. C. Berg (2022). Nat. Rev. Microbiol. 20, 161–173.

Harald Engelhardt, Martinsried

AUSSERSCHULISCHE LERNORTE

Die Stiftung Deutsches Meeresmuseum – Meereswelten in vier Museen

Das Deutsche Meeresmuseum ist mit über 800.000 Besuchern pro Jahr in seinen vier Ausstellungshäusern das meistbesuchte Naturkundemuseum Deutschlands. Es wurde 1951 von Prof. Otto Dibbelt als „Natur-Museum“ gegründet und erhielt zwischen 1965 und 1975 seinen meereskundlichen Charakter. Bereits 1968 wurden erste Teile des Meeresaquariums im Keller aufgebaut. In Ausstellungen wird das Leben im Meer vorgestellt, Wissenschaftler erforschen die Vielfalt und Biologie der Meere, und Besucher staunen über die Welt unter Wasser in den Aquarien.

„Die Ausgangsposition für den Aufbau des konzipierten Museums war ungünstig. Von dem gesamten Sammlungsbestand war nur ein winziger Prozentsatz wissenschaftlich verwertbar. Ferner besaßen nur wenige Präparate die Qualität, die eine moderne Museumsausstellung erfordert, und es mußten nahezu alle Exponate für die neuen Ausstellungen erst präpariert werden. [...] Dass sich 1956 lediglich 5 Räume beheizen ließen, kein Warmwasserbereiter und lediglich ein Wasserhahn mit Becken [...]

vorhanden waren, charakterisiert vielleicht etwas die Situation.“

Als Museumsdirektor Sonnfried Streicher diese Sätze 1980 schrieb, war aus dem 1951 gegründeten „Natur-Museum“ bereits das Museum für Meereskunde und Fischerei der DDR gewachsen. Er und seine Mitarbeiter hatten es geschafft, aus Trümmern das meistbesuchte Museum der DDR entstehen zu lassen – in der am wenigsten besiedelten Region Deutschlands, in einem ehemaligen Kloster, akribisch und wissenschaftlich fun-

diert und so modern wie kaum ein anderes Museum weltweit. Als weitere Ausstellungshäuser öffneten 1991 das NATUREUM, 1999 das NAUTINEUM und 2008 das OZEANEUM ihre Pforten (Abbildung 1). Das OZEANEUM wurde 2010 als „Europas Museum des Jahres“ ausgezeichnet. Seit 2021 ist das MEERESMUSEUM für 2 Jahre geschlossen – nach 45 Jahren werden gerade die Ausstellungen und Aquarien modernisiert.

Lösungsmöglichkeiten aufzeigen

Das MEERESMUSEUM hat es sich zur Aufgabe gemacht, die Besucher/-innen über die Schönheit und Vielfalt der Meere, über Meeresbewohner und über unbekannte Welten unter Wasser zu informieren. Ist das Interesse geweckt, wird so eine Basis gelegt, um komplexe Probleme der Meeresumwelt zu erläutern und die Verantwortung der Menschen für ihr Verhalten zu verdeutlichen. Da nur positiv motivierte Menschen bereit für eine Veränderung sind, werden auch in jedem Falle Lösungsmöglichkeiten aufgezeigt. In den vier Ausstellungshäusern werden dabei unterschiedliche Aspekte aufgegriffen: die warmen Meere im MEERESMUSEUM, die kalten und temperierten Ozeane im OZEANEUM, Meereskunde, Fischerei und traditioneller Bootsbau im NAUTINEUM und die lokale Vielfalt des Nationalparks Vorpommersche Boddenlandschaft im NATUREUM (Abbildung 2). Die Ausstellung „Riesen der Meere“ im OZEANEUM erlaubt es dem Besucher durch eine Begegnung mit Blauwal, Buckelwal und Mondfisch, die Atmosphäre im Meer zu erleben. In der Natur wird dieses Glück nur wenigen Menschen zuteil. Im MEERESMUSEUM ist es möglich, Meeresschildkröten hautnah zu erleben – die großen Meeresreptilien machen es leicht, eine intensive Verbindung mit der Natur aufzubauen.

Wissenschaft, Forschung und Sammlung

Als noch junges Museum ist die Sammlung derzeit auf unsere lokalen Küstenbewohner und tropische Ex-



ABB. 1 Die Ausstellungshäuser der Stiftung Deutsches Meeresmuseum.



ABB. 2 Ausstellungsinhalte und Aquarien der Stiftung Deutsches Meeresmuseum.

ABB. 3 Zwei Seeteufel im Aufhellpräparat. Die Knochen und Dentin sind rot gefärbt, während Knorpel in Blau zu erkennen ist. Das obere Tier hatte Nahrung zu sich genommen. Foto: Dr. Timo Moritz.

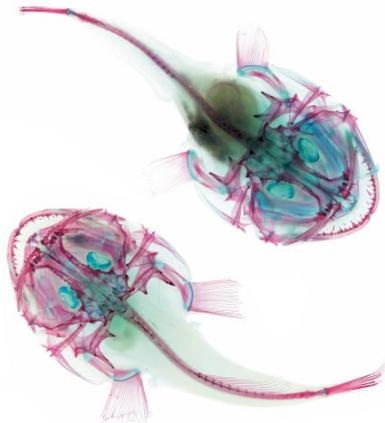


ABB. 6 Ein „Maori-Schwertwal“ – die Lärmeinflüsse im Meer haben ihre Spuren in Form von Tätowierungen auf dem Tier hinterlassen.

ABB. 4 Schwerpunkte der Forschung und Sammlung am Deutschen Meeresmuseum. Grafik: Thomas Korth.



ponate konzentriert. Bedeutsames Sammlungsgut konnte in nun fast 70 Jahren zu den Themen Meeresbiologie, Fischerei, Meereskunde und Meeresgeologie gewonnen werden. Insbesondere die Schweinswalsammlung des Deutschen Meeresmuseums gehört zu den größten ihrer Art in Europa. Zusätzlich wurde die Fischsammlung durch Aufhellpräparate (Abbildung 3) bereichert. Mit diesen transparenten Fischen werden die vergleichende Entwicklungsgeschichte der einzelnen Arten und die Entwicklung von der Larve bis zum ausgewachsenen Fisch nachvollzogen und sichtbar gemacht. In der Forschung konzentriert sich das Deutsche Meeresmuseum auf die Bereiche

marine Wirbeltiere, europäische Meere und die Forschung an der Sammlung (Abbildung 4). Hervorzuheben sind Freilandforschungen an den heimischen Arten, besonders an Schweinswalen und Kegelrobben. So werden seit 2002 Schweinswalclickdetektoren genutzt, um die Auf-



ABB. 5 Über eindringliche Grafiken werden Themen der Meeresumwelt auch in Signets verarbeitet. Grafik: Thomas Korth.

enthaltmuster der einzigen in Deutschland heimischen Wale zu erforschen. Sie nutzen dauerhaft Klicklaute, um über das Echo Informationen über die Umgebung zu gewinnen.

Vermittlung aktueller Themen

Um aktuelle Themen in der Öffentlichkeit zu verankern, kreierte das Deutsche Meeresmuseum Jahresthemen. Unser Sonderthema „Kein Lärm Meer“ (Abbildung 5) nutzt unsere Wissensplattform, um deutlich zu machen, dass es unter Wasser laut ist – einige der natürlichen Geräusche überraschen die Besucher – sie sind laut, leise, und manche sind melodisch. Der menschgemachte Lärm durch Schiffe, Explosionen, Sonare, Rammungen von Pfählen für die Offshore-Windkraft nimmt jedoch zu – er ist eine ernste Gefahr für fast alle Tiere im Meer (Abbildung 6).

Michael Dähne, Stralsund

BESUCHERINFORMATION

Öffnungszeiten:

Aktuelle Informationen zu Öffnungszeiten, Besuchertipps und Veranstaltungen:

www.deutsches-meeresmuseum.de
www.ozeaneum.de

Eintrittspreise und Tickets:

Die derzeit gültigen Preise sind unter www.ozeaneum.de/preise und www.natureum-darss.de einsehbar.

Das NAUTINEUM ist kostenfrei. Für das OZEANEUM bitte online buchen, da an den Kassen derzeit nur Restkontingente erhältlich sind.

Tel.: +493831 2650 610

E-Mail: info@meeresmuseum.de

PARTNER DES MENSCHEN

Reis: Grundmahlzeit und Kulturbegleiter

Als Grundnahrungsmittel hat die Reispflanze nicht nur die wachsende Weltbevölkerung gestützt, sondern sie hat gerade in Asien die kulturelle Entwicklung mitgeprägt. Menschen schätzen die stärkehaltigen Samen, nutzen aber auch andere Teile der Reispflanze für Gebrauchsgegenstände wie Matten oder Hüte. In hügeligen Regionen hat der Reisanbau die Landschaft verändert, und zukünftig wartet er mit neuen Konzepten zur Ko-Kultivierung auf. Längst haben Genetiker die Reispflanze mit neuen Eigenschaften ausgestattet, die den Anbau erleichtern und die Qualität verbessern.



ABB. 1 *Oryza sativa*-Pflanzen mit reifen Ähren.

Foto: www.pixabay.com.

Neben Weizen gehört Reis zu den wichtigsten Getreidesorten für die menschliche Ernährung. Die größten Anbaugelände befinden sich zwar in China, Indien, Indonesien und Bangladesch, aber der ertragreiche Stärkeproduzent wird auch in den USA, Teilen Afrikas und Südeuropas angepflanzt. Im Gegensatz zu unseren Breiten dominiert die Reispflanze in Asien aber nicht nur die Ernährung, sondern auch viele kulturelle Aspekte bis zur Religion.

Oryza sativa (Abbildung 1), wie die beliebteste Reisart heißt, gehört zur Familie der Süßgräser (*Poaceae*) und ist meist einjährig, das heißt sie muss jedes Jahr wieder neu ausgesät werden. Am Ende des etwa 50–160 cm langen Halms entsteht eine Rispe, die nach der Bestäubung durch den Wind 80–100 stärkehaltige Samen

trägt. Pro Pflanze können bis zu 30 Halme austreiben, so dass maximal 3000 Reiskörner geerntet werden können – je Pflanze! Wie andere Getreidesorten auch wächst Reis ursprünglich nicht im Wasser. Auch heute noch gibt es Regionen – vor allem im Gebirge – wo der Reis im Trockenanbau gedeiht. Dass vielerorts die Felder wochenlang überflutet werden, führt zu einer deutlichen Ertragssteigerung. Und so hat der Mensch über Jahrtausende Sorten gezüchtet, die sich an diese Anbauweise angepasst haben.

Als Wildform gilt *Oryza rufipogon*, der nicht verwechselt werden sollte mit dem im Handel erhältlichen „Wildreis“, denn letzterer gehört zur amerikanischen Gattung *Zizania*. *Oryza rufipogon* kommt natürlicherweise in den Feuchtgebieten Südasiens und Südchinas vor. Domestiziert



ABB. 2 Reis gibt es in den verschiedensten Größen, Formen und Farben.

Foto: International Rice Research Institute.

SCHACHMATT MIT REIS

Laut Legende ist die Erfindung des Schachspiels eng mit dem Reis verknüpft. Als Lohn wünschte sich der clevere Erfinder von seinem persischen König Reis. Ein Korn auf dem ersten Feld, zwei auf dem zweiten, danach vier, acht usw. Da der König offensichtlich kein Kenner von exponentiellen Reihen war, entging ihm zunächst, dass er diesen Wunsch unmöglich erfüllen konnte. Bei 64 Feldern auf dem Schachbrett ergäbe sich eine Zahl von über 18 Trillionen Körnern oder etwa 200 Mio. Tonnen. Auf jeden Fall überstieg diese Menge die gesamte Jahresernte des Persischen Reiches um ein Vielfaches!

wurde die Wildform neueren Untersuchungen zufolge spätestens vor 8.200 Jahren in China, obwohl Einzelheiten noch umstritten sind. Von dort hat sich die neue Kulturpflanze über das tropische und subtropische Asien ausgebreitet. Durch häufige Hybridisierung mit nah verwandten *Oryza*-Arten entstand im Laufe der Zeit eine sehr große Bandbreite von Langkorn- bis Rundkornreis, verschiedenen Farbvarianten und anderen Merkmalskombinationen. Mittlerweile gibt es weltweit mehr als 120.000 Reissorten (Abbildung 2).

Reis ist inzwischen ein Kulturgut geworden und steht für Leben und Fruchtbarkeit. Aus China stammt der

Brauch, Brautleute mit Reis zu bewerfen, um ihnen Glück und viele Nachkommen zu wünschen. In Europa wurde dasselbe früher mit Weizen getan. In Indien und Bangladesch ist Reis ein fester Bestandteil der Hochzeitszeremonie. In Japan hat die Reispflanze den Alltag noch weiter durchdrungen. Die traditionellen Bodenbeläge – die Tatami-Matten – werden aus Reisstroh gefertigt, und alkoholische Getränke wie der Sake werden ebenfalls aus der Reis-pflanze gewonnen.

Reisanbau verändert Landschaft und Klima

Der Nassanbau hat die Agrarlandschaften Asiens grundsätzlich verändert. Die wochenlange Überflutung der Reisfelder verhindert das Wachstum vieler konkurrierender Pflanzenarten sowie die Ausbreitung bodenlebender Schädlinge, so dass die Erträge deutlich steigen. Dazu müssen die Reisfelder an eine gute Wasserversorgung angeschlossen sein, und auch der Zu- und Abfluss des Wassers muss reguliert werden können. Dementsprechend prägen Kanäle, Dämme und Terrassen die Regionen, in denen Reis angebaut wird (Abbildung 3). Der Nassanbau hat aber auch einen Einfluss auf das Klima. Die Staunässe sorgt nämlich dafür, dass der Sauerstoffgehalt im Boden des Reisfeldes stark zurückgeht, so dass sich anaerobe, methanogene Archaeen vermehren. Das durch sie freigesetzte Methan (CH_4) macht laut Schätzungen etwa 17 Prozent des Methans in der gesamten Atmosphäre aus und trägt so erheblich zum Menschen gemachten Treibhauseffekt bei (im Vergleich zu Kohlendioxid wirkt CH_4 als Klimagas 21mal stärker). Tragischerweise könnte der Temperaturanstieg Modellrechnungen zufolge für einen Rückgang der weltweiten Reisproduktion um bis zu 40 Prozent bis zum Ende des Jahrhunderts führen mit nicht auszudenkenden Folgen für die menschliche Ernährung.

Trotz seiner Nachteile überwiegt der Nassanbau mit 80 Prozent der



ABB. 3 Reisanbau in Vietnam: Hügel werden zu Terrassen umgestaltet, um Staunässe zu ermöglichen. Foto: Dung Le Tien auf www.pixabay.com.

gesamten Produktion. Das Wasser muss langsam fließen, damit einerseits die Algenbildung verhindert wird, andererseits aber auch keine Bodennährstoffe ausgeschwemmt werden. Findige Bauern nutzen die temporären Gewässer schon lange zur Zucht von Fischen und Krebsen, die den Speiseplan zusätzlich bereichern. Auch eine Ko-Kultivierung der Reispflanzen mit dem Algenfarn der Gattung *Azolla* verbessert auf vielen Feldern den Ertrag. Die kleine Schwimmpflanze beherbergt in ihren Blatthöhlen Cyanobakterien der Gattung *Anabaena*, die den Luftstickstoff fixieren kann, so dass *Azolla* zu dichten Matten zwischen den Reispflanzen heranwachsen kann. Nach der Reisernte wird der Algenfarn als Gründünger in den Boden eingearbeitet, wo der fixierte Stickstoff wieder freigesetzt wird und die Fruchtbarkeit des Bodens erhöht. Das Ökosystem „Reisfeld“ kann aber noch im Sinne der Menschen erweitert werden. Statt Reisschädlinge wie bestimmte Käfer und Schmetterlingsraupen durch teure Insektizide fernzuhalten, nutzen die Bauern vielerorts schon tierische Helfer (Abbildung 4): Ganze Entengeschwader werden per LKW in die Reisfelder gefahren, wo sie aus eigenem Antrieb die Reispflanzen von



ABB. 4 Enten entfernen Unkräuter und Schädlinge. Foto: www.pixabay.de.

Schädlingen befreien und dabei noch die Gewässer düngen, was wiederum für das Wachstum der Reispflanzen von Vorteil ist. Ganz nebenbei dient die Entenzucht auch als wertvolle Eiweißquelle für die Menschen.

Reisforschung für die Massen

Kein Wunder also, dass sich auch die Molekularbiologie der „Reis-Optimierung“ widmet. Das Genom von *O. sativa* wurde 2001 weitgehend entziffert und enthält ca. 45.000 Gene. Im sogenannten „Goldenen Reis“ wurden zwei Gene hinzugefügt, um in den Reissamen die Produktion von Beta-Carotin zu aktivieren. Dadurch enthalten die Körner eine Vorstufe von Vitamin A, was für Menschen, die sich überwiegend von Reis ernähren, sehr vorteilhaft ist.

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



MANAGEMENT-FALLSTRICKE, TEIL 12

Denkfehler: Enge Vertraute geben die besten Ratschläge

Fehlentscheidungen sind menschlich. Wir aber lassen in unserer neuen 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?

Spitzmaus Mara zupfte das kleine weiße Gänseblümchen kahl. Soll ich ... soll ich nicht ... Sie tat sich wirklich schwer mit ihrer Entscheidung. Seit der Elch das Sagen im Wald hatte, gefiel es ihr nicht mehr. Er war so pingelig. Wollte alles wissen, beobachtete alles und jeden und hinterließ überall seine großen, unbeholfenen Spuren. Dabei hatte alles so gut angefangen. Mara lebte schon seit mehreren Jahren im gleichen Waldbezirk. Sie kannte mittlerweile alle Futterverstecke, eine Menge anderer Spitzmäuse und wundervolle geheime Plätze. Mara war beliebt und geschätzt. Neue Waldbewohner lernten sie schon nach kurzer Zeit als zuverlässige Ansprechpartnerin schätzen, auf die man sich immer verlassen konnte und die ihr Wissen ohne Wenn und Aber teilte.

Seit der Elch da war, hatte Mara jedoch immer öfter das Gefühl, dass es ihr im Wald zu eng wurde. Ihr

widerstrebten die kleinkarierten Zettelchen mit Anweisungen, die der Elch täglich an alle Bewohner verteilte. Sie wollte selbst entscheiden dürfen, lenken, Dinge vorantreiben und eigene Spuren hinterlassen. Daher hatte sie sich auch auf den hohen Posten beworben, der ganz neu zu besetzen war. Zwei Gespräche hatte sie schon deswegen mit der Waldleitung geführt. Sie würden sie nehmen! Sie musste nur noch „ja“ sagen. Der Posten war ziemlich hoch oben. Mehrmals am Tag beschnupperte sie ihn. Er war aus Holz, das gefiel ihr. Aber es sah so einsam dort oben aus! Zur Probe kletterte sie an der glatten Holzoberfläche nach oben. Schwindelerregend hoch war das. Und kalt! Der Wind zog hier oben viel mehr als unten. Zitternd kauerte sie sich zusammen und zog ihr Fell hoch in den Nacken. Dann schaute sie nach unten und sah ihre Freunde wie kleine Pünktchen ihrem Tagesgeschäft nachgehen. Selbst der Elch sah von oben klein aus.

Zurück in ihrer Behausung besprach sie ihre Ängste mit ihren Freunden. „Du wärst halt sehr nahe bei der Sonne. Und an der Sonne verbrennt man sich leicht ...“, gab Mauricio zu bedenken. „Da oben weht auch ein anderer Wind“, meinte Maureen. Mara nickte. Da wird dann nichts mehr freundlich und nett gelöst, da muss sie sich schon zu behaupten lernen. „Es sieht so verdammt einsam dort oben aus“, seufzte Mara. Die anderen zuckten mit ihren Schultern. Das sei doch normal bei so hohen Posten.

„Überlege Dir, ob Du das wirklich willst“, kam von Mauricio. „Brauchst Du denn überhaupt eine Veränderung? Sei doch mit dem zufrieden, was Du hast!“. Die Vorstellung des bedrohlichen Röhrens des Elches, gegen das sie machtlos war, und noch dazu die erwartete Einsamkeit auf dem hohen Posten schnürten Mara die Kehle zu. Sie ließ sich noch weitere drei Tage und drei Nächte Zeit mit ihrer Entscheidung. Am vierten Tag ging sie zur Waldleitung und lehnte den Posten ab. So kam es, dass Mara weiterhin jeden Morgen einen neuen kleinkarierten Zettel des Elches an ihrem Bau vorfand, mit Anweisungen, die sie bis zum Abend widerwillig erledigte.

Viele Monate später machte Mara Bekanntschaft mit der netten Häsin Hadiya. Sie hatten sich noch nie zuvor gesehen, denn Hadiya lebte nicht unten im Wald, sondern auf einem hohen Posten. Mara war neugierig, ob Hadiya sehr einsam sei und ihre Freunde vermisste. Außerdem interessierte sie, wie sie das ständige Röhren des Elchs verkraftete. „Ich vermisse meine Freunde nicht. Ich sehe sie ja täglich!“, entgegnete Hadiya. Mara kam aus dem Staunen nicht mehr heraus. Da verriet ihr Hadiya, dass ihre Freunde auch auf anderen hohen Posten saßen und dass sie sich dort gegenseitig besuchten. „Man muss eben von einem Posten zum anderen Posten schauen, das ist das ganze Geheimnis“, verriet Hadiya. „Und der Elch?“, fragte Mara. „Findest Du sein Röhren nicht bedrohlich?“. Hadiya zuckte mit den Ohren. Dann legte sie eines schief und zwin-kerte Mara zu: „Wenn es mir zu laut wird, höre ich einfach nicht hin“. „Schade, dass bereits alle Posten belegt sind“, sagte Hadiya. „Wäre bestimmt auch etwas für Dich“.

Und die Moral von der Geschicht: Jeder Vertraute hat eine Sicht, doch taugt diese als Ratschlag oft nicht.

Ihre Andrea Hauk,
andrea.hauk@gmx.de

FAKTENBOX

Wenn wir einen Ratschlag brauchen, fragen wir intuitiv Menschen aus unserem engeren Umfeld. Doch bekommen wir dadurch die Information, die uns wirklich weiterbringt? Die gängige Meinung passt vielleicht gar nicht auf unser eigenes Problem! Angenommen, Sie wollten ein Unternehmen gründen. Die meisten Menschen aus ihrem Umfeld würden Ihnen vermutlich abraten: die einen, weil es viel zu riskant sei, die anderen aus Sorge vor einer Veränderung oder weil gemeinsame Aktivitäten darunter leiden könnten. Die gängige Meinung hilft uns also nicht automatisch weiter. Fragen Sie daher vielmehr diejenigen um Rat, die ein gleiches Problem wie Sie hatten bzw. haben, also in diesem Fall Gründer und Unternehmer. Von ihnen werden Sie wertvolle Informationen, Erfahrungsberichte und Kontakte bekommen, die Ihnen in Ihrer eigenen Entscheidungsfindung wirklich helfen.

RÜCKBLICK

- 4/21 Schwarmintelligenz
 4/21 Mehr Nachhaltigkeit durch Genomeditierung
 4/21 Die Methanbildung bescherte revolutionäre Entdeckungen
 4/21 Spannende Insektenvielfalt im Totholz
 4/21 Terra Preta – Fakten und Mythen
 4/21 Eine neue Ära in der funktionellen Genetik
 4/21 Alanins Wunderlampe
- 1/22 Die unerwartet diversen Gifte der Hundertfüßer
 1/22 Große Artenvielfalt im Südpolarmeer
 1/22 Die Grüne Wüste Südamerikas?
 1/22 100 Jahre Forschung an Wanderheuschrecken
 1/22 Bakterielle Sensorenkomplexe zur Umweltnavigation
 1/22 Biologieunterricht praktisch und digital
 1/22 Gift- und Rauschpflanzen in der frühen Antike

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

BiuZ 3/2022 erscheint im August 2022

Biologie in unserer Zeit
 finden Sie im Internet unter
www.biu.z.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

Fleisch(r)evolution

Die Produktion von Fleisch trägt wesentlich zu Klimawandel und Biodiversitätsverlust bei. Eine nachhaltige und ethisch vertretbare Alternative könnte mithilfe von Zellkulturtechniken produziertes Fleisch sein. Unser Artikel beleuchtet alle Aspekte rund um kultiviertes Fleisch vom Produktionsverfahren über sein Nachhaltigkeitspotenzial bis hin zur rechtlichen Situation der Zulassung.



Foto: www.pixabay.com

Lebensbedrohliche Pilzinfektionen

Invasive Pilzinfektionen töten weltweit jährlich mehr als 1,5 Millionen Menschen. Bei der WHO gelten sie inzwischen als globale infektiologische Herausforderung. Unser Artikel zeigt, welche Strategien das menschliche Immunsystem nutzt, um Pilze abzuwehren und wie es diesen gelingt, diese Mechanismen zu unterlaufen.

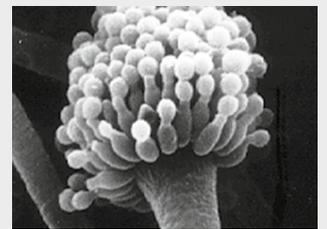


Bild: NIH

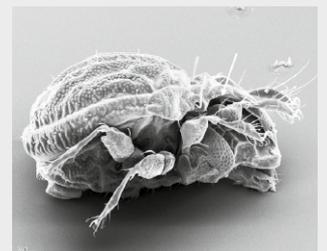
Chemische Diversität bei Pflanzen – wozu?

In einigen Pflanzenarten unterscheiden sich Individuen untereinander deutlich in der Zusammensetzung ihrer spezialisierten chemischen Verbindungen. Welchen Nutzen dies für Pflanzen in einer sich verändernden Umwelt haben könnte, ist derzeit Gegenstand intensiver Forschung. Chemodiversität sollte künftig mehr Beachtung finden – auch in der Landwirtschaft.



Hornmilben – unscheinbare Vielfalt im Boden

Hornmilben leben in den unterschiedlichsten Ökosystemen und Mikrohabitaten auf der ganzen Welt. Trotz ihrer vermeintlichen Unscheinbarkeit besitzen sie eine Reihe faszinierender Eigenschaften. So haben zehn Prozent der bekannten Arten im Laufe der Evolution die Männchen abgeschafft – ein einzigartiges Erfolgsmodell in der Biologie!



Alles rund ums Studium

Im September begrüßt der VBIO die Studienanfänger/-innen mit der neuen Biuz-Ausgabe. In unserer Rubrik Politik und Gesellschaft widmet sich ein Team aus Studierenden unter anderem Fragen zum Engagement von Studierenden, zum Sammeln wissenschaftlicher Erfahrung neben den Pflichtmodulen und zur Bedeutung von Wissenschaftskommunikation im Studium.





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!

