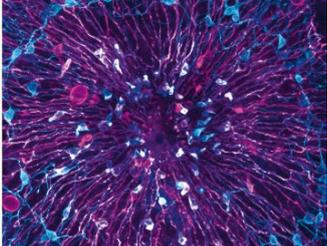
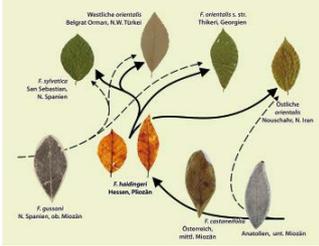


4 | 2022

VBio

Verband | Biologie, Biowissenschaften & Biomedizin in Deutschland



EVOLUTION
Die Buche als Art-Mosaik

MIKROBIOLOGIE
Mikrobiom trifft Nervensystem

BOTANIK
Neophyten in Deutschland

BIOLOGIE

IN UNSERER ZEIT

Artenschutz in Sambia



Grundlagenforschung ist „Fundamentalforschung“

Liebe Leserinnen und Leser, liebe Mitglieder des VBIO, Wissen ist der wichtigste Rohstoff, den wir in Deutschland besitzen. Es ist auch die Universalwährung für das Wohlergehen der Menschheit und des Planeten, zur Bewertung und im besten Fall zur Bewältigung von Krisen. Allerdings kann mit dem aktuellen Kenntnisstand der Wissenschaft nicht jedes Problem gelöst werden, vor allem nicht im ökologisch-ökonomisch-sozialen Ausgleich. Hierzu muss sich die Wissenschaft stetig entwickeln und faktenbasierte Orientierungshilfen bereitstellen. Das Primat der Entscheidung haben die Gesellschaft und die Politik.

Welchen Stellenwert hat hierbei die Grundlagenforschung und wird diese Bedeutung durch die Akteure und Entscheidenden wahrgenommen? Die Mitgliedsstaaten der Vereinten Nationen haben zum 1.7.2022 das Internationale Jahr der Grundlagenforschung für nachhaltige Entwicklung (*International Year of Basic Sciences for Sustainable Development*, kurz IYBSSD) ausgerufen. Dies ist eine gute Gelegenheit, sich bewusst Gedanken zum Wert der Grundlagenforschung und des Erkenntnisgewinns zu machen.

Wie fundamental ist die Grundlagenforschung? Im Englischen wird Grundlagenforschung als „Basic Research“ oder „Fundamental Research“ bezeichnet. Fundamentalforschung klingt bedeutsamer und unverzichtbarer als die deutsche Bezeichnung, die eher nach bodenständiger Langeweile als nach einem fundamental bedeutsamen Prozess klingt. Wer denkt beim Betrachten eines Gebäudes an die Bodenplatte und ihre Verankerung als Grundlage? Die Grundlagen bleiben unsichtbar. Diese Art der Interpretation ist zudem unzureichend, weil Erkenntnis in jedem Bauelement von der Bodenplatte bis zum Dachfirst steckt. Wie fundamental ist die Grundlagenforschung, wie hoch ihr Wert, wie kann sie sich optimal entfalten und welchen Aufwand sollte eine Gesellschaft bereit sein dafür zu erbringen?

Ohne Fundamentalforschung verarmt das Lösungsportfolio. Gelegentlich als Gegenpol zur Grundlagenforschung wahrgenommen richtet sich die Angewandte Forschung unmittelbar auf die kurzfristige Lösung aktueller Herausforderungen. Ihr Potenzial wird in Patenten niedergelegt und letztendlich in Produkten und deren Erfolg am Markt gemessen. Hier wird in Zeitspannen weniger Jahre geplant. Erkenntnisse aus der Grundlagenforschung können über Jahrzehnte und Jahrhunderte reifen, ehe sie in einem oft auch ganz anderen Kontext nutzbringend und auch voranbringend Anwendung erfahren. So konnte z. B. der wirksame Impfstoff gegen das SARS-CoV-2-Virus aufgrund von Erkenntnissen aus der Grundlagenforschung der letzten Jahrzehnte in so atemberaubend kurzer Zeit entwickelt werden.



Prof. Dr. Karl-Josef Dietz von der Universität Bielefeld ist seit 2020 Präsident des VBIO.

Machen wir das Gedankenexperiment: Die Grundlagenforschung wird heute eingestellt. Das für die angewandte Forschung bereitstehende Wissen würde sich mit der Zeit erschöpfen und Innovationen würden an Breite und Tiefe verlieren. Damit würde es zunehmend schwieriger mittel- und langfristige Lösungen zu finden. Die Förderung würde profitgeleitet in eine wirtschaftlich, politisch oder gesellschaftlich aktuell erwünschte Richtung gelenkt, andere Richtungen verlören ihre Aufmerksamkeit und Ressourcen zur Fortführung. Gerade die Herausforderungen des Klimawandels und der Nachhaltigkeitskrise mit allen Konsequenzen für die Biodiversität und die planetare Gesundheit sind ohne Grundlagenforschung nicht zu erfassen und zu bewältigen. Das IYBSSD weist auf diesen fundamentalen Zusammenhang hin.

Fundamentalforschung wird von Kleinprojekten getrieben. Allen Interessierten und vorausschauend verantwortlich Denkenden ist dieser Zusammenhang klar. Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) beschreibt Grundlagenforschung als Basis für die Wissensgesellschaft [1], und wir wollen eine solche sein. Interessanterweise verweisen diese Seiten des BMBF auf große Infrastrukturprojekte wie das ultragroße europäische Teleskop mit 39 m Spiegeldurchmesser oder Teilchenbeschleuniger. Solche spektakulären Großprojekte erhalten Anerkennung und Zustimmung, weil sie faszinierend sind und tragen – allerdings in geringem Maße – auch zum biowissenschaftlichen Erkenntnisgewinn bei. Die Meeresforschung nutzt beispielsweise Forschungsschiffe, deren Anschaffung und Betrieb hohe Aufwendungen benötigen. Die Mehrzahl der (bio-)wissenschaftlichen Erkenntnisse entwickelt sich allerdings aus kleinen Projekten – häufig finanziert über die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) oder spezielle Förderprogramme der Länder – vielfach auch mit interdisziplinärem Ansatz. Nur sie liefern die Breite des Erkenntnisgewinns, die wir benötigen.

Zutaten der erfolgreichen Fundamentalforschung. Welche Zutaten benötigen Erkenntnisgewinn und Fundamentalforschung? An der Basis stehen Begeisterung, Beobachtungsgabe, Neugierde und Kreativität, die den Menschen von Kindesbeinen an bis ans Lebensende begleiten (Abbildung 1). Diese Fähigkeiten müssen gefördert und geschult werden. Eine stimulierende Umgebung wird Interesse wecken und Begabungen entdecken, die sich in verschiedene Richtungen diversifizieren. Unter ihnen werden Menschen sein, die sich für die Biologie, Umwelt und Gesundheit entscheiden und dies im besten Fall nicht Schulnoten-getrieben, sondern intrinsisch motiviert.

Motivierende Bildung an den Hochschulen ist ein entscheidender Schritt auf dem Weg zum Fundamentalforscher bzw. zur Fundamentalforscherin. Fachkenntnis, kritisches Rezipieren und

innovatives Denken, Sorgfalt, Organisations- und Teamfähigkeit sind nicht deshalb wesentliche Kriterien dieser Bildung, weil sie berufsqualifizierend sind, sondern weil sie starke wirkmächtige Charaktere formen, die zudem für die Sache Durchhaltevermögen und Anstrengungsbereitschaft zeigen.

Fundamental wichtig ist die Freiheit der Forschung, der Wahl der Themen und der Ansätze – und dies gepaart mit dem Drang der Akteure, die Grenzen des Wissens immer wieder zu erweitern. Die Faszination des Ergebnisses, das die Hypothese bestätigt, tröstet über die unvermeidbaren und zahlreichen Rückschläge hinweg. Gute wissenschaftliche Standards müssen eingehalten und vielfach auch auf der Basis des aktuellen Wissensstandes weiterentwickelt werden. Viele kleine Schritte an Erkenntnisgewinn können oft zuverlässiger und reproduzierbarer zum Gipfel der Erkenntnis führen als der große Sprung, der die Gutachter/-innen der Zeitschriften beeindruckt. Deshalb ist das „high impact paper“ nicht wertvoller als die konsequent vorangetriebene Serie an Befunden in „gewöhnlichen“ Zeitschriften.

Entscheidend für das Funktionieren dieses Prozesses ist angemessener Zugang zu finanzieller Grund- und Ergänzungsausstattung, um die Forschung innovativ auf dem neuesten Stand voranzubringen. Karriereperspektiven für den engagierten und die bisher genannten Kriterien erfüllenden Forschenden müssen geschaffen werden. Die Regulierung in allen Belangen darf nicht überbordend sein. In jedem der hier für den oben beschriebenen Forschungsprozess relevanten Punkte hat Deutschland Entwicklungsbedarf.

Wir müssen um die gesellschaftliche und politische Wertschätzung der Fundamentalforschung und des Erkenntnisgewinns ringen. Hier findet gerade ein Umdenken statt: Jede/r Forschende und jede Einrichtung ist gefragt, durch die Öffentlichkeit adressierende Aktivitäten dazu beizutragen, die Bedeutung und den Wert von Erkenntnis zu vermitteln. In vielen Formaten der Antragsförderung sind heutzutage im In- und Ausland Aktivitäten zum „public outreach“ (Öffentlichkeitsarbeit) zu planen und später im Bericht darzulegen. Außerschulische Lernorte sollten weiter ausgebaut werden und die Medien ihre Multiplikatorfunktion deutlich stärken, allerdings ergänzt durch kritische Kommentierung durch Wissenschaftler/-innen. Tendenziöse Beiträge sind so zu relativieren.

Raum für Wissenschaft und Technik? Auf dem Weg aus Südnach Norddeutschland suche ich an einem Sonntag während einer vierstündigen Fahrt Unterhaltung durch Wortbeiträge im Rundfunk. Natürlich gibt es diese Sender: Deutschlandfunk, Deutschlandfunk Kultur, BR2, WDR5 usw. An diesem Nachmittag

werden hier jedoch raumfüllende Installationen eines Künstlers mit reduzierter Sprache besprochen, ein Roman wird vorgestellt, in dem das Leben von in Armut aufwachsenden Menschen in klarer und unaufgeregter Sprache dargestellt wird. An diesem Sonntagnach-

mittag ist bemerkenswert, dass sich kein Beitrag mit der Faszination der Natur, dem technischen Fortschritt oder den aktuellen wissenschaftlichen Herausforderungen beschäftigt. Sind solche Fragen für einen Sonntagnachmittag unangemessen? Es ist keine Frage, dass es brillante Beiträge in den genannten Sendern zu Erkenntnissen in den Naturwissenschaften gibt. Aber auch hier wäre deutlich mehr wünschenswert und notwendig. Warum gibt es z.B. keinen eigenen öffentlich-rechtlichen Sender „Wissenschaft und Technik“, der den interessierten Hörer in adressatengerechter Sprache und püffigen Beiträgen in solche Themen und Zusammenhänge einführt und für die Thematik begeistert?

Die Notwendigkeit, eine angemessene Sprache zu nutzen, trifft auf alle Diskurse in unserer Gesellschaft zu. In einem Interview am Donnerstag zuvor spricht Gregor Gysi über den Vertrauensverlust vieler Menschen in die Politik und nennt drei Punkte: die Nutzung falscher

Sprache, die Nennung falscher Beweggründe und die Überforderung [2]. Diese Punkte treffen auch auf den Dialog der Wissenschaft mit der Gesellschaft und der Politik zu. Allerdings gibt es einen Unterschied: Viele Formate wie Talkshows dienen nicht dem Herausarbeiten gemeinsamer Lösungen, sondern dem Einwerfen zementierter Meinungen und dem Aufzeichnen roter Linien. Hier kann von der Wissenschaft gelernt werden. Ihre Akteure erweitern den Blickwinkel und mit jedem Erkenntnisfortschritt können sich neue Lösungen durchsetzen bzw. auch neue Fragen entwickeln. Die überzeugenderen Ergebnisse und besten Modelle definieren den Stand der Erkenntnisse und die daraus abzuleitenden Schlussfolgerungen.

Der Wert von Erkenntnissen der Fundamentalforschung liegt demnach im Bereitstellen von Wissen und ihrem etablierten demokratischen Prozess. Der VBIO ist auf jedem der genannten Aktionsfelder unterwegs. Das IYBSSD sollte auch in Deutschland genutzt werden, diese Zusammenhänge bekannter zu machen und für optimale Bedingungen zur Fundamentalforschung zu streiten.

Literatur

- [1] https://www.bmbf.de/bmbf/de/forschung/naturwissenschaften/grundlagenforschung/grundlagenforschung_node.html
- [2] Gysi, G. (2022) Westfalenblatt 215, S. 5.
- [3] www.galerieloehr.de/_data/pdf/PM_Balkenhol_Kniender.pdf

Ihr




ABB. 1 Großer Kniender von Stephan Balkenhol. „Wenn wir die Figur betrachten, bekommen wir Antworten auf Fragen der eigenen Wahrnehmung, der Existenz“ [3]; Neugier, Interesse, Demut. Foto: K.-J. Dietz.



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

4 | 2022 IN UNSERER ZEIT
www.biuz.de



Die Rhodesiengiraffe (*Giraffa tippelskirchi thornicrofti*) – oder Luangwagiraffe, wie sie in neuerer englischer Literatur zunehmend genannt wird, um den durch das koloniale Erbe belasteten Begriff „Rhodesien“ zu vermeiden – ist eine im sambischen Luangwatal endemische Giraffenform. Genetisch steht sie der Massai Giraffe nahe und wird derzeit als deren Unterart betrachtet. Sie ist kleiner als die Massai Giraffe und an den Beinen unterhalb des Knies ungefleckt. Die Rhodesiengiraffe ist bedroht: Nur wenige hundert Tiere sind bekannt, wobei der Bestand stabil zu sein scheint. Innerhalb des Luangwatales kommt sie ausschließlich im Süd-Luangwa- und im Luambe-Nationalpark sowie in den umgrenzten Jagdschutzgebieten vor. Foto: Michael Riffel.

MELDUNGEN

306 Forschung & Entwicklung, Standorte, Digitale Welt, Preise

POLITIK UND GESELLSCHAFT

311 Grundlagenforschung für nachhaltige Entwicklung: Das IYBSSD

313 Herausforderung in spannenden Zeiten: Bundesdelegiertenversammlung des VBIO 2022

314 Genomeditierung von Pflanzen im internationalen und rechtlichen Kontext

316 NOBELPREIS: Svante Pääbo, Begründer der Paläogenetik

TREFFPUNKT FORSCHUNG

318 Gefährliches Halbwissen: Pflanzenvarietäten und Inhaltsstoffe

320 Die Zukunft der Lehrkräfteausbildung? Was Biologie-Lehramtstudierende über das fächerübergreifende Unterrichten von Naturwissenschaften denken

323 Zeugnisse der europäischen Kulturgeschichte: Historische Parks und Gärten für Schüler/-innen erschließen

326 *Science on Stage*: MINT-Lehrkräfte aus ganz Europa kommen nach Prag

327 Von Studierenden für Studierende

328 Rotmilan – gehen oder bleiben?

329 Wenn Wissen(schaft) Wissen schafft

330 „Gruselige Realität“ im Zeitraffer

330 Der LAL-Test: Wie lebende Fossilien die Qualität unserer Arzneimittel sicherstellen

MAGAZIN

389 Bücher und Medien

393 Außerschulische Lernorte: VirtualBrainLab – Digitale Forschungsexperimente für den neurobiologischen Unterricht

396 Partner des Menschen: Kakao – von der Bohne in die Tasse

398 Kolumne: Der Halo-Effekt

IM FOKUS

332 Luangwa – das Tal des Leoparden
Tom Riffel, Michael Riffel

340 Alles Bastarde
E. D. Schulze, G. W. Grimm

352 Wenn das Mikrobiom den Nerven trifft
Christoph Giez, Thomas C. G. Bosch

363 Funktionale Konvergenz des Oxylin-Signalling
Madita Knieper, Joel N. Bayer, Karl-Josef Dietz, Andrea Viehhauser

370 Der Bärensee in Siebenbürgen
Peter Hantz, Mina Bizic

379 Invasive Neophyten in Deutschland
Susanne Bickel

332 Luangwa – das Tal des Leoparden

Auch in Afrika sind von Menschen unbeeinflusste Ökosysteme selten geworden. Das im Osten von Sambia gelegene Luangwatal ist eine der letzten großen Naturlandschaften mit weitgehend intakten Lebensräumen und durch mehrere Nationalparks geschützt.



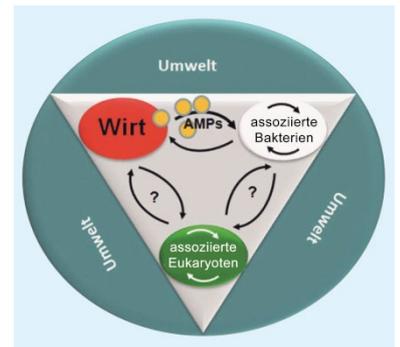
379 Invasive Neophyten in Deutschland



Schon immer haben Pflanzen und Tiere neue Areale besiedelt und dabei andere verdrängt. Heute ermöglicht die Globalisierung Invasionen in nie gekanntem Ausmaß. Ob invasive Neophyten bekämpft werden müssen, sollte von Fall zu Fall entschieden werden.

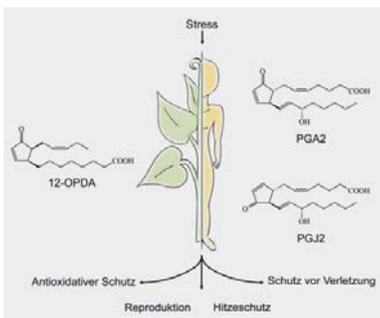
352 Wenn das Mikrobiom den Nerven trifft

Mikroben besiedeln die meisten tierischen Epithelien und beeinflussen die Aktivität vieler Organe. Unser Artikel fasst das aktuelle Wissen über das Nervensystem von Hydra und seine Rolle in der Wirt-Mikrobiom-Kommunikation zusammen.



363 Funktionale Konvergenz des Oxylin-Signalling

Oxyline sind Oxidationsprodukte von Membranlipiden, die eine wichtige Rolle als Regulatoren von Anpassungs- und Entwicklungsprozessen spielen. Dabei rufen sie bei Pflanzen und Tieren teils ähnliche molekulare und physiologische Wirkungen hervor.



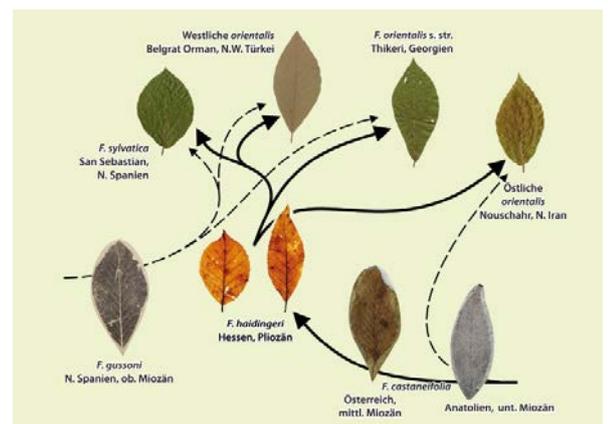
370 Der Bärensee in Siebenbürgen



Unser Beitrag entführt Sie in das einzigartige Unterwasserökosystem eines der größten heliothermischen Seen der Welt. Starke Temperatur- und Salzgradienten schaffen die Lebensgrundlage für spezialisierte Mikroorganismen und einige wenige Tiere.

340 Alles Bastarde

Die heutigen Buchenarten sind das Produkt einer dynamischen Vergangenheit mit zahlreichen Hinweisen auf frühere zwischenartliche Kontakte. Unser Artikel fasst die neusten Erkenntnisse zur stark vernetzten Evolution der Buchenarten Europas und Asiens zusammen.





Fledermäuse „sehen“ mit den Ohren. Wie die Hörrinde auf die eingehenden akustischen Signale vorbereitet wird, haben Wissenschaftler der Goethe-Universität herausgefunden.
Foto: J. C. Hechavarria.

FORSCHUNG & ENTWICKLUNG

Fledermäuse sind berühmt für ihre Ultraschallnavigation. Die Brillenblattnasenfledermaus (*Carollia perspicillata*) findet mithilfe ihres Echoortungssystems beispielsweise die von ihr als Nahrung bevorzugten Früchte. Gleichzeitig nutzt sie ihre Stimme auch zur Kommunikation mit den Artgenossen, wofür sie einen etwas tieferen Frequenzbereich wählt. Forscher/-innen um Julio C. Hechavarría vom Institut für Zellbiologie und Neurowissenschaft der Goethe-Universität haben nun bei der Brillenblattnasenfledermaus untersucht, wie der Stirnlappen – eine Region im Vorderhirn, die beim Menschen unter anderem mit der Planung von Handlungen in Verbindung gebracht wird – und die Hörrinde, in der akustische Signale verarbeitet werden, bei der Echoortung zusammenarbeiten. Bei Fledermäusen, die Ortungslaute ausstießen, konnten die Forscher eine Rückkopplungsschleife im Netzwerk aus Frontallappen und Hörrinde identifizieren, die bislang völlig unbekannt war. Vermutlich, so Hechavarría, bereitet diese Rückkopplungsschleife die Hörrinde noch besser auf den Empfang der auf die Ortungslaute folgenden Schallreflexionen vor. Dass diese Rückkopplungsschleife funktional ist, konnten die Neurowissenschaftler/-innen bestätigen, indem sie durch elektrische Stimulation des Frontallappens von der Hörrinde stammende Signale simulierten. Die dadurch erzeugte Aktivität im Stirnlappen führte tatsächlich dazu, dass die Hörrinde stärker auf Schallreflexionen reagierte. „Unsere Daten zeigen, dass Rückkopplungsschleifen im Gehirn vermutlich eine viel größere Bedeutung haben als bislang angenommen“, sagt Hechavarría und fügt hinzu: „Was unsere Studie unter anderem so interessant macht, ist, dass sie neue Wege öffnet, um die sozialen Interaktionen von Fledermäusen zu untersuchen.“

An dieser Stelle wollen wir zukünftig weiterarbeiten.“

www.uni-frankfurt.de

■ Unter den Knochenfischen gibt es viele Arten, deren Geschlecht nicht festgelegt, also plastisch ist. So schlüpfen beim Zebrafisch die Embryonen mit rudimentären, eierstockähnlichen Keimdrüsen, die unter bestimmten Bedingungen wieder resorbiert werden können, woraufhin sich stattdessen Hoden entwickeln. Forscher/-innen unter Leitung der Universität Göttingen konnten nun beim Zebrafisch zeigen, mit welchen Mechanismen die Variationen in der Geschlechtsausprägung und die „sexuelle Plastizität“ gesteuert werden. Für die Studie zogen sie 17 Familien mit einer hohen Anzahl von Geschwisterpaaren von Zebrafischen auf. Die Hälfte der Embryonen jeder Familie wurde zeitweise in warmem Wasser gehalten, da die embryonale Phase eine der sensiblen Phasen der Geschlechterdeterminierung ist. Das Geschlechterverhältnis der erwachsenen Tiere war von Familie zu Familie sehr unterschiedlich, aber in einigen Familien stieg der Anteil der Männchen um 15 bis 20 Prozent an, nachdem sie der höheren Temperatur ausgesetzt waren. Tatsächlich hatte der Einfluss der höheren Temperatur die genetische Veranlagung einiger Individuen „außer Kraft gesetzt“ und sie veranlasst, ihr Geschlecht in ein männliches zu ändern. „Wir haben in dieser Forschungsarbeit eine Reihe von Genen identifiziert, die bei Tierarten mit sexueller Plastizität das Geschlecht bestimmen“, sagt der Direktor des Tierärztlichen Instituts der Universität Göttingen Bertram Brenig. Die Existenz geschlechtsspezifischer Familien beruht auf epigenetischen Mechanismen, erklärt der Mitautor Reza Sharifi von der Abteilung Tierzucht und Haustiergenetik. Erstautorin Shahrbanou Hosseini von der Abteilung Molekularbiologie der Nutztiere und molekulare Diagnostik der Universität Göttingen er-



Bei den Knochenfischen ist das Geschlecht nicht festgelegt. Foto: Shahrbanou Hosseini.

gänzt: „Dieses Phänomen der sexuellen Plastizität wirkt sich negativ auf die Populationsdynamik aus. Dies kann zu einer ungleichen Verteilung der Geschlechter und bei einem raschen Klimawandel zu einem Verlust der Artenvielfalt führen.“

www.uni-goettingen.de

■ Im Winter hat es der Europäische Maulwurf nicht leicht. Sein Stoffwechsel, einer der höchsten unter den Säugetieren, fordert ständig große Mengen an Futter, mehr als in den kalten Wintermonaten zur Verfügung steht. Da er keinen Winterschlaf halten oder wegziehen kann, löst er dieses Problem auf ungewöhnliche Art: Er schrumpft sein Hirn. Damit konnten Forschende um Dina Dechmann vom Max-Planck-Institut für Verhaltensbiologie in Konstanz das sogenannte Dehnel-Phänomen, eine reversible Größenveränderung von Organen – hier des Gehirns – in einer weiteren Gruppe von Säugetieren nachweisen. Das Dehnel-Phänomen wurde erstmals in den 1950er Jahren an den Schädeln von Rotzahnspechtmäusen beschrieben, die im Winter kleiner und im Sommer größer waren. Später wurde das Phänomen auch bei Hermelinen und Wieseln nachgewiesen. Was diese Säugetiere gemeinsam haben, ist eine Lebensweise, die sie energetisch auf Messers Schneide stellt. „Sie haben einen extrem hohen Stoffwechsel und sind das ganze Jahr über in kalten Klimazonen aktiv“, sagt Dechmann. „Ihre winzigen Körper sind wie turbogeladene Por-



Europäische Maulwürfe überleben den Winter, indem sie ihr Gehirn verkleinern. Abb.: Javier Lázaro.

sche-Motoren, die ihre Energiespeicher in wenigen Stunden aufbrauchen.“ Das Forschungsteam fand heraus, dass die Schädel des Europäischen Maulwurfs im November um elf Prozent schrumpften und im Frühjahr wieder um vier Prozent wuchsen. Da sich die Schädel des Iberischen Maulwurfs im Jahresverlauf nicht veränderten, konnten die Forscher schlussfolgern, dass auch das Wetter und nicht nur die Verfügbarkeit von Nahrung für die Veränderung des Gehirns verantwortlich ist. Die Bedeutung der Studie geht aber über die Beantwortung von Evolutionsfragen hinaus und bietet Forschungsansatzpunkte dafür, wie sich unser Körper nach schweren Schäden regenerieren könnte. „Dass drei Taxa von Säugetieren, Spitzmäuse, Wiesel und Maulwürfe, Knochen- und Hirngewebe schrumpfen und wieder wachsen lassen können, hat enormes Potenzial für die Erforschung von Krankheiten wie Alzheimer und Osteoporose“, sagt Dechmann. „Je mehr Säugetiere wir mit Dehnens entdecken, desto relevanter werden die biologischen Erkenntnisse für andere Säugetiere und vielleicht sogar für uns.“

www.ab.mpg.de

In Afrika sind Tsetse-Fliegen weit verbreitet. Sie ernähren sich von menschlichem und tierischem Blut und können dabei parasitische Einzeller übertragen. Dazu gehört *Trypanosoma brucei*. Der Erreger der Schlafkrankheit gelangt über den Speichel infizierter Tsetse-Fliegen in den Wirt: vom Blut weiter in das Gehirn, was unbehandelt zu tödlichen Symptomen führt. Doch wie

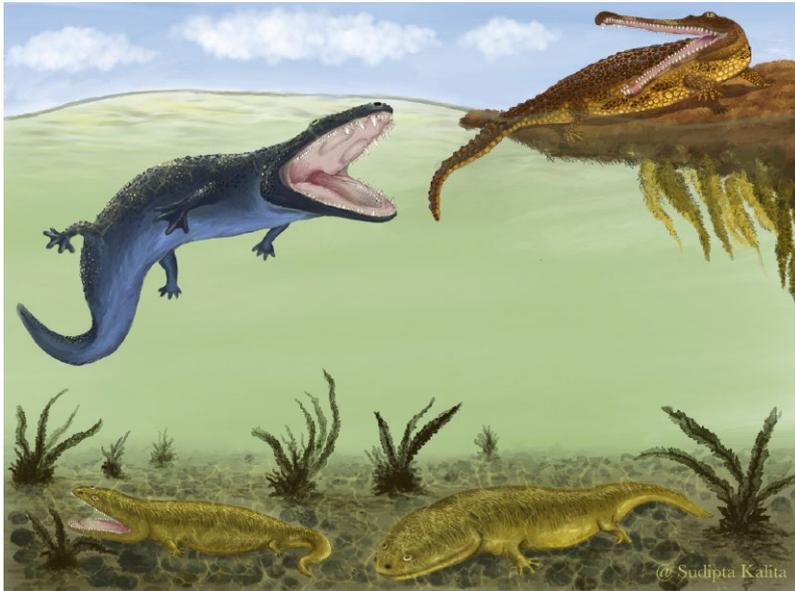
gelangen Trypanosomen nach der Blutmahlzeit der Tsetse-Fliegen in deren Speicheldrüsen? Auf diese Frage fanden Sabine Bachmaier und Michael Boshart, Genetik-Professor an der Ludwig-Maximilians-Universität München zusammen mit Kolleg/-innen eine überraschende Antwort. „Unser Projekt basiert auf mehreren internationalen Kollaborationen mit Arbeitsgruppen in Paris, Antwerpen und Rio de Janeiro“, sagt Bachmaier. „Schon lange hat uns die Frage beschäftigt, wie es Parasiten gelingt, sich in der Tsetse-Fliege zu orientieren – und wie man dies unterbinden könnte, um die Übertragung der Krankheit zu kontrollieren.“ Die Arbeitsgruppe hatte vor rund zehn Jahren eine neue und Trypanosomen-spezifische Komponente des cAMP-Signalweges identifiziert, das Cyclic AMP Response Protein 3 (CARP3). „Unsere Entdeckung, dass CARP3 vor allem an der Spitze der Geißel von Trypanosomen zu finden ist, **hat uns auf die Fährte geführt zu einem spezialisierten Signalapparat zur Orientierung der Parasiten in der Tsetse-Fliege**“, so Bachmaier. Entfernten die Forschenden das CARP3-Gen mittels gentechnischer Methodik, veränderte sich auch die Zusammensetzung der Adenylylcyclasen, die cAMP an der Flagellenspitze produzieren. „Dann konnten Trypanosomen Tsetse-Fliegen nicht mehr effizient besiedeln“, erklärt die Wissenschaftlerin. „In den Speicheldrüsen fanden

wir keine einzige Zelle der Parasiten mehr.“ Ziel könnte nun sein, die Interaktionen zwischen CARP3 und Adenylylcyclasen zu beeinträchtigen, etwa durch ein synthetisches Peptid, das in den Fliegen „paratransgen“ produziert würde. Ohne Besiedlung der Speicheldrüse von Tsetse-Fliegen werden keine Trypanosomen mehr übertragen. www.uni-muenchen.de

Wer am Grund von Gewässern auf Beute lauern möchte, sollte bewegungslos verharren – ohne sich gegen die Auftriebskräfte des Wassers wehren zu müssen. Dazu braucht man eine Art Tauchgürtel, der beim Sinken hilft. Eine große Amphibienart, *Metoposaurus krasiejowensis*, die vor mehr als 200 Millionen Jahren lebte, kompensierte den Auftrieb mit einem schweren Schultergürtel. In den frühen 1900er Jahren spekulierte der deutsche Paläontologe Eberhard Fraas erstmals, dass Metoposauriden als Bodenbewohner in flachen Süßwasser-Ökosystemen lebten. Seine Annahme beruhte auf den großen Schulterknochen dieser Tiere, die ihnen das Absinken erleichterten. Eine ähnliche Strategie wird von modernen Seekühen angewandt. Sie nutzen das Gewicht ihrer Brustknochen, um in ihrem flachen Küstenlebensraum unterzutauchen und unter Wasser Seegras abzufressen. Forschende des Instituts für Geowissenschaften der Universität Bonn untersuchten nun erstmals die



Die Tsetse-Fliege überträgt den Erreger der Schlafkrankheit. Foto: picture alliance / Bruce Coleman/Photoshot / Kim Taylor.



Metoposaurus (olivgrün, unten) führte eine bodenbewohnende Lebensweise, wahrscheinlich um der Konkurrenz durch die größeren Cyclotosaurus (blau) und Phytosaurier Parasuchus (ockerbraun) zu entgehen. Illustration: Sudipta Kalita.

Innenstruktur der Knochen des *Metoposaurus*-Schultergürtels unter dem Mikroskop und konnten bestätigen, dass die Kompaktheit des **Zwischenschlüsselbeins eine auffällige Ähnlichkeit mit den Brustknochen moderner Seekühe aufweist.** „Diese Interpretation untermauert die Vermutung von Fraas und späteren Paläontologen, die *Metoposaurus* als bodenbewohnendes Raubtier aus dem Hinterhalt beschrieben“, sagt Amphibien-Expertin Dorota Konietzko-Meier aus der Paläontologischen Abteilung des Instituts für Geowissenschaften. In Anbetracht des schweren Zwischenschlüsselbeins gehen die Forschenden davon aus, dass dieses Tier nur auftauchte, um Luft zu schnappen.

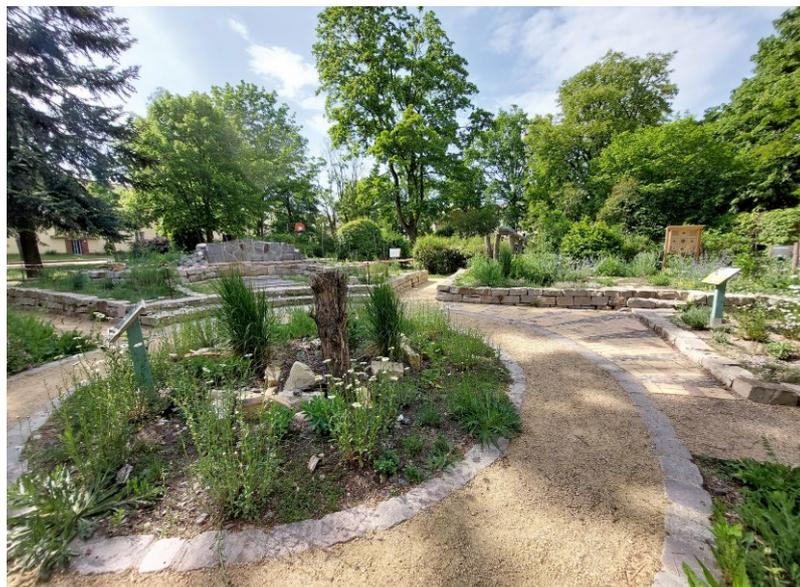
www.uni-bonn.de

STANDORTE

Die Wohnungsbaugenossenschaft Märkische Scholle weihte gestern mit der Initiatorin, der Stiftung für Mensch und Umwelt, den dritten Berliner PikoPark ein. Das Markenzeichen dieses neuartigen 300 m²

großen Mini(N)aturparks ist eine naturnahe Gestaltung. Im gleichen Quartier gibt es seit gestern zudem ein noch kleineres, naturnahes „Trittsteinbiotop“ – ein guter Einstieg für alle, die testen wollen, ob ihnen „naturnah“ vor der Haustür gefällt. Der nur 300 m² kleine PikoPark (von „piccolo“ = klein) besticht durch seine geschwungene, organi-

sche Linienführung von Beeten und Wegen. Sein zentraler Platz lädt mit Sitzbänken zum Verweilen ein. Die vielfältigen Strukturen – drei verschiedene Themenbeete mit Totholz, Natursteinmauern und einer Eidechsenburg – locken ab sofort Tierarten an, die auf monotonen Rasenflächen kaum leben können. Das 20 m² kleine „Trittsteinbiotop“ bietet auf kleinster Fläche heimische Stauden und Naturstrukturen, wo vorher außer blanker Erde im Schattenbereich von Bäumen und Häusern gar nichts wachsen wollte. Ob Wildbienen, Schmetterlinge, Käfer, Vögel, Igel, Eidechsen oder Kröten: **Alle Wildtiere brauchen naturnahe „Inseln“ zur Nahrungssuche und zum Verstecken, Wärmen, Brüten und Überwintern**, auch in der Stadt. PikoParks sind neue Grünflächentypen, die es erst in sechs deutschen Städten gibt. Die Stiftung für Mensch und Umwelt legte in 2021 den ersten PikoPark Berlins bei der Wohnungsbaugenossenschaft Freie Scholle an. Es folgte der PikoPark beim BWV – Beamten Wohnungsbauverein in Marienfelde – vergangene Woche. Nun gibt es den dritten PikoPark in Reinickendorf bei der Märkischen Scholle.



Nach einem Jahr blüht es an allen Ecken und Enden – hier im 2021 angelegten ersten PikoPark Berlins. Foto: C. Hölzer / Stiftung für Mensch und Umwelt.

DIGITALE WELT

Dank hochentwickelter, kostengünstiger Tiersender ist es heute möglich, die Erforschung des Verhaltens von Wildtieren mit „Big Data“ voranzutreiben. Bislang konnten in diesem „goldenen Zeitalter des Tier-Trackings“ jedoch nur Menschen mit Erfahrung in Datenanalyse sinnvolle Erkenntnisse gewinnen. Ein neues System des Max-Planck-Instituts für Verhaltensbiologie und der Universität Konstanz ändert dies jetzt. Mit der kostenlosen Plattform MoveApps können Wissenschaftler/-innen und Wildtierschützer/-innen die Bewegungsdaten von Tieren einfacher auswerten – ein Gerät und Browser genügen – und so reale Probleme lösen. **Das System ist mit der Datenbank Movebank verknüpft, in der Bewegungsdaten von weltweit über tausend Tier-**

arten gespeichert sind. Diese Tracking-Daten können in Move-Apps übertragen werden, so dass die Nutzer/-innen der Daten komplexe Analysen durchführen und sie interpretieren können. Beispielsweise könnte ein Ranger so die Tiere im Park im Auge behalten und täglich eine Karte mit deren Aufent-

haltsorten erstellen. Oder eine Naturschutzorganisation, die sich um gefährdete Arten kümmert, könnte automatisiert eine Warnung erhalten, wenn eine plötzliche Häufung von GPS-Punkten den Tod eines Tieres andeutet.

<https://www.moveapps.org/>

PREISE



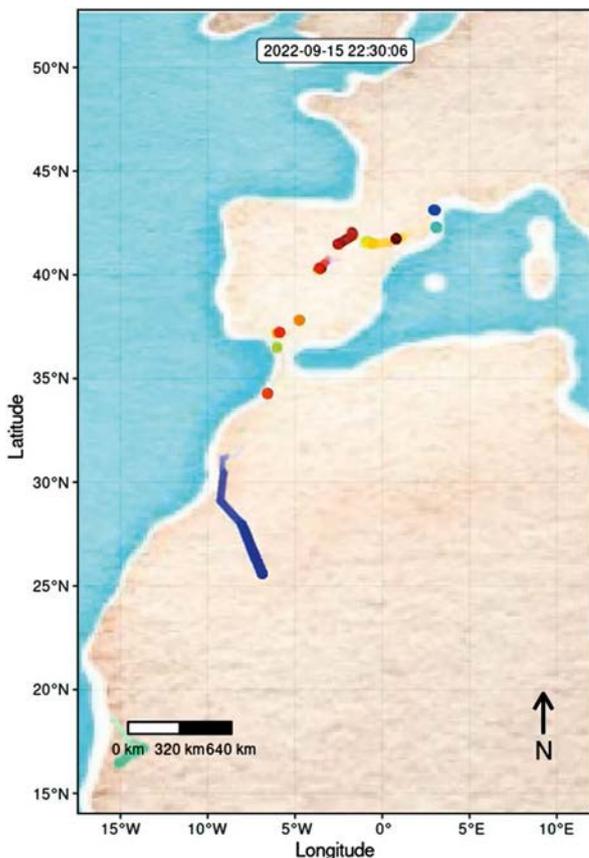
Mit dem Deutschen Gründerpreis ausgezeichnet: Dr. Anne Lamp (links) und Johanna Baare (rechts). Foto: traceless materials.

Nachhaltigkeit siegte beim Deutschen Gründerpreis, der dieses Jahr zum 20. Mal vergeben wurde. Die Gründerinnen von traceless materials aus Hamburg **nahmen den Preis in der Kategorie StartUp für die Entwicklung eines Bio-Granulats aus Getreideabfall entgegen, das Kunststoff ersetzt.** Die Hamburgerin Anne Lamp (31) hat der weltweiten Plastikverschmutzung den Kampf angesagt. Gemeinsam mit Johanna Baare (33) lässt sie einen Bio-Traum Realität werden: Ein Abfallprodukt, das selbst schon bio ist, wird umweltschonend weiterverarbeitet und ersetzt ein Problemprodukt: Getreidereste statt Plastik! Verfahreningenieurin Lamp hat einen Stoff erfunden, der in vielen Bereichen der Konsumgüter-Herstellung Plastik

ohne großen Aufwand ersetzen kann. Das „traceless“-Granulat lässt sich praktisch wie Kunststoff-Granulat verarbeiten, besteht aber nicht aus Erdöl, sondern aus Getreideabfall. Die Jury entschied, den Deutschen Gründerpreis in der Kategorie StartUp auch deshalb an traceless materials aus Hamburg zu verleihen, weil „Sie kein Unternehmen auf die Beine stellen wollen, das keine Rücksicht nimmt, sondern eines, das Verantwortung übernimmt, das einen positiven Impact auf die Welt hat.“

Der Deutsche Gründerpreis ist die bedeutendste Auszeichnung für herausragende Unternehmer/-innen und einer der renommiertesten Wirtschaftspreise in Deutschland.

www.deutscher-gruenderpreis.de



Bewegungspuren von in Radolfzell geborenen Weißstörchen über einen Zeitraum von zwölf Wochen.

Abb.: MoveApps.

AUS DEM VBIO

Grundlagenforschung für nachhaltige Entwicklung: Das IYBSSD

Das Internationale Jahr der Grundlagenforschung für nachhaltige Entwicklung (International Year of Basic Sciences for Sustainable Development, IYBSSD) der Vereinten Nationen hat am 1. Juli 2022 begonnen und wird mit Veranstaltungen und Aktivitäten zunächst bis zum 30. Juni 2023 fortgeführt. Das IYBSSD stellt die Bedeutung themen- und ergebnisoffener Forschung zur nachhaltigen Bewältigung der Herausforderungen des globalen Wandels heraus. Neben angewandter Forschung mit konkreten Zielen etwa zur Dekarbonisierung oder nachhaltiger Landwirtschaft müssen in breiter, unkonventioneller und innovativer Weise naturwissenschaftliche Grundlagen erforscht werden. Nur so ist es möglich, den Status quo der Erde korrekt zu beschreiben, Entwicklungen vorherzusagen, Zusammenhänge aufzuklären, das Repertoire an Erkenntnissen für neue Lösungen zu erweitern und praktikable Lösungen zügig umzusetzen. Vielleicht hilft gerade das sperrige Akronym „IYBSSD“ dabei, dieses Themenjahr außerhalb der Gruppe der Insider/-innen bekannt zu machen?

Als der *Club of Rome* 1972 seine Bestandsaufnahme des Zustands der Erde „Die Grenzen des Wachstums“ veröffentlichte [1], standen die begrenzten Ressourcen und die wachsende Umweltverschmutzung im Zentrum. Mit kybernetischen Modellen wurden Szenarien der zukünftigen Entwicklung gerechnet. Die Ergebnisse der Modellrechnungen warnten als Menetekel vor der weiteren Zunahme des Konsums, der Erschöpfung der Ressourcen und der Umweltverschmutzung. Sie mahnten, sich mehr Sorgen über die Überforderung des Erdsystems zu machen. Die erkennbaren Störungen in der Biosphäre, zum Beispiel überdüngte Gewässer, wachsende und unsichere Mülldeponien und Waldsterben, führten zu einem diesbezüglichen Umdenken. Die Offensichtlichkeit der Missstände hatte bereits zuvor zu politischem Handeln geführt. Die deutsche Bundesregierung legte 1969 erstmals ein Umweltprogramm auf und berichtete regelmäßig über die Fortschritte [2]. CO₂ und weitere Treibhausgase spielten zunächst jedoch keine Rolle. Einige der damals erkannten Umweltprobleme sind national gelöst worden, global aber nicht, wie bren-

nende Mülldeponien und die Plastifizierung der Meere zeigen. Probleme der Ressourcenübernutzung und des Naturverlusts haben zugenommen und der menschengemachte Klimawandel hat an Bedeutung gewonnen. Über Details der Modelle und der Vorhersagen dieser Studie kann trefflich gestritten werden. Sie unterschätzte die Fähigkeiten zum wissenschaftlichen Erkenntnisgewinn und zur Umsetzung von technischen Maßnahmen; die Dringlichkeit der Warnung war jedoch gerechtfertigt. Und doch sind die globalen Herausforderungen nicht gelöst worden, sondern extrem gewachsen.

Im Jahr 2015 einigten sich die Mitgliedsstaaten der Vereinten Nationen auf 17 Nachhaltigkeitsziele (*Sustainable Development Goals*, SDGs) als Agenda mit dem Zielhorizont 2030. Jüngst – und damit 50 Jahre nach Erscheinen des Buchs „Die Grenzen des Wachstums“ – hat der *Club of Rome* das Buch „Earth for All“ [3] vorgelegt. Das Interesse an dieser neuen Einschätzung ist offenbar sehr hoch, da weder die Buchhandlungen auf meine Nachfrage sofort liefern, noch die Universitätsbibliothek das Buch ausleihen konnten. Die Autoren/-innen verlan-



gen in Aktionsfeldern wie „Intaktheit der Natur“, „Erhalt der Artenvielfalt“, „Ausreichende und gesunde Nahrung“ sowie „Menschliche Gesundheit“ – ähnlich wie bei den SDGs – einen gigantischen Sprung im menschlichen Handeln, um die schlimmsten Folgen des Klimawandels abzuwenden. Bei den genannten Aktionsfeldern ergibt sich der Bezug zur Grundlagenforschung in den Biowissenschaften, denn heutige Anwendungen basieren grundsätzlich auf Erkenntnissen der Grundlagenforschung.

Weltweite Aktivitäten zum IYBSSD

Neben zentralen Veranstaltungen wie der Eröffnungsfeier in Paris am 8. Juli und die *World Conference on Basic Sciences and Sustainable Development* am 19.–21. September in Belgrad sollen dezentrale, eigenständig organisierte Veranstaltungen stattfinden. Interessierte können Veranstaltungen in den Kalender auf der IYBSSD-Internetseite eintragen, beispielsweise einmalige und fortlaufende Seminare und Bildungsangebote. Die Themen sollen sich an den Hauptzielen und den prioritären Themen des IYBSSD orientieren (Tabelle 1).

Die *International Union of Biological Sciences* (IUBS) unterstützte den Antrag und die Durchführung des IYBSSD und führt verschiedene wissenschaftliche Projekte durch, die in diesen Rahmen passen. Dazu gehören die Anstrengungen zur Vereinheitlichung der taxonomischen Listen der Pflanzen, Tiere, Pilze und Algen, Projekte zur extensiven Weidewirtschaft, zu den biologischen Folgen des Klimawandels oder zum Umgang mit großen Datenmengen an der Schnittstelle von Biodiversitätsforschung und Gesundheit.

Die Verknüpfung von Nachhaltigkeit und Grundlagenforschung

Der enge Zusammenhang zwischen Erkenntnissen aus der Grundlagenforschung und Problemlösungen bei den SDGs soll hier an fünf Beispielen schlaglichtartig gezeigt werden.

Ein vorrangiges SDG ist die Beseitigung von Hunger und Mangelkrankheiten durch die Bereitstellung



qualitativ hochwertiger Nahrung. Lagerfähigkeit von Obst spielt eine entscheidende Rolle: Jedem/r

Weltbewohner/-in stünden bei Gleichverteilung der globalen Erntemenge etwa 120 kg Obst im Jahr zur Verfügung. Davon sind 30 Prozent Bananen. Die Bananenbüschel werden grün geerntet und unter Stickstoffatmosphäre für etwa zwei Wochen zu uns transportiert. In Reifekammern werden diese Bananen mit bis zu fünf Prozent Ethylen für wenige Tage begast. Dieses flüchtige Pflanzenhormon wurde aufgrund seiner Wirkung auf Pflanzen an Gaslaternen 1901 von Dimitry Neljubow beschrieben. Nach dem Nachweis der Ethylensynthese in Pflanzen wurde die Hypothese eines flüchtigen Pflanzenhormons zunehmend akzeptiert. Heute kennen wir Ethylenrezeptoren sowie viele physiologische und genetische Steuerfunktionen von Ethylen [4]. Ethylen reguliert beispielsweise die Genexpression bei Überflutung, einem Umweltstress, der mit dem Klimawandel häufiger auftritt. Die

Bedeutung von Ethylen unter widrigen Umweltbedingungen und bei der Kontrolle der Fruchtreife sind historische Grundlagenbefunde. Ihre (bio-)technologische Anwendung ist inzwischen für die sichere Ernährung sehr bedeutsam.

Paradebeispiel für SDG 3 „Gesundheit und Wohlergehen“ in Zeiten der COVID-19-Pandemie ist die Entwicklung der mRNA-



Impfstoffe. Die mRNA wird von einer DNA-Matrize mithilfe einer mRNA-Polymerase *in vitro* transkribiert. Dieses Enzym wurde 1960 entdeckt. Am 5'-Ende des mRNA-Moleküls wird eine Cap-Struktur eingeführt. Diese Form der Stabilisierung wurde in den 1970er Jahren gefunden und fünf Jahre später das 5'-mRNA-Capping-Enzym. Bereits zu dieser Zeit wurden mRNA-Moleküle biotechnologisch in Lipidvesikel eingebaut. Diese und weitere grundlegende Erkenntnisse ebneten den Weg zur ersten mRNA-basierten Krebstherapie im Jahr 2009 [5]. Eher als Nebenprodukt dieser Forschungsanstrengungen wurden in kürzester Zeit die SARS-Cov2-mRNA-Impfstoffe von BioNTech/Pfizer und Moderna entwickelt.

Mikrobiome in der Rhizosphäre, im Darmtrakt, in Kläranlagen und Biogasanlagen sind komplexe Lebensgemeinschaften, die in perfekter Weise die Bedeutung der Grundlagenforschung für die Anwendung zeigen. Mikrobiome erhalten im

Kontext nachhaltiger Landwirtschaft, Gesundheit und Energieerzeugung zunehmende Auf-

merksamkeit. Genomische DNA der Mikrobiomproben werden sequenziert. Das Ergebnis ist ein Sequenzgemisch, auch Metagenom genannt, dessen Teilsequenzen durch bioinformatische Auswertung und Vergleich mit bekannten Sequenzen der im Mikrobiom vorhandenen Bakterien, Archaeen, Protozoen usw. zugeordnet werden. Auf jeder methodischen Ebene war intensive Grundlagenforschung nötig. Es werden Kenntnisse über Arten und Bakterienstämme benötigt. Die DNA-Sequenzierung entwickelte sich von den Anfängen der Sanger- oder Maxam-Gilbert-Methode 1977 bis hin zu den heutigen Hochdurchsatzverfahren. Erst sie ermöglichen die Metagenomanalyse [6] und damit wichtige Beiträge zur Biodiversitätsforschung, Gesundheit, Landwirtschaft usw.

Der Begriff *Blue Carbon* umfasst die CO₂-Aufnahme und CO₂-Speicherfähigkeit der Meeresküsten, die etwa zwei Prozent der Erdoberfläche einnehmen. Beteiligt sind vor allem Seegräser, Algen, Mangroven und Salzmarschpflanzen. Die CO₂-Aufnahmerate der Seegräser erreicht oder übersteigt mit ge-



TAB 1. WICHTIGSTE ZIELE UND THEMEN DES IYBSSD

Hauptziele	Prioritäre Themen
<ul style="list-style-type: none"> – Förderung der Teilhabe an der Wissenschaft ohne Ansehen der Herkunft, sozialen und geographischen Position oder des Geschlechts – Stärkung der Bildung und des wissenschaftlichen Denkens: Neugier, Austausch und Ehrlichkeit – Sicherung der Finanzierung der Grundlagenforschung durch definierte Anteile am Brutto sozialprodukt, die für Forschung und Entwicklung aufgebracht werden – Realisierung von <i>Open Science</i> mit allgemeinem Zugang zu den Ergebnissen und Veröffentlichungen 	<ul style="list-style-type: none"> – Stärkung der Präsenz und Sichtbarkeit von Frauen in der Wissenschaft – Grundlagenforschung als Basis für den internationalen Dialog, Kooperation und Frieden – Einbeziehung von Basisorganisationen, Politik, Führungskräften, Verbänden, Studierenden und örtlichen Behörden – Wissenschaft als globales öffentliches Gut – Beitrag zur Innovation und menschlichen Entwicklung – Lösungen für globale Herausforderungen

Das IYBSSD ist entlang der übergeordneten Ziele und prioritären Themen organisiert, die die UNESCO und die UN identifiziert haben. <https://www.iybssd2022.org/en/about-us/>

schätzten 47–112 Gt Kohlenstoff (C)/Jahr die unserer Laub- und Laubmischwälder gemäßigter Breiten mit 53 Gt C/Jahr [7]. Aus diesen und weiteren Gründen wie Küstenerosionsschutz werden vermehrt *Blue Carbon*-Projekte initiiert, die zur Abmilderung des Klimawandels beitragen [8]. Ökologische, physiologische und geographische Grundlagenforschung ermöglichte diese Entwicklung.

Mit dem fertigen Artikel trifft die Nachricht ein, dass der schwedische Evolutionsforscher Svante Pääbo, der am Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig arbeitet, den Nobelpreis für Medizin 2022 erhalten hat. Neugierde, wie er selber sagt, leitete seine Forschung und führte u. a. zur Sequenzierung des Neandertaler-Genoms. Etwa zwei Prozent unseres Genoms stammen vom Neandertaler und dies hat positive und negative

Folgen, beispielsweise bei Krankheiten: Welch ein großartiges Beispiel für die Bedeutung der themen- und ergebnisoffenen Forschung für nachhaltige Entwicklung!

Die fünf Beispiele belegen den essenziellen Zusammenhang zwischen Grundlagenforschung und Anwendung zur Umsetzung der SDGs. Vielleicht fallen Ihnen andere spannende und wichtige Beispiele ein. Gerne können Sie uns Artikel zu solchen Themen zusenden. Die Einrichtung des IYBSSD ist ein guter Anlass sich diese Zusammenhänge zu vergegenwärtigen und für gute Bedingungen zur Grundlagenforschung in Deutschland und weltweit einzutreten.

Bitte beachten Sie dabei unsere Manuskriptrichtlinien. Für Rückfragen wenden Sie sich bitte an redaktion@biuz.de.

Karl-Josef Dietz, Bielefeld

- [1] D. Meadows et al. (1972) Die Grenzen des Wachstums: Bericht des Club of Rome zur Lage der Menschheit. Deutsche Verlagsanstalt, Stuttgart. ISBN 3-42-102633-5.
- [2] Umweltbericht '76. (1976). Verlag W. Kohlhammer. ISBN 3-17-004106-1.
- [3] Club of Rome (2022). Earth for All. Oekom Verlag. ISBN 978-3-96238-387-9.
- [4] B. M. Binder (2020). Ethylene signaling in plants. *Journal of Biological Chemistry* 295, 7710.
- [5] U. Sahin et al. (2014). mRNA-based therapeutics – developing a new class of drugs. *Nature Reviews – Drug Discovery* 13: 759.
- [6] J. M. Di Bella et al. (2014). High throughput sequencing methods and analysis for microbiome research. *Journal of Microbiological Methods* 95, 401.
- [7] E. McLeod et al. (2011). A blue print for blue carbon: toward an improved understanding of the role of vegetated coastal habitats in sequestering CO₂. *Front. Environ. Ecol.* 9, 552.
- [8] L. Wylie et al. (2016) Keys to successful blue carbon projects: Lessons learned from global case studies. *Marine Policy* 65: 76.

DOI:10.11576/biuz-5965

AUS DEM VBIO

Herausforderung in spannenden Zeiten: Bundesdelegiertenversammlung des VBIO 2022

Am 7. Oktober 2022 trafen sich die Delegierten aus Landesverbänden und Fachgesellschaften zur jährlichen Bundesdelegiertenversammlung (BDV) des VBIO. Dabei wurde deutlich, was der VBIO trotz der derzeit herausfordernden wirtschaftlichen, politischen und gesellschaftlichen Rahmenbedingungen alles bewegen konnte.

Der Präsident, Prof. Karl-Josef Dietz, skizzierte zunächst vier Arbeitsfelder des VBIO: „Wissenschaft und Erkenntnis“, „Bildung und Kommunikation“, „Biomedizin und Gesundheit“ sowie „Biodiversität und Nachhaltigkeit“. Beispielhaft dargestellt wurden die umfangreichen Aktivitäten im Bereich der Kommunikation von den wöchentlichen Newslettern über die monatlich erscheinenden *Actualia* bis hin zum Verbandsjournal „Biologie in unserer Zeit“. Neu eingerichtet wurde die Kommunikationsplattform „Loxonet“, die die interne Zusammenarbeit erleichtern soll.

Erfolgreiches Engagement für Wissenschaft und Forschung erfordert Kooperation mit anderen Akteuren. Hier konnte der VBIO insbesondere die Zusammenarbeit mit den mathematisch-naturwissenschaftlichen Gesellschaften weiter ausbauen. So wurden unter anderem eine Stellungnahme zum *International Year of Basic Science for Sustainable Development* sowie ein Positionspapier zur Fort- und Weiterbildung von Lehrkräften für mathematisch-naturwissenschaftliche Fächer vorgelegt.

Zum Thema „Zugang zu genetischen Ressourcen und gerechter Vor-

teilsausgleich“ arbeitet der VBIO im Bündnis universitärer und außeruniversitärer Biodiversitätsforschung mit. Gemeinsam mit seinen Mitgliedsgesellschaften aus der Pflanzenforschung ist der VBIO auch weiterhin auf verschiedenen Ebenen aktiv zum Thema *Genome Editing*.

Im Bereich Ausbildung & Karriere konnten die Online-Angebote wie die Soft-Skill-Seminare und die Berufsfeld-Infoabende ausgebaut werden. Der VBIO ist weiterhin online oder in Präsenz bei Karrieretagen und Jobbörsen vertreten. Auf der Agenda stehen des Weiteren die Reform des Wissenschaftszeitvertragsgesetzes sowie die Zukunft der Akkreditierung.



In seinem Ausblick verwies der Präsident des VBIO unter anderem auf die Notwendigkeit, die Kooperationen zwischen Mitgliedern und Gruppen innerhalb des VBIO auszubauen und dabei insbesondere auch die Initiative „Young VBIO“ zu stärken.

Der Bericht wurde ergänzt durch die Sprecherinnen von Landesverbänden (Marga Radermacher) und Fachgesellschaften (Prof. Felicitas Pfeifer), die deutlich machten, dass der VBIO ein vielfältiges Angebot an Themen, Zielgruppen und Aktionsformen bereithält. So wurden im Ständigen Ausschuss „Fachgesellschaften und Landesverbände“ zwei für den VBIO neue digitale Formate entwickelt, die in Kürze an den Start gehen: zum einen das „VBIO Dialogforum“, bei dem zwei Experten ein fachübergreifendes Thema aus unterschiedlicher Perspektive beleuchten und sich anschließend einer moderierten Diskussion stellen. Zum anderen eine Fortbildungsreihe auf der Basis der KMK-Bildungsstandards für die Sek. II im Fach Biologie.

Die Ausführungen des Schatzmeisters, PD Dr. Christian Lindermayr, machten einmal mehr deutlich, dass die finanzielle Basis des VBIO knapp ist. Dies ist kein neuer Befund, gibt aber angesichts der zu erwartenden Teuerungsraten Grund zur Sorge. Eine Anpassung der Mitgliedsbeiträge des VBIO ist daher notwendig. Die BDV hat deshalb eine Änderung der Beitragsordnung beschlossen, die die Erhöhung der Beiträge für vollzahlende Mitglieder von 84 Euro auf 90 Euro im Jahr 2023 vorsieht. Auch die Beiträge für studentische Mitglieder sowie kooperierende Mitglieder werden angepasst. Senioren zahlen künftig 60 Euro im Jahr; die Basismitgliedschaft wird auf 35 Euro angehoben und enthält dafür ab sofort ein Abo der *biuz print*. Ferner wurden Anpassungen der VBIO-Satzung beschlossen. Bundesdelegiertenversammlungen und insbesondere auch Wahlen mittels Online-Tools sind damit zukünftig auch formal in der Satzung verankert.

Last but not least: Turnusgemäß galt es, das Präsidium des VBIO zu

wählen. Dieses wird auch weiterhin geführt durch Prof. Dr. Karl-Josef Dietz (Bielefeld). Das Amt des Schatzmeisters verantwortet erneut PD Dr. Christian Lindermayr (München). Prof. Dr. Felicitas Pfeifer von der TU Darmstadt engagiert sich als Sprecherin der Fachgesellschaften im VBIO, Marga Radermacher als Sprecherin der Landesverbände im VBIO. Darüber hinaus sind im Präsidium des VBIO aktiv: Dr. Sven Bradler (Göttingen), Prof. Dr. Markus Engstler (Würzburg), Prof. Dr. Robert Hänsch (Braunschweig), Prof. Dr. Kerstin Kremer (Gießen), Prof. Dr. Gabriele Pfitzer (Köln) sowie Luca Stephan (Braunschweig).

Die Bundesdelegiertenversammlung bestätigte darüber hinaus auch eine Reihe von Beiratsmitgliedern des VBIO. Mitglieder des VBIO finden weitere Informationen zur BDV im Intranet des VBIO.

Kerstin Elbing, VBIO

DOI:10.11576/biuz-5966

FACHGESELLSCHAFTEN

Genomeditierung von Pflanzen im internationalen und rechtlichen Kontext

Das Urteil des Europäischen Gerichtshofs (EuGH) vom Juli 2018 und die damit verbundenen Auflagen für die Zulassung Genom-edierter Pflanzen machen die Nutzung entsprechender Verfahren für die Pflanzenzüchtung in Europa nahezu unmöglich. Unser Mitglied, die Gesellschaft für Pflanzenbiotechnologie, begleitet diese Entwicklungen mit großer Sorge. Hier stellt sie sich und ihre Arbeit vor.

Ernährungssicherheit ist unter den derzeitigen Bedingungen auch in Europa ein wichtiges Thema. Um nachhaltig den steigenden Nahrungsmittelbedarf zu decken und den Herausforderungen des Klimawandels zu begegnen, werden Pflanzen gebraucht, die widerstandsfähig sind und mit weniger Einsatz von mineralischem Dünger und konventionellen Pflanzenschutzmitteln höhere Erträge erzielen können. Die klassische Züchtung, die auf genetischen Kreuzun-

gen und klassischer Mutagenese basiert, hat Erstaunliches geleistet, ist aber vor allem zeitaufwendig. Die heute dringend notwendigen Züchtungsfortschritte werden in der Kürze der Zeit nicht allein mit den Mitteln der klassischen Züchtung erreichbar sein. Der Einsatz von Cis- und Transgenen sowie gentechnisch veränderten Organismen (GVO) ist effizient, wird aber von der Öffentlichkeit und Politik – zumindest in Europa – kaum unterstützt.

Ein neues Werkzeug für die Pflanzenzüchtung?

Die gezielte Genomeditierung stellt eine nie dagewesene Chance zur Verbesserung von Nutzpflanzen dar: Die prominenteste dieser Methoden basiert auf dem bakteriellen Typ-II-„clustered regularly interspaced short palindromic repeats“- (CRISPR)-Immunsystem. Die CRISPR-assoziierten Nukleasen, also „Genschere“ wie beispielsweise Cas9, werden bereits seit ca. 10 Jahren genutzt, um punktgenaue Veränderungen im Erbgut von Pflanzen zu erzielen. Seither hat sich diese gezielte Mutagenese als ein extrem effizientes und relativ einfach zu handhabendes Werkzeug für die Pflanzenzüchtung erwiesen. Sowohl Züchter/-innen als auch Pflanzenforscher/-innen in Europa hatten hohe Erwartungen in die zukünftigen Anwendungsmöglichkeiten dieser Technologie gesetzt.

Das EuGH Urteil...

Diese Erwartungen wurden jedoch mit dem Urteil des Europäischen Gerichtshofs (EuGH) vom Juli 2018 zunichtegemacht: Der EuGH hat in seinem Urteil vom 28.07.2018 alle Organismen, die durch Mutagenese-Verfahren gewonnen wurden, als gentechnisch veränderte Organismen (GVO) eingestuft; dies gilt auch für Genom-editierte Pflanzen. Solche Organismen unterliegen damit den Regularien der GVO-Gesetzgebung. Ausgenommen von den Regularien sind – wie auch vorher schon – die durch klassische Mutagenese gewonnenen Pflanzensorten, da diese Art der Mutagenese bereits Jahrzehnte länger verwendet wird und damit einen „history of safe use“-Status hat.

...und seine Folgen

Dieses Urteil und die damit verbundenen Auflagen für die Zulassung Genom-edierter Pflanzen machte die Nutzung dieser innovativen Verfahren für die Pflanzenzüchtung in Europa nahezu unmöglich. Darüber hinaus sind diese Pflanzen sowie daraus hergestellte Erzeugnisse, wie alle GVOs, kennzeichnungspflichtig und müssen rückverfolgbar sein. Doch der Nachweis solcher Produkte bei Importen von außer-europäischen Waren wirft Probleme auf, die im schlimmsten Fall zu Verwerfungen im Welthandel führen können: Die Überprüfung der Einhaltung der GVO-Gesetzgebung (Verordnungen EC 1829/2003 und EC 1830/2003) bei Importen von Rohstoffen oder Produkten, die außerhalb der EU erzeugt wurden, erfolgt durch ein System zur Rückverfolgbarkeit von Dokumenten und Laboruntersuchungen auf DNA-Ebene. Rohstoffe und Produkte, die auf Genom-editierten Pflanzen beruhen, können beim Import nur dann identifiziert werden, wenn umfangreiche Vorkenntnisse über die veränderte Genomsequenz, eine validierte Nachweismethode und zertifizierte Referenzmaterialien verfügbar sind. Dies ist nur in einer begrenzten Anzahl von Fällen möglich, da

weite Teile der Welt keine derartige Regulierung oder Kennzeichnung vorschreiben. Darüber hinaus bieten die gegenwärtigen Methoden zum Nachweis von Genom-editierten Produkten, besonders bei kleinen Modifikationen (eine bis mehrere Nukleotide – sogenannte SDN1-Organismen), keine ausreichende Selektivität für die Durchsetzung von Rechtsvorschriften. Letztendlich ist es besonders für SDN1-Organismen nicht möglich, gerichtsfest nachzuweisen, ob eine Mutation spontan entstanden ist oder durch konventionelle oder neue (Genom-Editing-)Mutagenese-Techniken eingefügt wurde.

Koppelt Europa sich ab vom Rest der Welt ?

Diese Situation stellt nun ein tatsächliches Dilemma dar: Außerhalb von Europa wird die Genomeditierung bereits in erheblichem Umfang in der modernen Pflanzenzüchtung eingesetzt und „SDN1-Pflanzen“ sind dort häufig nicht kennzeichnungspflichtig. Für die Tierproduktion sind die Staaten der Europäischen Union jedoch in erheblichem Umfang auf den Import von Futtermitteln angewiesen, die in naher Zukunft immer häufiger von Genom-editierten Pflanzen aus dem außer-europäischen Ausland stammen werden. Wenn nun der Nachweis der verwendeten Züchtungsmethode für solche Rohstoffe nicht eindeutig möglich ist, wird die EU dann den Import verweigern und ihre Lebensmittelindustrie in erhebliche Schwierigkeiten bringen oder sogar mit einer Klage der *World Trade Organisation* konfrontiert werden?

Wie geht es weiter ?

Erfreulicherweise hat die EU-Kommission diese schwierige Situation erkannt und reagiert: Die Kommission will nun endlich die Gentechnikgesetze „an den wissenschaftlichen und technischen Fortschritt anpassen“ und so „Innovationen in der Landwirtschaft ermöglichen“ – ohne das „hohe Schutzniveau für die



Gesundheit von Mensch und Tier sowie für die Umwelt“ aufzugeben. Ende September 2021 hat die EU-Kommission einen verbindlichen Fahrplan für eine Gesetzesinitiative („Rechtsvorschriften für Pflanzen, die mithilfe bestimmter neuer genomischer Verfahren gewonnen werden“) vorgestellt. Zunächst sind öffentliche Konsultationsrunden angesetzt, bevor die Kommission einen konkreten Vorschlag ausarbeitet und im zweiten Quartal 2023 darüber beschließt. Danach muss der neue Rechtsrahmen noch das komplizierte europäische Gesetzgebungsverfahren durchlaufen.

Die Gesellschaft für Pflanzenbiotechnologie begleitet diese Entwicklungen in Deutschland und auf europäischer Ebene intensiv mit der Veröffentlichung von Stellungnahmen, der Teilnahme an und Moderation von Podiumsdiskussionen mit der interessierten Öffentlichkeit und politischen Akteuren und mit der Veranstaltung von wissenschaftlichen Workshops. Damit wollen wir einen Beitrag zur Verbreitung neuer Erkenntnisse und Entwicklungen leisten und zum öffentlichen Diskurs auf hohem fachlichen Niveau beitragen. Weiterer Schwerpunkt unserer Vereinsarbeit ist die Vernetzung von Wissenschaftlern/-innen auf dem Gebiet der Pflanzenbiotechnologie durch Organisation von Fachtagungen und Workshops. Auf unserer vereinseigenen Webseite (www.pflanzen-biotechnologie.de) sowie auf sozialen Medien wie Instagram oder Twitter bieten wir aktuelle Informationen rund um die Pflanzenbiotechnologie. Neben der Genomeditierung sind wir in weiteren modernen Bereichen pflanzlicher Biotechnologie aktiv wie z. B. der

Zell- und Gewebekultur, der markergestützten Züchtung oder der molekularbiologischen Pathogendiagnostik. Daneben liegt uns die Bewahrung der genetischen Vielfalt am Herzen. Hierzu begleiten und bewerten wir Biologische Sicherheitsforschung und innovative biotech-

nologische Verfahren in der Pflanzenzüchtung.

Die Gesellschaft für Pflanzenbiotechnologie e. V. ist kooperierendes Mitglied im Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin e. V. (VBIO) und Mitglied im Dachverband der IAPB (International Association

for Plant Tissue Culture & Biotechnology).

*Vom Vorstand der Gesellschaft für Pflanzenbiotechnologie
G. Krczal, G. Hensel, R. Boehm,
J. Streubel, R. Hoffie*

DOI:10.11576/biuz-5967

NOBELPREIS FÜR PHYSIOLOGIE ODER MEDIZIN 2022

Svante Pääbo, Begründer der Paläogenetik

Der diesjährige Laureat wird für die Entschlüsselung der Genome ausgestorbener Hominiden und bahnbrechende Beiträge zum Verständnis der Evolution des modernen Menschen ausgezeichnet.

Das Konzept, phylogenetische Stammbäume auf der Grundlage molekularer Informationen zu erstellen, ist fast so alt wie die Methodik der Sequenzierung von Proteinen und Nukleinsäuren. Dabei werden die Basensequenzen von Nukleinsäuren oder die Aminosäureabfolge von Proteinen zwischen Arten verglichen, um anhand der abgestuften Ähnlichkeiten die Verwandtschaftsverhältnisse aufzuklären und eine hypothetische Sequenz des gemeinsamen Vorfahren zu rekonstruieren. Je länger die Trennung zweier Arten zurückliegt, desto mehr Abweichungen in Form von Mutationen können sich im Genom anhäufen. Somit lässt sich auch der ungefähre Zeitpunkt abschätzen, an dem sich die Arten vermutlich getrennt haben. Allerdings ist die Methode fehleranfällig, da Mutationen nicht an jeder Stelle des Genoms gleichermaßen toleriert werden. Ein Teil von ihnen wird durch den stabilisierenden Selektionsdruck aussortiert, der für funktionsfähige Zellbausteine sorgt, und dieser kann für einzelne Gene unterschiedlich stark sein. Phylogenetische Stammbäume können deshalb unterschiedlich ausfallen, je nachdem, welches Gen oder Protein ihnen zugrunde liegt.

Bis vor kurzem waren derartige Analysen nur mit dem Erbgut rezenter Arten möglich; Gensequenzen von fossilem Material zu gewinnen, schien undenkbar. Die phylogenetische Einordnung ausgestorbener Arten erfolgte daher anhand morphologischer Kriterien. Erst Svante Pääbo (*1955, Stockholm, Schweden), der in diesem Jahr mit dem Nobelpreis für Medizin ausgezeichnet wurde, leitete diesbezüglich eine neue Epoche ein: Er widmete seine gesamte wissenschaftliche Laufbahn dem Ziel, Nukleinsäuren aus Fossilien zu isolieren und zu sequenzieren, um die Erbinformation ausgestorbener Arten und speziell die

unserer Vorfahren zu entschlüsseln. Bereits als Doktorand an der Universität Uppsala (Schweden) stellte er sich neben seinem eigentlichen, virologisch-immunologischen Thema der Herausforderung, aus Mumien Desoxyribonukleinsäure (DNA) zu isolieren. Diese Zielsetzung ist bis heute alles andere als trivial – nicht nur deshalb, weil Nukleinsäuren mit der Zeit durch die allgegenwärtigen Hydrolasen zerstückelt oder ihre Basen oxidativ verändert werden, sondern auch wegen der unvermeidlichen Kontamination der Proben mit fremden Nukleinsäuren, sei es von Mikroorganismen aus der Umwelt oder von den Experimentatoren bei der Probenbearbeitung. Svante Pääbo ließ sich dadurch nicht abschrecken und arbeitete konsequent an der Ausschaltung von Fehlerquellen, der Optimierung von Arbeitsbedingungen und der Adaptation neuester molekularbiologischer Technologien an die Erfordernisse der Paläogenetik. Wegen seiner Pionierarbeit auf diesem Gebiet gilt er als Begründer dieser neuen Wissenschaftsdisziplin.

Indem sich Pääbo als Postdoktorand Allan Wilson anschloss, dessen Arbeitsgruppe die Evolution der Primaten und des Menschen auf molekularer Ebene untersuchte, gelang ihm eine entscheidende Weichenstellung. Wilson ist bekannt für den Vergleich der mitochondrialen DNA von Menschen verschiedener Kontinente. Darauf gründet sich die so genannte *out-of-africa*-Hypothese, nach der sich der moderne Mensch in Afrika entwickelte und erst später nach Eurasien einwanderte. Pääbo etablierte Reinraumbedingungen, wie sie beispielsweise in der Halbleiterfertigung gängig sind, um fossile DNA möglichst frei von Kontaminationen zu isolieren. Die Extraktionsmethoden optimierte er zunächst an nicht-menschlicher DNA, deren Reinheit sich besser kontrollieren ließ.

Um aus dem fossilen Material geeignete Proben auszuwählen, erkannte er die Racemisierung der Aminosäuren Aspartat, Alanin und Leucin zur D-Form als Indikator für den Erhaltungszustand der endogenen DNA. Bei allem legte Pääbo Wert auf rigorose Kontrollen bis hin zur Reproduktion der Ergebnisse in einem zweiten, unabhängigen Labor.

Die ersten Sequenzierungen fossiler DNA Ende der 1980er Jahre mit der damals neuen PCR-Technik und Primern aus hypervariablen Regionen des Genoms zeigten, dass altersbedingte Schäden in der DNA Artefakte verursachen können, wenn die fossilen DNA-Fragmente mittels bakterieller Vektoren kloniert werden. Daher empfahlen Pääbo und Wilson die direkte Sequenzierung der amplifizierten PCR-Produkte [1]. Später kamen Hochdurchsatzmethoden zum Einsatz, bei denen einzelne Moleküle einer Einzelstrang-DNA amplifiziert werden, sowie die Pyrosequenzierung, bei welcher der Einbau von Nukleotiden durch eine Luciferase-Reaktion detektiert wird.

Als Professor an der Universität München (1990 bis 1998) und als Direktor des Max-Planck-Instituts für evolutionäre Anthropologie in Leipzig (seit 1997) trieb Pääbo die Isolierung und Sequenzierung von DNA fossiler Hominiden voran – zunächst die der Mitochondrien, da sie in jeder Zelle in zahlreichen Kopien vorliegt und daher relativ leicht anzureichern ist. 2008 gelang seinem Team der Durchbruch mit der Rekonstruktion der kompletten mitochondrialen DNA des Neandertalers, der bis vor etwa 30.000 Jahren in Eurasien lebte. Seine 16.565 Nukleotide lange mitochondriale DNA unterschied sich klar von der des *Homo sapiens* und noch stärker von der des Schimpansen [2]. 2010 folgte die Sequenz des Kerngenoms des Neandertalers, dessen Trennung vom heutigen Menschen auf circa 825.000 Jahren vor unserer Zeit datiert wurde [3]. Bezüglich der Genomsequenz steht der Neandertaler heutigen Menschen aus Eurasien näher als den Afrikanern. Das spricht für einen Genfluss zwischen Neandertaler und *Homo sapiens* während der Zeit ihrer Koexistenz im eurasischen Raum (Abbildung 1). Nach neusten Erkenntnissen erfolgte dieser bidirektional [4]. Infolgedessen finden sich nicht nur innerhalb der heutigen eurasischen Population ursprüngliche Genvarianten des Neandertalers, sondern umgekehrt bei einigen Neandertalern auch Genvarianten, die als Errungenschaften des modernen Menschen gelten.

Ein weiterer Höhepunkt war die Sequenzierung der DNA eines fossilen Fingerknochens aus der Denisova-Höhle im sibirischen Altai-Gebirge. Allein anhand der Basensequenz aus diesem Fund – ohne verfügbare morphologische Informationen – wurde der

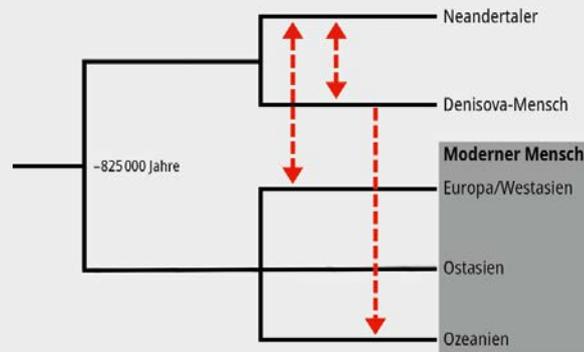


ABB. 1 Stark vereinfachter Stammbaum der Hominiden. Die roten Pfeile zeigen schematisch, zwischen welchen Gruppen Genfluss nachgewiesen wurde; ihre Position sagt nichts über den Zeitpunkt dieser Ereignisse aus. Es sind nur die im Kontext relevanten Gruppen gezeigt. Grafik: A. Hille-Rehfeld.

Denisova-Mensch als distinkte Spezies eingeordnet. Im Stammbaum der Hominiden steht er als Schwestergruppe neben dem Neandertaler, der zeitgleich lebte. Durch ausgedehnte Wanderungen kam es offenbar auch zwischen diesen beiden Spezies zu Kontakten, die nach paläogenetischen Befunden zum Genaustausch führten [5] (Abbildung 1). Das Verbreitungsgebiet des Denisova-Menschen muss bis weit nach Südostasien gereicht haben, denn im Genom der heutigen Melanesier finden sich bemerkenswert viele von ihm stammende Genvarianten [6].

Mit der Isolierung und Sequenzierung fossiler Hominiden-DNA hat die Arbeitsgruppe um Svante Pääbo grundlegende Beiträge zur phylogenetischen Systematik geleistet. Die langfristige Perspektive geht über das Katalogisieren und Vergleichen hinaus, gemäß der Zielsetzung aller Genomikprojekte die Physiologie der Organismen auf Basis ihrer genetischen Information zu erklären. In funktionellen Studien die Genvarianten des modernen Menschen nicht nur mit denen nicht-menschlicher Primaten zu vergleichen, sondern auch mit denen ausgestorbener Hominiden könnte helfen, den evolutionären Erfolg des modernen Menschen zu verstehen.

Literatur

- [1] S. Pääbo, A.C. Wilson (1988). *Nature* 334, 387–388.
- [2] R. E. Green et al. (2008). *Cell* 134, 416–426.
- [3] R. E. Green et al. (2010). *Science* 328, 710–722.
- [4] S. Peyrégne et al. (2022) *Elife* 11, e75464.
- [5] V. Slon et al. (2018). *Nature* 561, 113–116.
- [6] D. Reich et al. (2010) *Nature* 468, 1053–1060.

Annette Hille-Rehfeld,
Stuttgart

CHEMISCHE ÖKOLOGIE

Gefährliches Halbwissen: Pflanzenvarietäten und Inhaltsstoffe

Warum kommt die Therapie mit pflanzlichen Heilmitteln nicht auf einen grünen Zweig? Auch wenn Pflanzenvarietäten sich äußerlich kaum oder gar nicht voneinander unterscheiden – der Schein trügt. Denn die biochemische Zusammensetzung der Stoffwechselprodukte variiert und kann sich mitunter eklatant unterscheiden, so dass sich die Produktqualität signifikant auf den Heileffekt von Therapeutika auswirken kann. Dabei reichen schon einhundert Kilometer zwischen zwei Anbaugebieten, um ganz unterschiedliche Anpassungen einer Pflanze und damit der Inhaltsstoffe herbeizuführen. Da nur die wenigsten Studien auf Varietäten und deren Stoffwechselprodukte eingehen, lässt dies vermuten, dass der überwältigende Teil an Informationen über die Inhaltsstoffe in Heil- und Arzneipflanzen nur eine bestimmte Varietät darstellt, von der nur bedingt auf andere Vertreter derselben Art geschlossen werden kann. Dieses „gefährliche Halbwissen“ kann den Wirkungsgrad des pflanzlichen Therapeutikums verdünnen, verzerren oder sogar gesundheitsschädlich sein und so langfristig die Reputation einer gesundheitsfördernden Phytotherapie in Mitleidenschaft ziehen. Die Erforschung der vielen Pflanzenvarietäten zu forcieren und bestehende Pflanzenmonographien entsprechend zu ergänzen oder gar neu aufzulegen, ist dringend erforderlich.

Jüngst wurde die Brennnessel zur Heilpflanze des Jahres 2022 gekürt. Doch Brennnessel ist nicht gleich Brennnessel! Sie bilden eine Pflanzengattung in der Familie der Brennnesselgewächse (Urticaceae), die weltweit mehr als 60 Arten und vielzählige Variationen aufweist [1]. Zu den häufigsten Arten in Deutschland gehören die Große Brennnessel (*Urtica dioica*), die Kleine Brennnessel (*U. urens*) sowie seltener die Röhricht-Brennnessel (*U. kioviensis*) und die Pillen-Brennnessel (*U. pilulifera*), die jeweils Verwendung in der Phytotherapie finden. In der Homöopathie wird ausschließlich die Kleine Brennnessel eingesetzt, von der nur eine Varietät bekannt ist. Wenn umgangssprachlich jedoch von „der Brennnessel“ gesprochen wird, wird meist die Unterart *U. dioica* subsp. *dioica* gemeint, für die noch fünf Varietäten beschrieben wurden [2].

Varietäten (lat.: Verschiedenheit) beschreiben eine stabile Gruppe einer Art ohne eigenes Verbreitungsgebiet, die sich in einzelnen oder wenigen Merkmalen in der Morpho-

logie und/oder der chemischen Zusammensetzung vom Art-Typus unterscheiden. So verhält es sich beispielsweise bei Varietäten des Echten Fenchels (*Foeniculum vulgare*), die sich in Wuchsform und Geschmack deutlich voneinander absetzen [3], wie die Trivial-Bezeichnungen Bitterfenchel (*F. vulgare* var. *vulgare*), Süßfenchel (*F. vulgare* var. *dulce*) und Knollen- oder Zwiebelfenchel (*F. vulgare* var. *azoricum*) schon erahnen lassen. Eine weitere Pflanze, die ganz pragmatisch als Heil- und Gewürzpflanze eingesetzt wird, ist Basilikum (*Ocimum basilicum*, Abbildung 1).

Welcher Basilikum ist gemeint?

Das Königskraut zählt zu den wichtigsten ätherischen Ölpflanzen der Welt und wird in vielen Ländern kommerziell angebaut. Das Pflanzenöl wird herkömmlich aus verschiedenen Varietäten gewonnen und vermischt. Dabei sind die chemischen Zusammensetzungen des Basilikums, bzw. die Bestandteile ätherischer Öle, standortabhängig und können



ABB. 1 Königlich: Das Königskraut (*Ocimum basilicum*), auch Basilikum genannt. Der Gehalt und die Zusammensetzung des ätherischen Öls sind je nach Varietät, Herkunft und Erntezeitpunkt stark unterschiedlich und reichen geschmacklich von Anis (*O. basilicum* var. *thyrsoflora*) bis Zimt (*O. basilicum* var. *cinnamomum*).
Foto: G. Pandalis.

auch innerhalb einer Region und entsprechend der Umweltbedingungen divergieren [4, 5]. Das Griechische Busch-Basilikum (*O. basilicum* var. *minimum*) enthält vor allem Linalool und Cineol, Zimtbasilikum (*O. basilicum* var. *cinnamomum*) aus Mittelamerika hat durch die enthaltenen Zimtsäureester ein typisches Zimtaroma. Die asiatische Varietät, das Zitronen-Basilikum (*O. basilicum* var. *citriodorum*) besitzt durch das enthaltene Citral einen starken Zitronenduft und das Süße Basilikum (*O. basilicum* var. *thyrsoflora*) ist eine stark estragolhaltige Varietät.

Die Krux: Das pharmazeutische Therapeutikum wird lediglich als *Basilici herba* bezeichnet und gibt keinen Hinweis auf verarbeitete Varietäten, Anbaugebiete oder Erntzeiten. Entsprechend können bei der Ölherstellung verschiedene Chemotypen mit unterschiedlicher Zusammensetzung und Wirkung vermischt werden. Mit fatalen Folgen: Denn speziell Estragol steht im Verdacht, mutagen zu wirken und in hohen Konzentrationen die Entstehung von Krebs zu fördern [6]. Aufgrund des stark schwankenden Estragolgehalts des

Basilikumöls (20–85%) ist die therapeutische Anwendung nicht vertretbar (Kommission E, BAnz Nr. 54, 1992).

Anders als beim Basilikum wird die Gewöhnliche Pestwurz (*Petasites hybridus*), die ebenso als traditionelle Heilpflanze Verwendung findet, auf ihre biochemische Zusammensetzung geprüft, denn auch hier sind sogenannte Chemovarietäten bekannt: eine Furanopetasin-Varietät, die Pyrrolizidinalkaloide (PA) enthält, und eine Petasin-Varietät, welche Petasin, Neopetasin und Isopetasin in hohen Konzentrationen bildet und gleichzeitig PA-arm ist. Da PAs als toxisch gelten und Lebergewebschäden auslösen können, wird nur die Petasin-Varietät für pharmazeutische Zwecke verwendet oder die PAs müssen aufwendig aus Extrakten entfernt werden. Die Erkenntnis um die Chemovarietäten bei der Pestwurz macht eine Qualitätskontrolle unerlässlich, findet allgemein bei anderen Heilpflanzen jedoch kaum Beachtung – trotz besseren Wissens.

Gefahr für Leib und Leben durch vorsätzliche Täuschung

Hinzu kommt, dass eine Pflanzenart, die kommerziell genutzt wird, großflächig und an verschiedenen Standorten kultiviert wird, womit ein breites Spektrum an Wechselwirkungen mit unterschiedlichen biotischen und abiotischen Umweltbedingungen einhergeht. Bedingt durch die Standortabhängigkeit der Inhaltsstoffe können Varietäten aus einer Region, die an einen anderen Standort und/oder im Gewächshaus zum kommerziellen Anbau umgesiedelt werden, sich in ihrer Inhaltsstoffzusammensetzung stark unterscheiden und folglich auch unterschiedliche Wirkung aufweisen.

Hierzu gibt es wissenschaftliche Untersuchungen, z. B. zu Polyphenolmustern in Zistrosenvarietäten [7–9]: Einzig eine beschriebene Zistrosenvarietät, die violett-blühende Zistrose (*Cistus x incanus* L. Pandalis, Abbildungen 2 und 3) hat eine Vielzahl nachgewiesener gesundheitlicher Qualitäten (u. a. sehr starke antivirale

Wirkung), die auf eine besonders vorteilhafte Vitalstoffzusammensetzung aufgrund der lokalen Wachstumsbedingungen zurückzuführen sind [9]. Weder müssen andere *Cistus*-Varietäten dieselbe Wirkung aufweisen, noch sind alle Zistrosenarten zum Verzehr geeignet. Umso erschreckender sind die Ergebnisse einer Studie aus dem Jahr 2021: Mittels Pigmentanalyse von frei erwerblichen Zistrosenpräparaten stellte sich heraus, dass acht von neun getesteten Heilkräuterprodukten, die mit dem Artnamen der violett-blühenden *Cistus x incanus* werben, das Polyphenolmuster weiß-blühender *Cistus*-Arten zeigten, namentlich das von *C. monspeliensis* bzw. *C. salviifolius* [7]. Dies ist ein Missstand, der auch von der Verbraucherschutzzentrale im Frühjahr 2022 thematisiert wurde (<https://www.klartext-nahrungsergaenzung.de/wissen/lebensmittel/nahrungsergaenzungsmittel/zistrose-48529>; Stand 28. März). So wird der Verbraucher nicht nur getäuscht, sondern es wird auch eine Gesundheitsschädigung und potenziell dauerhafte Erkrankung in Kauf genommen.

Da nur die wenigsten Studien auf Varietäten und deren Stoffwechselprodukte eingehen, lässt dies vermuten, dass der überwältigende Teil an Informationen über die Inhaltsstoffe in Heil- und Arzneipflanzen nur eine bestimmte Varietät darstellt, von der nur bedingt auf andere Vertreter derselben Art geschlossen werden kann, bzw. dass es sich lediglich um Mittelwerte verschiedener Varietäten handelt. In beiden Fällen kann dieses „gefährliche Halbwissen“ den Wirkungsgrad des pflanzlichen Therapeutikums verdünnen, verzerren oder sogar gesundheitsschädlich sein und so langfristig die Reputation der Phytotherapie in Mitleidenschaft ziehen.

Dazu kommt, dass pflanzliche Erzeugnisse – und entsprechend auch Heil- und Lebensmittelpflanzen – von der Regelung zur Angabe von Inhaltsstoffen befreit sind (Verordnung (EU) Nr. 1169/2011). Oft werden die Inhaltsstoffangaben des Herstellers auf

der Grundlage von allgemein nachgewiesenen und akzeptierten Daten gemacht, was beträchtliche Folgen für die verarbeitende Industrie und die Konsumenten haben kann, die auf das Vertrauen müssen, was die Produzenten ausweisen.

Damit aus gefährlichem Halbwissen keine katastrophalen Konsequenzen folgen

Noch im 19. Jahrhundert wurde den Varietäten die wichtigste Rangstufe neben dem Artbegriff zuteil und prägte wichtige innerartliche mor-



ABB. 2 Natur pur: Anbaugbiet von *Cistus x incanus* L. Pandalis in Griechenland. Boden und ein besonderes Mikroklima lassen die spezielle Varietät der Graubehaarnten Zistrose gedeihen, die reich an Quercetin ist, was selbst das Diabetikum Metformin in seiner Wirkung in den Schatten stellt [11]. Foto: G. Pandalis.



ABB. 3 Aus Erfahrung gut: Ernte von *Cistus x incanus* L. Pandalis in Griechenland. Gesunde Pflanzenteile der besonderen Varietät der Graubehaarnten Zistrose werden sorgfältig und ökologisch nachhaltig von Hand verlesen. Foto: G. Pandalis.

phologische Unterscheidungsmerkmale [10]. Warum wird heutzutage, obwohl uns moderne biochemische Analysemethoden zur Verfügung stehen, über die Bedeutung der Varietäten hinweggesehen? Mit dem Wissen um die Diversität der Stoffwechselprodukte der Pflanzen und im Speziellen der Chemovarietäten ist es zwingend geboten, der Erforschung der vielen Pflanzenvarietäten eine erhöhte Aufmerksamkeit zu schenken. Es muss Anspruch der Wissenschaft und einer gesundheitsfördernden Phytotherapie sein, diese wichtige Differenzierung der Inhaltsstoffzusammensetzung entsprechend Standort, Mikroklima und Erntezeit in die Pflanzenmonographien aufzunehmen, um die unverfälschten medizinischen Potenziale der Pflanzen(-varietäten) erkenntlich und nutzbar zu machen. Damit aus „gefährlichem Halbwissen“ keine katastrophalen Konsequenzen folgen.

Literatur

- [1] B. Grosse-Veldmann et al. (2016). Pulling the sting out of nettle systematics – A comprehensive phylogeny of the genus *Urtica* L. (Urticaceae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 102, 9–19.
- [2] B. Grosse-Veldmann, M. Weigend (2015). Weeding the nettles III: Named nonsense versus named morphotypes in European *Urtica dioica* L. (Urticaceae). *Phytotaxa* 208, 239.
- [3] M. A. Rather et al. (2016). *Foeniculum vulgare*: A comprehensive review of its traditional use, phytochemistry, pharmacology, and safety. *Arabian Journal of Chemistry* 9, 1574–1583.
- [4] I. Telci et al. (2006). Variability in essential oil composition of Turkish basil (*Ocimum basilicum* L.). *Biochemical Systematics and Ecology* 3, 489–497.
- [5] I. Nykänen (1989). The effect of cultivation conditions on the composition of basil oil. *Flavour and Fragrance Journal* 4, 125–128.
- [6] H. Sievers (2019). Estragol in pflanzlichen Produkten – aktuelle wissenschaftliche Bewertung und regulatorische Bestimmungen. *Zeitschrift für Phytotherapie* 40(1): 10.
- [7] B. Lukas et al. (2021). Polyphenol diversity and antioxidant activity of European *Cistus creticus* L. (Cistaceae) compared to six further, partly sympatric cistus species. *Plants* 10, 615.
- [8] S. Moosmang (2020). Differentiation between *Cistus* L. (Sub-) species (Cistaceae) using NMR metabolic fingerprinting. *Planta Med.* 86, 1148–1155.
- [9] J.-M. Träder (2021). Antivirale Eigenschaften des Extrakts aus *Cistus × incanus* L. *Pandalis* bei SARS-CoV-2 in vitro nachgewiesen. *Erfahrungsheilkunde* 70, 59–62.
- [10] G. Wagenitz (2003). Wörterbuch der Botanik. Die Termini in ihrem historischen Zusammenhang. 2. erweiterte Auflage. S. 341; Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg/Berlin. ISBN 3-8274-1398-2.
- [11] K. Bernacka et al. (2022). Antioxidant and antiglycation effects of *Cistus x incanus* water infusion, its phenolic components, and respective metabolites. *Molecules* 27, 2432.

Alexander Lubsch, Philipp Winkler,
Naturprodukte Dr. Pandalis GmbH
& Co. KG, Glandorf

DIDAKTIK

Die Zukunft der Lehrkräfteausbildung? Was Biologie-Lehramtsstudierende über das fächerübergreifende Unterrichten von Naturwissenschaften denken

Das fächerübergreifende Unterrichten von Naturwissenschaften ist an immer mehr deutschen Schulen Pflicht für die lediglich disziplinär ausgebildeten Lehrkräfte. Was denken Lehramtsstudierende der Biologie als zukünftige Lehrkräfte über diese fächerübergreifende Unterrichtsform, die sie möglicherweise unterrichten müssen, ohne explizit für alle drei Unterrichtsfächer ausgebildet worden zu sein? Welche Schlussfolgerungen ergeben sich daraus für die Lehrkräfteausbildung?

Fächerübergreifendes Unterrichten von Naturwissenschaften ist aktuell vor allem an der Gesamtschule beheimatet, z. B. in Niedersachsen von Klasse 5–10 oder in Nordrhein-Westfalen von Klasse 5–8 [1, 2]. Doch auch an immer mehr Gymnasien ist das fächerübergreifende Unterrichten von Naturwissenschaften zumindest in Klasse 5 und 6 Bestandteil

des Fächerkanons [3]. Zugleich ist die gymnasiale Lehrkräfteausbildung (inklusive Gesamtschule) aber fast ausschließlich disziplinär organisiert und in der Regel werden bestenfalls zwei der drei Fächer Biologie, Chemie und Physik studiert [4]. Es zeigte sich bereits, dass die aktuelle Ausbildung angepasst werden sollte [5]. Doch wie stehen die Biologie-

Lehramtsstudierenden als zukünftige Lehrkräfte überhaupt zum fächerübergreifenden Unterrichten von Naturwissenschaften?

Befragung von Biologie-Lehramtsstudierenden

Das fächerübergreifende Unterrichten von Naturwissenschaften ist ein viel diskutiertes Thema und wird in der Forschung auch als „Spielball der Bildungspolitik“ bezeichnet ([6], S. 13). In der Literatur wurden verschiedene mögliche Vor- und Nachteile bzw. Herausforderungen des fächerübergreifenden Unterrichts von Naturwissenschaften vorgebracht (z. B. [6]). Zu insgesamt jeweils 17 möglichen Vor- und Nachteilen bzw. Herausforderungen des fächerübergreifenden Unterrichts von Naturwissenschaften sowie zu weiteren Aussagen zu diesem Unterrichtsfach wurde online die Zustimmung von 330 Biologie-Lehramtsstudierenden (ohne Zweitfach Chemie oder Physik, 212 Bachelor, 118 Master of Education) erfragt.

Vor- und Nachteile des Unterrichtsfaches Naturwissenschaften

Die Abbildungen 1 und 2 zeigen die Zustimmung der Biologie-Lehramtsstudierenden zu den verschiedenen Vor- und Nachteilen des fächerübergreifenden Unterrichtens von Naturwissenschaften: Zum einen sehen die Biologie-Lehramtsstudierenden das Potenzial des fächerübergreifenden Unterrichtens von Naturwissenschaften besonders darin, Inhalte zu vernetzen (93,8%) und wichtige Schlüsselprobleme unserer Zeit zu behandeln (81,7%). Als Nachteile werden am häufigsten strukturelle Probleme gesehen: die fehlende Ausbildung (82,7%) und daraus resultierendes fachfremdes Unterrichten der nicht-studierten Fächer (83,0%). Zusätzlich gefragt, ob sie sich durch die Ausbildung sehr gut vorbereitet fühlen, um Naturwissenschaften fächerübergreifend zu unterrichten, sagen von 329 Personen 24,9 Prozent ‚Stimme gar nicht zu‘, 30,7 Prozent ‚Stimme eher nicht zu‘, 28,9 Prozent ‚Stimme teils zu‘, 13,7 Prozent ‚Stimme eher zu‘ und **1,8 Prozent (!)** ‚Stimme voll zu‘. Erst nach den strukturellen Problemen werden die Befürchtungen geringer Motivation der Lehrkräfte (69,3%) und fehlender inhaltlicher Tiefe (67,6%) hervorgehoben.

Beibehaltung/Einführung des Faches und die zu adressierende Klassenstufe

Des Weiteren wurde betrachtet, wie die Biologie-Lehramtsstudierenden zur Einführung bzw. Beibehaltung (je nach Bundesland) des Unterrichtsfaches Naturwissenschaften (Abbildung 3) und zur Klassenstufe stehen, in der dieses verpflichtend sein soll (Abbildung 4). Trotz nur einer studierten Naturwissenschaft zeigt sich eine eher positive Haltung zum Unterrichtsfach Naturwissenschaften. Zudem gibt weniger als ein Viertel der Testpersonen an, dieses Fach „gar nicht“ zu wollen. Alle anderen Biologie-Lehramtsstu-

dierenden würden wenigstens dafür plädieren, das Fach in der 5.-6. Klasse beizubehalten, mehr als die Hälfte sogar noch darüber hinaus.

Quo vadis, Lehrkräfteausbildung?

Dennoch sehen die Biologie-Lehramtsstudierenden das Problem der fehlenden bzw. nur teilweisen Ausbildung für dieses fächerübergreifen-

de Unterrichtsfach. Die Daten deuten an, dass dies die Bereitschaft zu diesem Unterrichtsfach bisher aber nicht nachhaltig in der Breite beschädigt zu haben scheint! Trotzdem braucht es wenigstens Zusatzangebote wie an der Georg-August-Universität Göttingen [7], die die Herausforderung fächerübergreifenden Unterrichtens von Naturwissenschaften adressieren. Dieses Fach

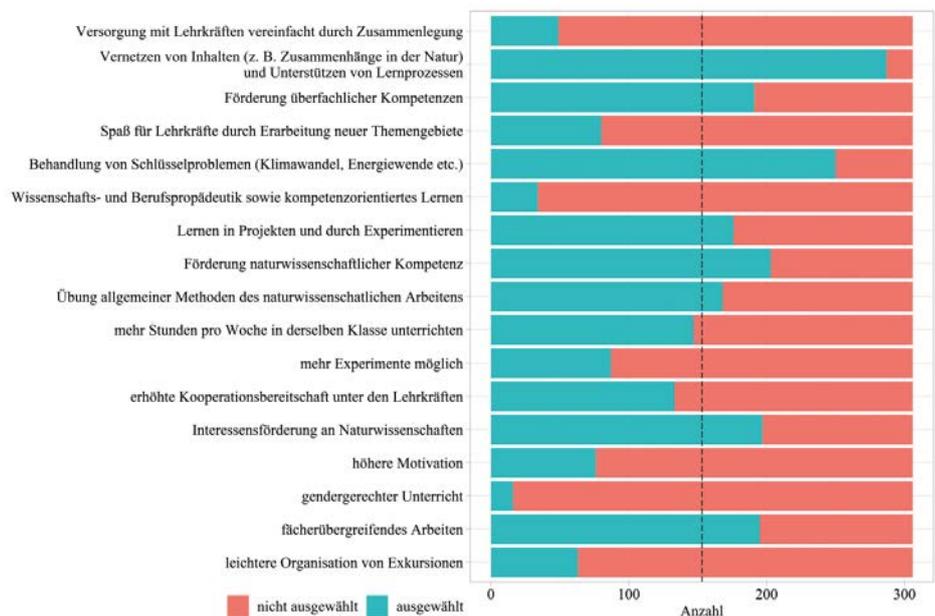


ABB. 1 Häufigkeit der Zustimmung zu Vorteilen des fächerübergreifenden Unterrichtens von Naturwissenschaften (n = 306, gestrichelte Linie = 50%-Grenze).

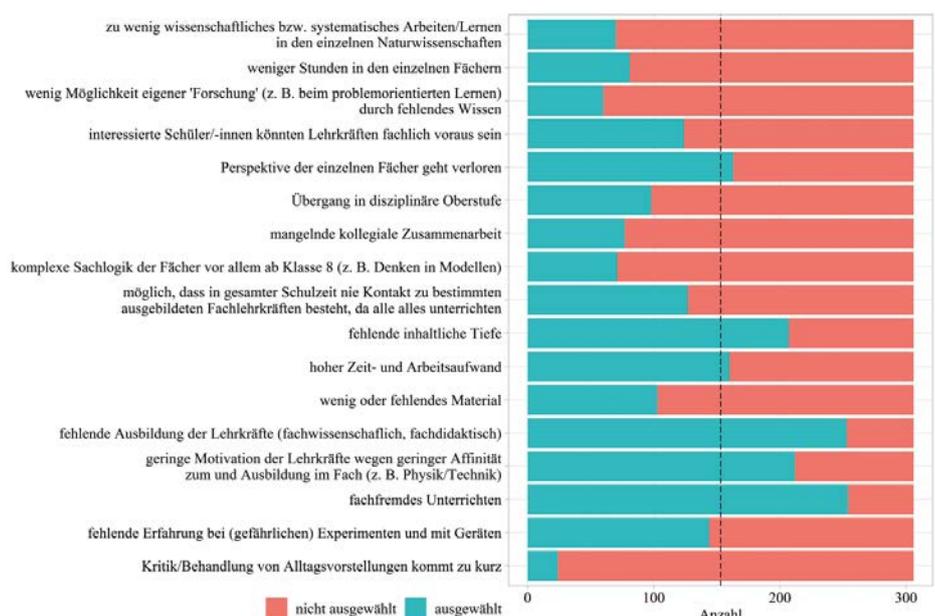


ABB. 2 Häufigkeit der Zustimmung zu Nachteilen bzw. Herausforderungen des fächerübergreifenden Unterrichtens von Naturwissenschaften (n = 306, gestrichelte Linie = 50%-Grenze).

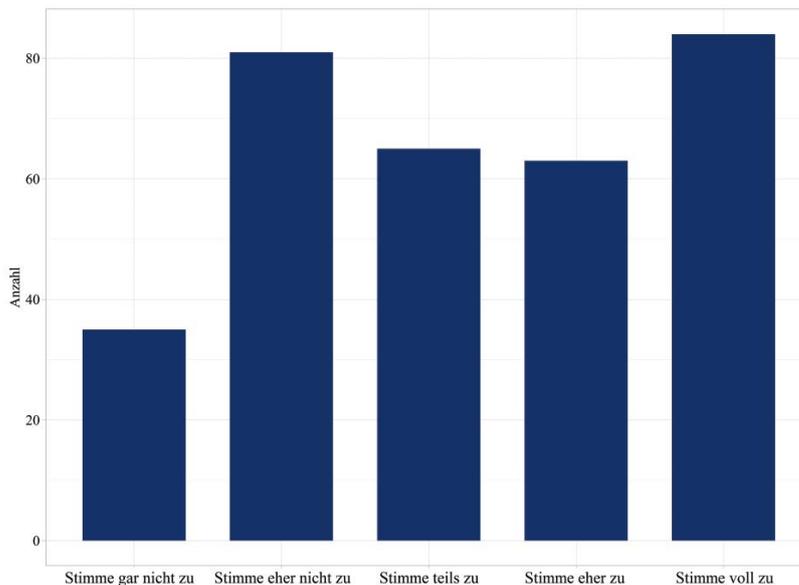


ABB. 3 Häufigkeit der Antworten „Stimme gar nicht zu“ (10,7%), „Stimme eher nicht zu“ (24,7%), „Stimme teils zu“ (19,8%), „Stimme eher zu“ (19,2%) und „Stimme voll zu“ (25,6%) zu der Aussage „Ich bin für die Einführung/Beibehaltung des Faches Naturwissenschaften (Biologie, Chemie und Physik als ein Unterrichtsfach).“ (n = 328).

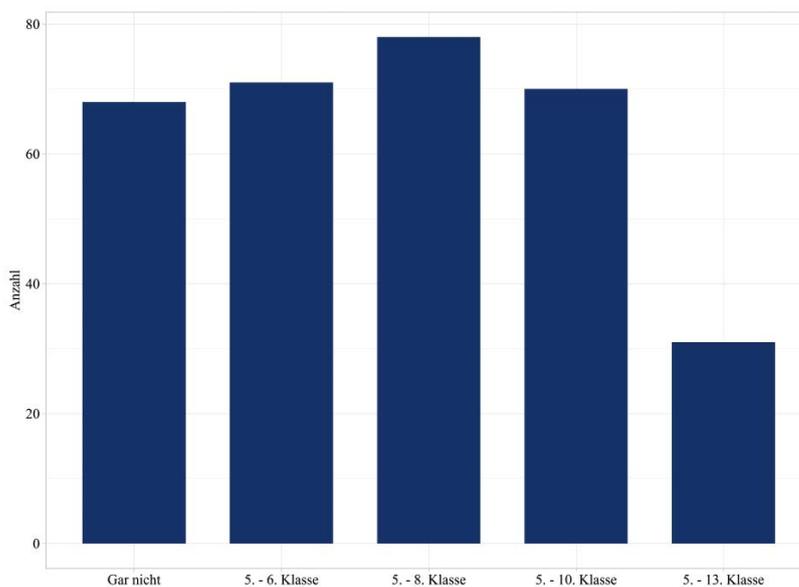


ABB. 4 Häufigkeit der Antworten „Gar nicht“ (21,4%), „5.-6. Klasse“ (22,3%), „5.-8. Klasse“ (24,5%), „5.-10. Klasse“ (22,0%) und „5.-13. Klasse“ (9,7%) zu der Aussage „Fächerübergreifender Unterricht in den Naturwissenschaften sollte von Klasse _ bis Klasse _ verpflichtend sein.“ (n = 318).

verpflichtend an Schulen einzuführen, aber nicht zugleich auch eine entsprechende Ausbildung dafür einzurichten, kann nicht der richtige Weg sein, wenn man dieses Unterrichtsfach für alle Beteiligten zum Erfolg führen will.

Über allem steht jedoch die Frage nach der Vorstellung von einer zukunftsfähigen Lehrkräfteausbildung. Machen die gestiegenen Anforderungen einen stärkeren Fokus auf die Biologie allein, z. B. in Form eines Ein-Fach-Studiums [8, 9], notwen-

dig? Oder sind es gerade das fächerübergreifende Unterrichten von Naturwissenschaften und die entsprechende Ausbildung, die gestärkt werden sollten? Können Schlüsselprobleme wie der Klimawandel, die Corona-Pandemie oder die Energie-wende ausschließlich mit einer biologischen Perspektive erfasst werden, um an entsprechenden Diskursen fundiert teilnehmen zu können? Oder sieht man wie viele Testpersonen ein Potenzial des Unterrichtsfaches Naturwissenschaften in der Behandlung dieser Schlüsselprobleme? Braucht es nicht gerade heutzutage mehr interdisziplinäre Sicht- und Denkweisen?

Literatur

- [1] Kernlehrplan für die Gesamtschule – Sekundarstufe I in Nordrhein-Westfalen: Naturwissenschaften Biologie, Chemie, Physik: https://www.schulentwicklung.nrw.de/lehrplaene/lehrplan/130/KLP_GE_NW.pdf
- [2] Kerncurriculum für die Integrierte Gesamtschule Schuljahrgänge 5–10: Naturwissenschaften: <https://cuvo.nibis.de/cuvo.php?p=download&upload=234>
- [3] G. Graube et al. (2013). Natur und Technik in der gymnasialen Orientierungsstufe: Zur Notwendigkeit eines interdisziplinären Ansatzes. MNU 66(3), 176–179.
- [4] K. Neumann et al. (2017) Science Teacher Preparation in Germany, in: Model Science Teacher Preparation Programs (Hrsg.: J. E. Pedersen, T. Isozaki, T. Hirano), Information Age Publishing, Charlotte, 29–52.
- [5] K. Handtke (2021). Promotionsschrift, Göttingen, <https://doi.org/10.53846/goediss-8801>
- [6] P. Labudde (2014). Fächerübergreifender naturwissenschaftlicher Unterricht – Mythen, Definitionen, Fakten. ZfDN 20(1), 11–19.
- [7] S. Eggert et al. (2018). Herausforderung Interdisziplinäres Unterrichten in der Lehrerbildung: Das Göttinger Zertifikatsmodell. Journal für LehrerInnenbildung 18(3), 51–55.
- [8] VBIO (2021). Was Lehrkräfteausbildung mit Wissenschaftskommunikation zu tun hat. BiuZ, 51(4), 316–319. <https://doi.org/10.11576/biuz-4869>
- [9] K. Kremer (2022). Lehrkräfteausbildung gemeinsam stärken! BiuZ, 52(2), 102–103. <https://doi.org/10.11576/biuz-5432>

Kevin Handtke,
Georg-August-Universität
Göttingen

AUSSERSCHULISCHER LERNORT

Zeugnisse der europäischen Kulturgeschichte: Historische Parks und Gärten für Schüler/-innen erschließen

Wie können historische Gärten und Parkanlagen für Schüler/-innen erschlossen werden? Welche spezifischen Lerninhalte können in diesen Anlagen vermittelt werden? Wie kann man diese Lernpotenziale bestmöglich ausschöpfen? Ein interdisziplinäres Kooperationsprojekt soll diesen und ähnlichen Fragen nachgehen. Gemeinsam mit den Staatlichen Schlössern und Gärten Hessen entwickelt die Biologiedidaktik der Goethe-Universität Frankfurt neue Perspektiven für den Lernort „Gartendenkmal“.

Historische Parks und Gärten sind gern besuchte Orte der Naherholung. Bunte Schmuckbeete, mediterran duftende Orangerien, Gewässer und Obstbaumkulturen sind prägende und zugleich ansprechende Bestandteile dieser Anlagen. Alte Baumbestände in weitläufigen Parks spenden Schatten, laden zum Flanieren und zum Entdecken botanischer Besonderheiten ein. Doch historische Gärten sind nicht nur „grüne Oasen“ unserer Städte. Sie sind auch wertvolle Zeugnisse der europäischen Kulturgeschichte. Seit Jahrhunderten pflegt der Mensch Nutz- und Ziergärten. In verschiedenen Epochen verfolgte man hierbei ganz unterschiedliche ästhetische Prinzipien. Die Geschichte der Gartenkunst erlaubt so beispielsweise Rückschlüsse über das sich ändernde Verhältnis des Menschen zur Natur. Augenfällig ist dabei der Unterschied zwischen geometrisch gegliederten Barockgärten und natürlich gestalteten Landschaftsgärten. Barocke Anlagen, die vor allem im 17. und 18. Jahrhundert entstanden sind, sind durch formal strenge Strukturen gekennzeichnet. Beete, Sträucher und Baumpflanzungen fügen sich in ein schnurgerades Wegenetz. Die Gärten nahmen unmittelbar Bezug auf die Residenzen absolutistischer Monarchen. Die „beherrschte“ Natur sollte dem Machtanspruch des Souveräns Ausdruck verleihen. Ab dem 18. Jahrhundert kamen englische Land-

schaftsgärten in Mode. Nun schuf man Parkanlagen mit geschwungenen Wegen, weiten Rasenflächen und Gehölzpartien, die natürliche Landschaften imitierten. Hier wird ein gewandeltes Naturverständnis deutlich. Dieses gibt bis heute Anlass zur Auseinandersetzung mit der eigenen Beziehung zur gestalteten Natur und zum Umgang mit dieser.

Denkmalpflege und Naturschutz

Historische Gärten sind besondere Kulturdenkmale. Denn in diesen Anlagen kommt es zu einem engen Zusammenspiel von historischer

Substanz und Ökologie. Alte Gehölze sind imposante Zeugen der Vergangenheit. Als solche haben sie gestalterische Bedeutung und einen Dokumentationswert. Sie erbringen außerdem vielfältige ökologische Leistungen: etwa als Habitat- und Höhlenbäume und damit als Lebensräume für zahlreiche Tiere – oder aufgrund ihrer Sauerstoffproduktion und CO₂-Bindungsfähigkeit in Stamm und Krone. Die Bewahrung historischer Gartenanlagen betrifft daher die Denkmalpflege und den Natur- bzw. Klimaschutz. Auch historische Nutz- und Zierpflanzen, die als Arten und Sorten in den Anlagen kultiviert werden, sind ein wichtiger Teil der biologischen Vielfalt. Küchengärten mit Kräuterbeeten, Obst- und Gemüseanbau, Orangerien, Topfobst-, Aurikel- und Duftpelargonienansammlungen sind schützenswerte Zeugnisse der gärtnerischen Kultivierungsgeschichte. Darüber hinaus enthalten historische Gartenanlagen wertvolle Biotop. Amphibien können stehende und fließende Gewässer als Laichplätze nutzen, in denen sich dann die Larven entwickeln. Wildbienen finden in historischem Mauerwerk Unterschlupf. Die Blü-



ABB. 1 Barocke Anlage im Bad Homburger Schlosspark mit Schmuckbeeten und Zedern. Foto: Staatliche Schlösser und Gärten Hessen/Alexander Paul Englert.



ABB. 2 Anschauliche Fruchtnachbildung. Foto: Staatliche Schlösser und Gärten Hessen/Uwe Dettmar.

ten der Obstbäume halten Nektar und Pollen bereit. Durch ihre oftmals große gestalterische Vielfalt auf kleinem Raum und ihre lange Kultivierung am gleichen Standort bieten historische Gärten besondere Habitate. Hierin unterscheiden sie sich von der offenen Kulturlandschaft.

In und von Gartendenkmalen lernen

Historische Gartenanlagen sind damit ein besonderer Teil der von Menschen gestalteten Natur. Auf

grund ihrer vielfältigen Qualitäten können und sollten sie für spezifische Lernangebote genutzt werden. Sie unterscheiden sich grundlegend von Schulgärten, botanischen Gärten, Naturschutzzentren und Institutionen der Waldpädagogik. Denn für historische Gartenanlagen ist die Verschränkung von Ökologie, Kulturgeschichte und Denkmalpflege charakteristisch. Vermittlungsangebote müssen dieser Besonderheit gerecht werden. Es kommt zum einen darauf an, Schüler/-innen in die Lage zu versetzen, die (kunst-) historische Bedeutung der Gartendenkmale zu entschlüsseln und für ihre Gegenwart zu erschließen. Verschiedene Zeitschichten, die sich in den Anlagen überlagern, können dekonstruiert werden. Die Einfuhr, Pflege und Nutzung verschiedener Pflanzen lässt sich an konkreten Beispielen nachvollziehen. Die unmittelbare Begegnung mit lebenden Organismen der Flora und Fauna ermöglicht hierbei eine besonders anschauliche Auseinandersetzung. Darüber hinaus sollte die ökologische Relevanz des grünen Kulturguts – der Zeugnisse der Garten- und Landschaftskultur – verdeutlicht

werden. Die Schüler/-innen können sich etwa mit der Vielfalt historischer Obst- und Gemüsesorten beschäftigen. Sie können erforschen, welche Tiere in der jeweiligen Gartenanlage zu finden sind und wie sie dort in Symbiose oder im Wettbewerb leben. Es ist außerdem möglich, die Folgen des Klimawandels für die Erhaltung der Gartendenkmale zu thematisieren und aus den Gärten Möglichkeiten für künftiges Handeln abzuleiten.

Zum Projekt

Die Deutsche Bundesstiftung Umwelt fördert ein Kooperationsprojekt der Abteilung für Didaktik der Biowissenschaften an der Goethe-Universität Frankfurt mit den Staatlichen Schlössern und Gärten Hessen. Im Rahmen dieses Projekts entstehen denkmalgerechte Lernangebote zur Erkundung historischer Gartenanlagen. Hierzu werden Handwagen mit anschaulichen Lehrmaterialien ausgestattet (z. B. mit Fruchtmodellen, Herbarbelegen oder Bestimmungsschlüsseln). Außerdem werden einfache Instruktionen für Lehrkräfte konzipiert. Die so präparierten Bollerwagen können von Schulklassen genutzt werden. Das Material soll Lehrkräften und Schüler/-innen eine eigenständige Erkundung der jeweiligen Gartenanlage ermöglichen – und zwar ohne langwierigen Vorbereitungs- aufwand. Für ältere Jahrgangsstufen soll zusätzlich ein digitales Lernangebot entwickelt werden. Erklär- videos, historische Abbildungen und Quizfragen werden mit einer App bereitgestellt.

Die Lernorte

Das Vermittlungskonzept wird im Schlossgarten Bad Homburg und im Konventgarten des Klosters Seligenstadt erprobt. Beide Anlagen enthalten ein breites Spektrum charakteristischer Gartenelemente. Der Bad Homburger Schlosspark ist ein strukturreiches Areal, das teilweise als Landschaftsgarten gestaltet ist, teils barocke Elemente enthält, aber

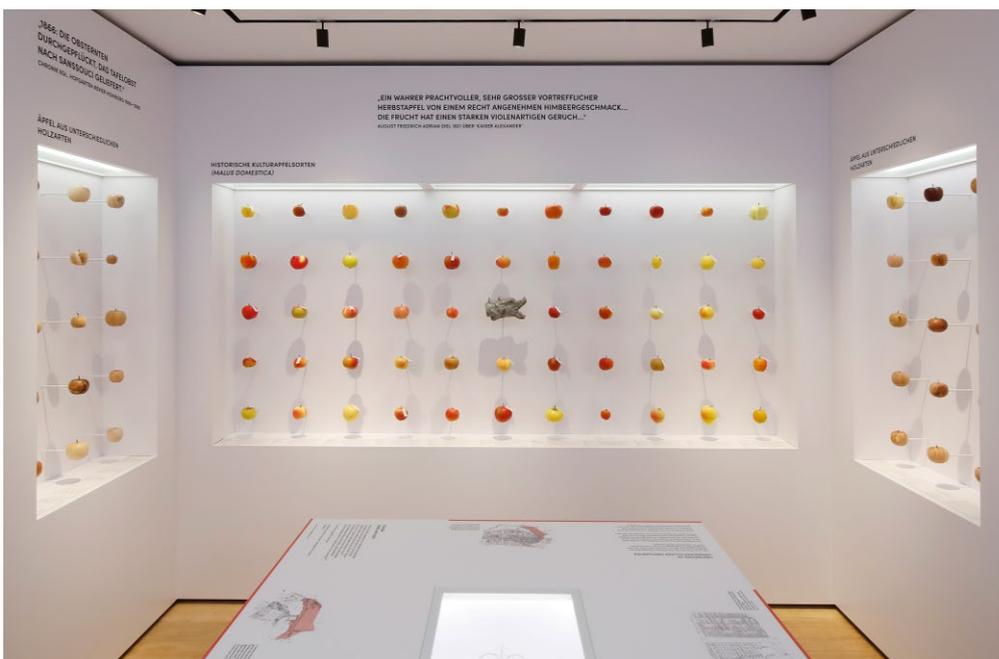


ABB. 3 Ausstellung im „Tempel der Pomona“ im Schlosspark Bad Homburg. Foto: Staatliche Schlösser und Gärten Hessen/Uwe Dettmar.



ABB. 4 Konventgarten Seligenstadt. Foto: Staatliche Schlösser und Gärten Hessen/Olli Heimann.

auch eine kaiserzeitliche Gestaltung aufweist. Imposant sind vor allem die mächtigen Zedern, die im barocken Gartenareal zu finden sind (Abbildung 1). Des Weiteren werden im Schlosspark zahlreiche historische Obstsorten kultiviert. Nahe des Herrschaftlichen Obstgartens kann der „Tempel der Pomona“ besichtigt werden. In diesem Gebäude



ABB. 5 Ananaszucht im Kloster Seligenstadt. Foto: Staatliche Schlösser und Gärten Hessen/Alexander Paul Englert.

sind authentische Modelle alter Apfel- und Birnensorten ausgestellt. Außerdem sind dort anschauliche Lehrmaterialien vorhanden, die über das Thema „Bestäubung und Fruchtbildung“ Auskunft geben (Abbildungen 2 und 3).

Der Seligenstädter Konventgarten ist eine barock gestaltete Anlage, die mehrere Pflanzensammlungen enthält. Im Apothekergarten sind zahlreiche Heilpflanzen zu finden (Abbildung 4). Diverse Zitrusgewächse können in der Orangerie erkundet werden. Diesen Pflanzen ist eine eigene Ausstellung gewidmet. In einem nach historischen Vorbildern errichteten Ananashaus wird außerdem Ananas kultiviert (Abbildung 5). Es ergeben sich folglich vielfältige Ansatzpunkte für die Entwicklung einschlägiger Lernangebote. Die Vermittlungskonzepte sollen bewusst offen konzipiert werden, damit eine Übertragung auf weitere Gartendenkmale möglich ist. Das Bildungs- und Forschungsprojekt hat im Januar 2022 begonnen und ergänzt das Angebot „Wissen-wächst-im-Garten“ der Staatlichen Schlösser und Gärten Hessen.

BESUCHERINFORMATION

Der Schlosspark Bad Homburg hat ganzjährig bis zum Einbruch der Dunkelheit geöffnet. Bei Sturm und Glätte bleibt er geschlossen.

Adresse:
Schloss und Schlosspark Bad Homburg
Schloss
61348 Bad Homburg
Tel. 06172 9262 148
info@schloesser.hessen.de

Der Konventgarten des Klosters Seligenstadt ist im Sommer bis 20 Uhr geöffnet. Im Winter schließt er bei Einbruch der Dunkelheit.

Adresse:
Ehemalige Benediktinerabtei
63500 Seligenstadt
Tel. Garten & Verwaltung:
06182 829 882
info@schloesser.hessen.de

*Daniel Emge,
Goethe-Universität Frankfurt
Inken Formann, Bianca Limburg,
Staatliche Schlösser
und Gärten Hessen
Volker Wenzel,
Goethe-Universität Frankfurt*

SCHULE

Science on Stage: MINT-Lehrkräfte aus ganz Europa kommen nach Prag

Nach zwei Jahren Vorbereitung war es endlich so weit – das Europäische Science on Stage-Festival fand in Prag statt!

Über 350 Lehrkräfte aus über 30 Ländern sind vom 24. bis 27. März 2022 zusammengekommen, um ihre innovativen Unterrichtskonzepte in einem Bildungsmarkt, in Präsentationen auf



ABB. 1 Auf dem Festival präsentieren Lehrkräfte ihre Projekte und vernetzen sich über die Landesgrenzen hinaus. Foto: Dana Barthel.



ABB. 2 Michael Sach und Franziska Langer zeigen ihr Projekt über das Jemenchamäleon, mit dem sich Physik und Biologie verbinden lassen. Foto: Dana Barthel.

der großen Bühne oder in Workshops vorzustellen. Die *Science on Stage*-Festivals sind Ideenbörsen, auf denen Lehrkräfte voneinander lernen, sich vernetzen und Motivation für ihren Schulalltag tanken können. Im Vorfeld des Europäischen Festivals wurden nationale Veranstaltungen in den verschiedenen Ländern veranstaltet. Eine nationale Fachjury nominierte dort die jeweilige Lehrkräftedelegation, die dann das Land auf internationaler Bühne vertrat.

Es fanden sich damit nur die MINT-Projekte in Prag wieder, die ein forschend-entdeckendes Lernen fördern, einen hohen Alltagsbezug vorweisen und mit wenig Geld realisierbar sind. Biologielehrkräfte aus ganz Europa waren vor Ort, um ihre Unterrichtskonzepte zu präsentieren.

Beim englischen Projekt „Food for the 21st century – making a difference“ dreht sich alles um das Thema „Essen“. In Zusammenarbeit mit Oberstufenschüler/-innen, versuchen Grundschul Kinder herauszufinden, ob und wie sie ganzjährig Lebensmittel anbauen können. So wurde nicht nur die Liebe zum Gärtnern in der Grundschule gefördert, sondern auch das wissenschaftliche Arbeiten.

Angesichts solch spannender Projekte ist es kein Wunder, dass die Teilnehmer/-innen unbedingt mehr wissen wollten. Auf der Messe war stetig ein buntes Treiben (Abbildung 1): Lehrkräfte, die stolz ihre Projekte vorstellten und Anerkennung durch Kolleg/-innen erhielten, Lehrkräfte, denen anzusehen war, wie sie schon darüber nachdachten, die vorgestellten Konzepte weiterzuentwickeln. In der Evaluation des Festivals 2019 gaben 90 Prozent der Teilnehmenden an, dass sie die gese-

henen Projekte in ihrem Unterricht tatsächlich umsetzen. Somit verbessert unsere Veranstaltung nachhaltig den MINT-Unterricht in über 30 Ländern.

Auch für die deutsche Delegation war das Festival ein großartiges Erlebnis. Sie hatte sich bereits im Oktober 2021 beim Nationalen *Science on Stage*-Festival für die Teilnahme in Prag qualifiziert. Solveg Schlinke, Lehrerin an der Annedore-Leber-Grundschule in Berlin, lobte die Vielfalt der Projekte: „Mozart hat einmal während eines Aufenthalts in Prag gesagt, er nähme täglich denselben Weg zum Konzerthaus und entdeckte jeden Tag etwas Neues in dieser wunderbaren Stadt. Ähnlich erging es uns auf den täglichen Wegen zu unserem Stand durch nur 2 der 3 Messerräume.“

Franziska Langer und Michael Sach vom Burggymnasium Friedberg (Abbildung 2) verbinden in ihrem Projekt den Biologie- mit dem Physikunterricht – und zwar mit dem Jemenchamäleon. Im Fokus steht dabei der Beutefang des Tiers, genauer gesagt seine Zunge. Einerseits werden den Schüler/-innen unterschiedliche Betrachtungsebenen und Methoden der Verhaltensbiologie nähergebracht. Andererseits analysieren sie mithilfe eines Videos die Geschwindigkeit und Beschleunigung der Zunge und erfahren so mehr über kinematischen Grundprinzipien.

Und dann waren plötzlich vier Tage einfach vorbei. Es war ein intensives Erlebnis, bei dem die Leidenschaft für MINT-Themen und dem Lehrerberuf im Vordergrund stand. Wir von *Science on Stage* freuen uns sehr darüber, dass wir Lehrkräften aus so vielen Ländern diese Möglichkeit des Austauschs bieten können. Das nächste Europäische *Science on Stage*-Festival findet im Sommer 2024 in der finnischen Stadt Turku statt.

Laila Oudray,
Pressereferentin Science on Stage
Deutschland

SCIENCE ON STAGE IN DEUTSCHLAND

Sie möchten auch einmal an einem Science on Stage-Festival teilnehmen? Die nächste nationale Veranstaltung findet vom 29. Oktober bis 1. November 2023 an der Universität Bayreuth statt. Erfahren Sie mehr darüber unter <https://www.science-on-stage.de/festival-2023>

LEHRBUCH

Von Studierenden für Studierende

Das Lehrbuch „Tutorium Genetik“ möchte eine Einführung in diese Schlüsselwissenschaft des 21. Jahrhunderts bieten. Dabei setzt es auf ein Team aus Autoren, die ihr Studium selbst gerade erst beendet haben. Wir haben eine Professorin und einen Studenten gefragt, ob dieser Ansatz erfolgreich war.

Aus Sicht der Lehrenden

Genetik – gelegentlich als die Schlüsselwissenschaft des 21. Jahrhunderts bezeichnet – dominiert wie kaum eine andere Wissenschaft die Tagespresse. Dabei handelt es sich in der Regel in diesen Berichten um „Gentechnologie“, also um die Umsetzung der genetischen Erkenntnisse in die Anwendung. Zum Verständnis dieser Berichte und für eine kritische Beteiligung an den Diskussionen ist deshalb heute mehr denn je ein gutes Grundlagenwissen der Genetik unabdingbar, sowohl für Studierende der Biologie als auch für interessierte Laien. Denn, wie Max Planck formulierte: „Dem Anwenden muss das Erkennen vorausgehen“. Für Studierende der Biologie auf dem Weg zur Erkenntnis stellt sich somit immer wieder die Frage, wo kann ich – neben den Informationen aus Vorlesungen und Praktika – mein Wissen der Genetik vertiefen: ein Wissen, das inzwischen sehr komplex und fast unüberschaubar geworden ist.

Hier legt der Springer-Verlag nun ein Buch mit dem Titel „Tutorium der Genetik – eine (ausführliche) Einführung“ vor, das von sieben (ehemaligen) Studierenden geschrieben wurde, deren Erinnerung an ihre Vorlesungen noch ganz frisch ist und die ihre eigene Sicht in die Vermittlung des Stoffes einbringen. Das erklärt auch den Titel „Tutorium“ – ein Begriff für eine Veranstaltung, die von Studierenden für Studierende abgehalten wird. Dementsprechend ist der Ton eher locker und für manche vermutlich ansprechender als der wissenschaftlich-sachliche Text der meisten Lehrbücher. So etwa motivieren viele Kapitel zum Weiterlesen mit einem Beispiel aus

dem täglichen Leben. Das zweite Kapitel, das sich mit den chemischen Grundlagen befasst, wird etwa wie folgt eingeleitet: „Spielen Sie gern Lego? Dann ist dieses Kapitel genau richtig für Sie. Denn es beschäftigt sich mit den Bausteinen des Lebens.“

Dieses „Tutorium“ mit seinen fast 400 Seiten – im Vorwort von den Autoren liebevoll als „Büchlein“ bezeichnet – ist aus meiner Sicht eher ein Lehrbuch und dient nicht nur – wie man mit dem Begriff „Tutorium“ möglicherweise assoziieren könnte – der Auffrischung von Kenntnissen. Die Unterteilung in 14 Kapitel, beginnend mit den chemischen Grundlagen der Vererbung, folgt in etwa der Systematik in den meisten Lehrbüchern und Vorlesungen, die die Genetik hauptsächlich als Molekulargenetik verstehen. So nimmt auch das Kapitel „Klassische Genetik“ einen eher kleinen Raum ein, und Entwicklungsgenetik wird nicht als solche thematisiert, wobei einige Themen aus diesem Gebiet verstreut auftauchen, etwa in dem Kapitel „Epigenetik“. Das Thema „Evolution“ in einem Kapitel über Mutation und Reparatur einzufügen, kann man nachvollziehen, aber die Erwähnung des Begriffs bereits im Titel dieses Kapitels erweckt größere Erwartungen als letztlich erfüllt werden. Anders als die meisten Lehrbücher beinhaltet das vorliegende ein ausführliches Kapitel über „Molekularbiologische Methoden im Labor“, was für Studierende der Genetik, die ja in der Regel auch ein molekularbiologisches Praktikum machen, sicher eine hilfreiche Ergänzung ist. Allerdings ist es fraglich, ob Studierende in einem einführenden Praktikum jemals selbst Oligonukleotide synthetisieren werden.

Ausdrücklich lobend hervorheben möchte ich das letzte Kapitel, in dem es um ethische Aspekte der Gentechnik und Biotechnologie geht – ein aktuelles Thema, das nicht nur jetzt, sondern sicher auch in Zukunft immer wieder kontrovers geführte Diskussionen auslösen wird. Hilfreich ist in diesem Kapitel die Definition einiger ethischer Begriffe, die für eine solche Debatte unabdingbar ist. Allerdings geht es in diesem Kapitel nicht nur um ethische Aspekte der Gentechnik (Stichwort: „Grüne Gentechnik“), sondern z. B. auch um das Klonen von Tieren, was aber primär nichts mit Gentechnik zu tun hat, aber dennoch ein Thema der Bioethik ist. Doch diese Unschärfe möchte ich den Autoren nachsehen, zumal die Grenzen ja fließend sind. Das Kapitel greift ein Thema auf, das aus meiner Sicht unbedingt in die *Curricula* von Biologiestudiengängen gehört. Etwas bedauerlich fand ich jedoch, dass in diesem Kapitel die Begriffe „Genetik“ und „Gentechnik“ häufig synonym verwendet werden (obwohl die Autoren eine korrekte Definition der Gentechnik formulieren). „Genetik“ ist die Wissenschaft von der Vererbung, die die Gesetzmäßigkeiten der Weitergabe von Merkmalen von einer Generation zur nächsten und die molekularen Grundlagen und Mechanismen, die die Weitergabe und Ausprägung der Merkmale kontrollieren, untersucht. Gentechnik baut auf den Erkenntnissen der Genetik auf und kann – wie jede andere Technologie – Nutzen und Risiken in sich bergen, die öffentlich diskutiert werden sollten. Somit ist „Genetik“ *a priori* weder gut noch schlecht, sondern trägt – wie andere Wissenschaften auch – zur Erkenntnis bei.

Wer ein unterhaltsam geschriebenes Lehrbuch wünscht, hat an diesem „Tutorium“, das sicher mehr als nur die Grundlagen der Genetik beinhaltet, sicher seine Freude. Einige Ungenauigkeiten/Fehler im Text haben sich eingeschlichen, was aber den Verdienst der jungen Autoren zu einem „alternativem Lehrbuch“ nicht

schmälern soll. Der Text ist meist gut lesbar, wird allerdings an einigen Stellen durch Details, die für ein grundlegendes Studium der Genetik nicht unbedingt nötig sind, etwas unübersichtlich. Das ausführliche Inhaltsverzeichnis, die eingefügten Boxen mit Merksätzen oder Anregungen zur Diskussion, die Zusammenfassungen am Ende der einzelnen Kapitel sowie das sehr ausführliche Glossar machen dieses Buch zu einem guten Begleiter eines Genetikstudiums.

*Elisabeth Knust,
MPI für Molekulare Zellbiologie
und Genetik, Dresden*

Aus Sicht der Studierenden

Das Buch „Tutorium Genetik – eine (ausführliche) Einführung“ hebt sich durch eine vergleichsweise junge Autorenschaft gegenüber anderen Lehrbüchern ab. Dies zeigt sich einerseits an dem Duktus des vorliegenden Lehrbuchs und andererseits an dem Witz, welcher in dieses Buch eingeflossen ist. Beides zusammen lässt die Texte wirken, als könne

man mit den Autoren direkt sprechen. Dieses Buch bietet eine sehr interessante und lesenswerte Möglichkeit zum Einstieg in die Thematik der Vererbungslehre. Besonders hervorzuheben ist hierbei, dass die erforderlichen Grundlagen zum Verständnis komplexer molekularer Prozesse hier sehr verständlich dargelegt und mit gut gewählten Analogien erklärt werden. Weiterhin zeichnet sich das Buch durch eine Vielzahl von Querverweisen zu anderen Kapiteln aus, was gerade beim Nachschlagen einzelner Themen von großem Vorteil ist. Besagte Querverweise sind auch in der digitalen Version dieses Buchs direkt verlinkt und farblich hervorgehoben, was das unkomplizierte „Springen“ zwischen den einzelnen Kapiteln zusätzlich vereinfacht und vor allem beschleunigt.

Dieses Werk behandelt alle relevanten und aktuellen Themen einer Einführungsvorlesung in die Genetik, visualisiert diese mit verständlichen und optisch ansprechenden Abbildungen und zeichnet sich durch sehr interessante Exkurse aus. Gerade auch für interessierte, leistungsstarke Schülerinnen und Schüler in der



Tutorium Genetik.
Eine (ausführliche) Einführung, Jann Buttler et al., Springer Spektrum, Berlin, 2021, 404 S., 44,99 €, ISBN 978-3-662-56066-2.

gymnasialen Oberstufe ist dieses Werk eine sehr gute Möglichkeit, sich genauer mit den Grundlagen sowie Inhalten der Genetik in einer altersgerechten Sprache befassen zu können.

*Florian Frietsch,
Albert-Ludwigs-Universität Freiburg*

ORNITHOLOGIE

Rotmilan – gehen oder bleiben?

Die Frage stellt sich nicht nur in Studium und Beruf, etwa bei Studenten und Naturwissenschaftlern mit Abschluss, sondern auch in vielen anderen Lebensbereichen immer wieder. Für Rotmilane (Abbildung 1) scheint diese Frage nicht nur von Alter und Geschlecht abhängig zu sein. Das haben Ornithologen aus Österreich, der Tschechischen Republik und der Slowakei durch Telemetrie herausgefunden.



ABB. 1 Der Rotmilan (*Milvus milvus*), eine Greifvogelart aus der Familie der Habichtartigen. Foto: Thomas Kraft.

Das Forschungsteam hatte bei brütenden Rotmilanen einzelne Individuen mit GPS-Sendern ausgestattet und die Daten hinsichtlich Geburtsorts- und Brutplatztreue hin analysiert. Das Ergebnis: Die Vögel wanderten von den Geburtsorten zum Überwintern nach Südeuropa und verwendeten dabei ein breites Band von der iberischen und italienischen Halbinsel bis zum Balkan (ein Teil der Population über-

winterte nahe dem Geburtsort). Die Länge der jährlichen Zugrouten dieser europäischen Greifvögel nahm in aufeinanderfolgenden Jahren deutlich ab. Weibchen zog es dabei offensichtlich weiter weg vom Geburtsort als die Männchen, wobei die Vögel erstmals mit zwei Jahren – also im dritten Kalenderjahr – brüten und eine Familie gründen. Geburtsortstreue war bei den Männchen signifikant stärker

ausgeprägt als bei den Weibchen. „Die Brutplatztreue war bei vorheriger erfolgreicher Brut signifikant stärker ausgeprägt als bei vorheriger erfolgloser Brut“, berichten die Autoren im *Journal of Ornithology* (2022) 163: 469–479. Fazit: Dort wo die Lebensbedingungen am besten sind, dort lassen sie sich nieder, um eine Familie zu gründen – eine Herausforderung für die Landschaftsplanung, aber auch eine Bestätigung für den Rotmilan als Symbolvogel der historisch gewachsenen Kulturlandschaft, die nachgewiesenermaßen auch dem Menschen den nachhaltigsten Erholungswert bietet.

[1] I. Literák et al. (2022). Dispersal and philopatry in Central European Red Kites (*Milvus milvus*). *J. Ornithol.* 163, 469–479.

Wilhelm Irsch, Reblingen-Siersburg

WISSENSCHAFTSJAHR 2022

Wenn Wissen(schaft) Wissen schafft

Dieses Jahr steht beim Wissenschaftsjahr erstmalig kein einzelnes Thema im Fokus. Stattdessen bilden die Fragen der Bürgerinnen und Bürger den Mittelpunkt des Geschehens. Ihre Frage zählt im „Wissenschaftsjahr 2022 – Nachgefragt“.

Das „Wissenschaftsjahr 2022 – Nachgefragt!“ steht ganz im Zeichen der Partizipation. In einer interaktiven Mitmach- und Erlebnisausstellung



ABB. 1 Auf der MS Wissenschaft bleibt keine Frage offen.
Alle Fotos C. Högermann.



ABB. 2 Blick in die Ausstellung.



ABB. 3 Schaukasten zum Nutzungspotenzial von Bodenbakterien.

für jedermann auf dem zu einer virtuellen Forschungsstation umgebauten Schiff „MS Wissenschaft“ (Abbildungen 1 und 2) geht es darum, durch Schauen, Mitmachen und selbst Ausprobieren grundlegende wissenschaftliche und innovative, mit besonderem Zukunftspotenzial ausgestattete Methoden aus Naturwissenschaft und Technik zu „begreifen“. In den Forschungsstationen zu Sonnenkraftwerken, Klima(modellen), Agrarwandel, Arzneipflanzenforschung, Künstlicher Intelligenz, dem Umgang mit Forschungsdaten, dem Forschungsprojekt „Eisscholle“, der Bedeutung Neuer Technologien, dem Nutzungspotenzial von Bodenbakterien (Abbildung 3) sowie Sprach- und Sozialwissenschaften und Drohnentechnik werden die Besucher durch den Schiffsbauch geführt. Als Abschluss lädt die Station *Citizen Science* (Abbildung 4) zum Mitmachen ein.

Wie ein roter Faden zieht sich die realistische Darstellung von Möglichkeiten und Grenzen des lebendig aufgearbeiteten Methodenrepertoires durch die Ausstellung. Im Gegensatz zu den vergangenen Wissenschaftsjahren wird 2022



ABB. 5 Neonlichteffekte richten die Aufmerksamkeit auf die „Frag-Nach“-Bereiche.

der Fokus nicht auf spezielle Forschungsbereiche gelegt, sondern hier sind die verschiedensten für den wissenschaftlichen Laien und Autodidakten erfahrungsgemäß besonders spannenden Themen vereint. Dass das alles auf dem aktuellen Erkenntnisstand und hervorragend didaktisch-methodisch präsentiert ist, versteht sich von selbst. Dazu tragen nicht nur die durch Neonlichteffekte aufwendig gestalteten „Frag-Nach“-Bereiche bei (Abbildung 5). Die zuweilen an Edutainment erinnernden Simulationmöglichkeiten bis hin zu spielerischen Elementen mit Lehr- und Lerneffekt sprechen für das (erreichte) Ziel, eine möglichst große Adressatengruppe zu erreichen.

Weitere Informationen unter <https://ms-wissenschaft.de/de/ausstellung/tour-2022/>

*Christiane Högermann,
Osnabrück*



ABB. 4 Eine Station widmet sich den Bürgerwissenschaften.

AUSSTELLUNG

„Gruselige Realität“ im Zeitraffer

Vergangenheit, Gegenwart und Zukunft von Seuchen in der Medizingeschichte zeigt die Sonderausstellung „Seuchen – Fluch der Vergangenheit, Bedrohung der Zukunft“, die bis zum 17. Juli 2022 im Roemer- und Pelizaeus-Museum in Hildesheim zu sehen war und im nächsten Jahr in die Schweiz reisen wird.

Die weltweit brisante Corona-Lage lässt in der Ausstellung mit ca. 850 Exponaten die „medizinische Evolution“ als Retrospektive in einem ganz besonderen Licht miterleben. Sie ermöglicht spannende Einblicke in die Entstehung, Verbreitung und die fatalen epidemiologischen Folgen im Wettlauf mit medizinischen Bekämpfungsmöglichkeiten. Die Auseinandersetzung mit den Exponaten erfordert in einigen Fällen schon ein wenig Mut, denn es gibt nicht nur aufschlussreiche Textinformationen und Lehrfilme, sondern u. a. auch reale Krankheitsbilder, anatomische Wachs-Lehrmodelle sowie chirurgische Instrumente, deren Einsatz in ihrer Zeit man sich besser nicht vorstellt ... Alle großen Mediziner, die mit Infektionskrankheiten befasst waren, sind vertreten, darunter Hippocrates, Emil Behring (Abbildung 1), Paul Ehrlich, Alexander Fleming und Robert Koch (Abbildung 2). Man begegnet ihnen sowie allen übrigen Themenbereichen in einzelnen „Kabinetten“. In einem nachgebauten anatomischen

Theater können Besucher virtuell den menschlichen Körper wie bei einer Sektion erkunden (Abbildung 3). Das gesamte Ausstellungskonzept spiegelt die jeweilige Zeit wider: Pest, Cholera, Syphilis, die Spanische Grippe sowie auch die heute allgegenwärtigen Infektionskrankheiten Influenza, AIDS, SARS, Schweinegrippe, Tuberkulose, Malaria und Covid 19. Damit ist das Spektrum der Ausstellung schon klar definiert. Auch kritische Aspekte werden angesprochen, so etwa, wenn es um das Resistenzproblem in der Medizin geht, das die Entwicklung neuer Arzneistoffe erheblich erschwert, ähnlich einem „evolutiven Wettlauf“. Als Fazit präsentiert die Ausstellung eine Zukunftsperspektive, die gerade in der Corona-Krise viele Herausforderungen aufzeigt. Einen Vorgeschmack auf die Inhalte gibt es unter <https://www.youtube.com/watch?v=AEoLjQLEEy0>.

Christiane Högermann,
Osnabrück



ABB. 1 Labor von Emil Behring.
Alle Fotos: Christiane Högermann.



ABB. 2 Arbeitsplatz von Robert Koch.



ABB. 3 Modell eines „Anatomischen Theaters“ von Padua.

METHODE

Der LAL-Test: Wie lebende Fossilien die Qualität unserer Arzneimittel sicherstellen

Der Pfeilschwanzkrebs Limulus polyphemus spielt in der Qualitätskontrolle von Arzneimitteln eine wichtige Rolle. Ein Lysat aus seinem Blut hilft beim Nachweis bakterieller Endotoxine.

In der pharmazeutischen Industrie gelten strenge Regeln zur Qualitätssicherung – und das zu Recht, denn immerhin hängt von der Qualität

eines Arzneimittels auch unmittelbar die Sicherheit und Gesundheit eines Patienten ab. Daher werden die meisten Arzneimittel und Impfstoffe

neben vielen anderen Prüfungen auch auf die Anwesenheit von bakteriellen Endotoxinen getestet. Endotoxine sind Lipopolysaccharide (LPS), die in der Zellmembran von Gram-negativen Bakterien vorkommen und beim Menschen Fieber, Sepsis und Multiorganversagen auslösen können [1]. Sie stellen somit ein enormes Risiko für bereits erkrankte – und in großen Mengen auch für gesunde – Menschen dar. Ein großes Problem ist dabei, dass Endotoxine nach herkömmlichen Desinfektions- und

Sterilisationsmethoden auch lange nach dem Tod der Ursprungszelle noch stabil sind.

Die Prüfung einer Lösung auf die Anwesenheit von bakteriellen Endotoxinen verläuft in den meisten Fällen nach einem besonderen Prinzip, welches essenziell von einem lebenden Fossil, dem Pfeilschwanzkreb *Limulus polyphemus*, abhängt. Für die Prüfung wird ein Lysat aus dem Blut des Krebses verwendet, welches in Anwesenheit von Endotoxinen zu einer gelartigen Gerinnung der Lösung führt. Daher lautete der Name dieser ursprünglichen Methode zur Prüfung auf bakterielle Endotoxine „Gel-Clot“ (engl. *clotting* = gerinnen). Die Auswertung erfolgt zunächst optisch und nach einfachem Schema (Abbildung 1): a) Gelbildung, der Test ist positiv; b) keine Gelbildung, der Test ist negativ. Dabei werden in der Regel bei jedem Assay Positivkontrollen mit Endotoxin von *Escherichia coli* angesetzt.

Natürlich stehen seit der Entwicklung der ersten „Gel-Clot“-Methoden in den 1970er Jahren inzwischen auch weiterentwickelte, automatisierte Detektionsverfahren zum Beispiel mittels turbidimetrischen oder chromogenen Messungen zur Verfügung [1]. Da diese Methoden trotzdem weiterhin auf der vom LAL (*Limulus Amoebocyte Lysate*) katalysierten Reaktion basieren, fasst man diese unter dem Be-

griff „LAL-Tests“ zusammen. Abhängig von der zu prüfenden Lösung müssen die verwendeten Puffer, die passenden Verdünnungen sowie das entsprechende Lösungsmittel bei Feststoffprüfungen individuell getestet und ausgewählt werden. Dafür wird in der Regel für jede Prüflösung eine umfassende Methodvalidierung durchgeführt. Für jede Prüfmethode wird zudem ein individuelles Endotoxin-Limit berechnet, welches auch von der Art und der Anwendung des jeweiligen Medikaments abhängt.

Dabei steckt hinter der Gelbildung und der Gerinnung des LAL durch Endotoxine keine simple Reaktion, sondern eine Protease-Kaskade, welche von zwei Proteinen (Faktor C und Faktor B) sowie dem katalytischen „Clotting“-Enzym und dem als „Gel-bildendes“ Protein bekannten Coagulogen abhängt (Abbildung 1c). Endotoxine binden und aktivieren den sogenannten Faktor C, welcher in aktivierter Form wiederum Faktor B aktiviert. Faktor B aktiviert das „Clotting“-Enzym, welches anschließend in der Lage ist Coagulogen zu schneiden. Aus der Reaktion entsteht Coagulin, welches die Gelierung der Lösung hervorruft [1]. Im Lysat des Krebses ist also alles enthalten um eine flüssige, endotoxinhaltige Lösung in gelartigen „Wackelpudding“ zu verwandeln.

Obwohl die Prüfung auf bakterielle Endotoxine sicherlich jedes Jahr viele Patientenleben rettet, und die Industrie viel Aufwand betreibt, um die Populationen der Pfeilschwanzkrebse zu schützen, wird dringend eine nachhaltige Alternative zu aktuellen LAL-Tests benötigt. Zum Glück für die eleganten Urzeitkrebse ermöglichte die moderne Biotechnologie die Entwicklung eines Assays, der einen rekombinanten Faktor C (rFC) verwendet und ohne „originales“ LAL auskommt. Dieses System nutzt die Bindung von Endotoxinen an den rFC, welcher mit einem Fluorophor gekoppelt ist, um bei der Anwesenheit von Endotoxinen ein Fluoreszenzsignal zu detektieren. Neben Artenschutzvorteilen bietet der Assay sicherere Lieferketten und langfristig vermutlich eine Kostenreduktion bei den Verbrauchsmitteln der Routine-Tests. Zudem bringt das rekombinante System einige Änderungen in der Methodik mit sich. Der Assay ist daher möglicherweise robuster gegenüber bestimmten Störfaktoren, da auf die Protein-Kaskade im LAL weitestgehend verzichtet werden kann [2]. Die Chance auf falsch-positive oder falsch-negative Ergebnisse wird so minimiert. Zudem haben rFC-basierte Assays ein niedrigeres Detektionslimit und bieten daher mehr Sicherheit für die Produktqualität.

Bis diese neuen Verfahren in Zukunft jedoch allgemein etabliert sind, werden die lebenden Fossilien weiterhin die Qualität unserer Arzneimittel sicherstellen, um Patienten zu schützen.

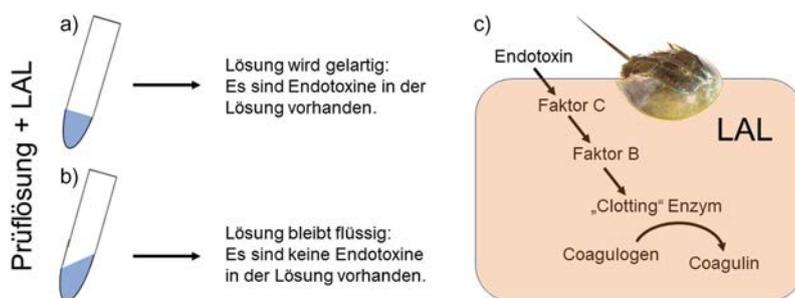


ABB. 1 Schema eines LAL-Tests. Eine Prüflösung wird nach entsprechender Methodvalidierung verdünnt und mit LAL (*Limulus Amoebocyte Lysate*) versetzt. a) Kommt es zu einer Gelbildung, ist der Test positiv und es sind Endotoxine in der Prüflösung vorhanden. b) Bleibt die Lösung flüssig, ist der Test negativ. Es sind nicht ausreichend Endotoxine in der Lösung, um eine Gelbildung auszulösen. c) Ablauf der durch Endotoxine ausgelösten Protease-Kaskade im LAL.

- [1] W. Su, X. Ding (2015). Methods of Endotoxin Detection. *J Lab Autom.* 20, 354–64, <https://doi.org/10.1177/2211068215572136>
- [2] M. Pehler et al. (2020). Comparison of LAL and rFC Assays-Participation in a Proficiency Test Program between 2014 and 2019. *Microorganisms* 8, 418, <https://doi.org/10.3390/microorganisms8030418>

Harmen Hauer,
Panpharma GmbH (Trittau)



ABB. 1 Der Luangwa zwischen Süd-Luangwa-Nationalpark und Luambe-Nationalpark. Alle Fotos: Michael Riffel.

Natur- und Artenschutz in Sambia

Luangwa – das Tal des Leoparden

TOM RIFFEL | MICHAEL RIFFEL

Die Existenz von wilden, größtenteils vom Menschen unbeeinflussten Ökosystemen wird heutzutage in Afrika, ähnlich wie in Europa, zu einer immer größeren Seltenheit. Sambia ist eines der verbliebenen Länder mit großen Wildnisgebieten und einer beeindruckenden Artenvielfalt.

Im Osten des zentralafrikanischen Binnenlandes Sambia erstreckt sich das Tal des Luangwa (Abbildung 1) als eines der letzten großen Wildnisgebiete Afrikas über eine Fläche von rund 40.000 km². Das südwestlich ausgerichtete Luangwatal wird auf beiden Seiten ähnlich wie der Rheingraben durch Grabenränder begrenzt, die zum sambischen und malawischen Hochplateau überleiten. Die Muchinga-Berge im Westen sind bis zu 2164 m hoch, während die Mafinga-Berge und das angrenzende Nyika-Plateau im Osten des Grabens bis auf 2600 m ansteigen. Der Luangwa entspringt in den Mafinga-Bergen im Nordosten Sambias unweit der Grenzen zu Tansania und Malawi auf einer Höhe von 1500 m. Nach 150 km erreicht er eine Höhe von knapp 700 m über dem Meeresspiegel

und mäandriert bei geringem Gefälle als einer der größten vom Menschen weitgehend unbeeinflussten afrikanischen Flüsse in großer Dynamik auf einer Strecke von weiteren rund 650 Kilometern bis zu seiner Mündung in den Sambesi bei der Stadt Luangwa.

Geologisch bildet das Luangwatal die südwestliche Abzweigung des ostafrikanischen Grabenbruchs [1]. Das Klima des Luangwatales ist charakterisiert durch dramatische jahreszeitliche Wechsel zwischen massiven Niederschlägen von November bis April und einer weitgehend niederschlagslosen Trockenzeit von Mai bis Oktober (Abbildung 2). Die heißesten Monate sind Oktober und November. Die jährliche Niederschlagsmenge liegt bei knapp 900 mm [2] und ist damit niedriger als die Niederschlagsmenge von Heidelberg.

Lebensraum Luangwatal

Die klimatischen, topographischen und pedologischen (Pedologie = Bodenkunde) Eigenschaften des Luangwatales unterscheiden sich stark von den Grabenhängen und den umgebenden Hochebenen. Nährstoffreiche Lehm- und Sandböden bilden den dominanten Bodentyp im Tal. Sie führen zu einer Vegetation bestehend aus einem abwechslungsreichen Mosaik verschiedener Waldtypen mit

offenen Grassavannen und Feuchtgebieten [3]. Der Luangwa wird auf weiten Strecken durch immergrünen Auwald begleitet, der je nach Bodenbeschaffenheit in Mopane-, Akazien- und dann Savannenwald übergeht. Der Auwald setzt sich aus Leberwurstbäumen (*Kigelia pinnata*), Ebenholz (*Diospyros mespiliformis*, Abbildung 3), Natal-Mahagoni (*Trichilia emetica*) und verschiedenen Feigenarten zusammen. Mopanewald bildet den häufigsten und am weitesten verbreiteten Lebensraumtypus im Luangwatal. Die dominante Baumart ist die laubwerfende Mopane (*Colophospermum mopane*), deren Verbreitung auf den trockenen und heißen Talboden beschränkt ist und im Norden des Luangwatales seine nördliche Verbreitungsgrenze erreicht [4] (Abbildung 4).

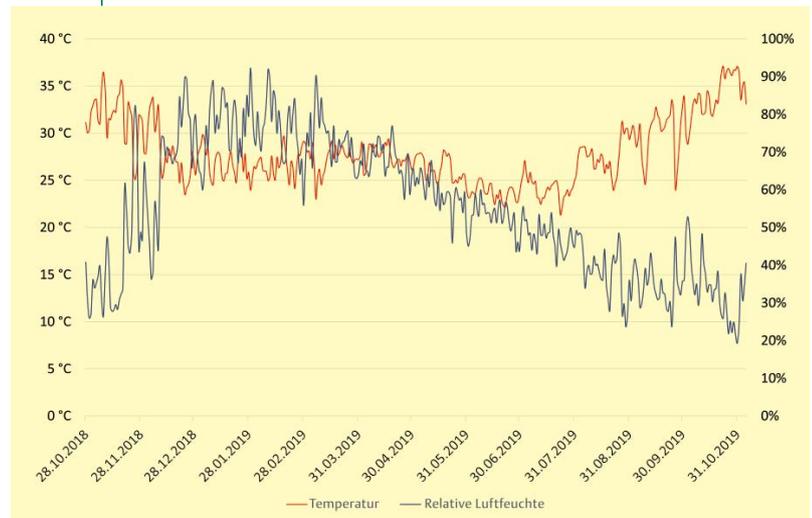
Auf sandigen Böden finden sich Bestände mit der dominanten Akazie *Acacia kirkii*, die zu den Grassavannen überleiten. Diese formen einen speziellen Lebensraum auf sogenanntem „Black Cotton Soil“. Der tonreiche Lehmboden hat eine enorm große Wasseraufnahmekapazität und gilt als sehr fruchtbar. Nass dehnt er sich stark aus und wird äußerst klebrig. Trocken ist er hart und durch Trockenrisse charakterisiert. Die Grassavannen werden während jeder Regenzeit überflutet, um sich dann im Verlauf der Trockenzeit in eine baumbestandene Savanne zu verwandeln. Dominante Baumarten der Luangwa-Grassavannen sind Anabaum (*Faidherbia albida*) und Leberwurstbaum (*Kigelia pinnata*, Abbildung 5). Auf trockeneren und durchlässigeren, sandigen Böden wächst das undurchdringliche *Compretum-Terminalia*-Dickicht mit den Leitarten *Compretum obovatum* und *Terminalia sericea* aus der Familie der Flügelsamengewächse (Compreteaceae).

An den Hängen des Luangwatales geht die Vegetation in ausgedehnten Miombowald über (Abbildung 6). Dieser ist mit rund 2,7 Millionen Quadratmetern der flächenmäßig größte tropische Trockenwald der Erde [5] und bedeckt zehn Prozent der afrikanischen Landoberfläche. Er schließt das Luangwatal auf beiden Seiten ein. Leitgattungen sind *Brachystegia*, *Isoberlinia* und *Julbernardia* aus der Familie der Hülsenfruchtgewächse (Fabaceae) [6]. Die Leitgattung *Brachystegia* hat mit 17 Arten in Sambia ein Endemiezentrum [7]. Der Miombowald wächst auf nährstoffarmen Böden bei einer jährlichen Niederschlagsmenge von mehr als 700 mm. Charakteristisch ist eine hohe Artenzahl bei Bäumen mit Fiederblättern, die vor Einsetzen der Regenzeit neue Blätter bilden [5].

Fauna, Endemismus und Biogeographie

Als einer der letzten vom Menschen wenig beeinflussten afrikanischen Lebensräume beherbergt das Luangwatal eine artenreiche Pflanzenfressergemeinschaft. Hervorzuheben sind Sambias größter Elefantenbestand mit rund 14.000 Tieren [8] sowie die weltweit größte Flusspferdpopulation mit rund 35 Tieren pro Flusskilometer [9] (Abbildung 7). Weitere häufige Pflanzenfresserarten sind Puku (*Kobus vardonii*), Impala (*Aepyceros melampus*),

ABB. 2 | KLIMA IM LUANGWATAL



Maximale Lufttemperatur (2 m) und relative Luftfeuchte im Luambe-Camp, Luambe-Nationalpark, vom 28.10.18 bis zum 31.10.19.



ABB. 3 Während der Regenzeit überschwemmter Ebenholzbestand im Auwald des Süd-Luangwa-Nationalparks. Aufgenommen im Februar 2021.

IN KÜRZE

Das Luangwatal bildet die südwestliche Abzweigung des ostafrikanischen Grabenbruchs und formt mit rund 40.000 km² eines der letzten großen Wildnisgebiete Afrikas.

Nährstoffreiche Lehm- und Sandböden führen zu einer Vegetation aus einem abwechslungsreichen Mosaik verschiedener Waldtypen mit offenen Grassavannen und Feuchtgebieten.

Das Luangwatal bildet einen Trockenkorridor inmitten eines riesigen Miombowaldblockes.

Biogeographisch stellt das Luangwatal die Brücke zwischen den Steppen Ost- und des südlichen Südafrikas dar.

Rhodesiengiraffe, Cookson-Gnu und Crawshay-Zebra sind Relikttaxa, die auf das Luangwatal beschränkt sind.

Das Ausbleiben von Tourismus durch die Pandemie hatte Auswirkungen auf Strafverfolgung und Ermittlungen von illegalen Aktivitäten, führte zum Aussetzen von Trainings-, Umweltbildungs- und Artenschutzprogrammen sowie zu Einbrüchen bei der jährlichen Instandsetzung der Infrastruktur.

Ein langfristiges Überleben von Afrikas Großsäugern im Allgemeinen und dem einmaligen Luangwatal im Speziellen ist ohne Tourismus kaum gewährleistet.



ABB. 4 Hochstammopane-(Cathedral Mopane)-Wald im Luambe-Nationalpark.



ABB. 5 Grassavanne durchsetzt von Leberwurstbäumen (*Kiglia pinnata*) im Luambe-Nationalpark.

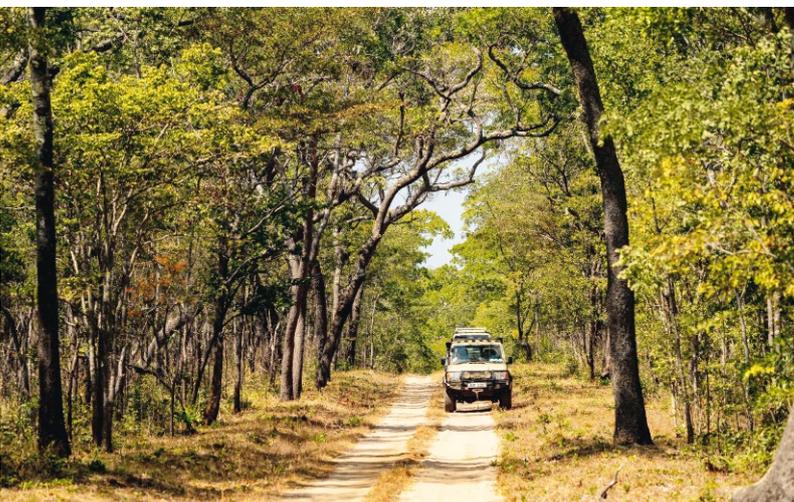


ABB. 6 Miombowald im Lukusuzi-Nationalpark im Juli 2021.

Sambesi-Kudu (*Strepsiceros zambesiensis*), Sambia-Buschbock (*Tragelaphus ornatus*), Ellipsen-Wasserbock (*Kobus ellipsiprymnus*), Crawshay-Zebra (*Equus quagga crawshayi*) und Kaffernbüffel (*Synceros caffer*). In geringerer Zahl kommen Kronenducker (*Sylvicapra grimmia*), Sharpe-Greisbock (*Raphicerus sharpei*), großer Riedbock (*Redunca arundium*), Oribi (*Ourebia ourebi*), Elenantilope (*Taurotragus oryx*), Pferdeantilope (*Hippotragus equinus*), Rappenantilope (*Hippotragus niger*) und Lichtenstein's Kuhantilope (*Alcelaphus lichtensteinii*) vor. Die drei letztgenannten Arten sind typische Miombowaldbewohner in den Hängen des Luangwatales [5], während die übrigen Arten vorwiegend in der Sohle des Luangwatales angetroffen werden.

Unter den Großraubtieren sind Tüpfelhyäne (*Crocuta crocuta*), Löwe (*Panthera leo*) und Leopard (*Panthera pardus*, Abbildung 8) weit verbreitet. Das Luangwatal wird touristisch gerne als „Tal des Leoparden“ vermarktet. Der Leopardbestand insbesondere im Auwald entlang des Luangwa ist dicht, und hier sind Leopardensichtungen für Touristen innerhalb weniger Tage fast garantiert. Im Luambe-Nationalpark wurde mit drei Quadratkilometern das bislang kleinste Revier eines Leoparden weltweit ermittelt [10]. Der stark vom Aussterben bedrohte afrikanische Wildhund (*Lycaon pictus*, Abbildung 9) besitzt seine größte sambische Population im Luangwatal. Sie ist von afrikaweiter Relevanz für das Überleben der Art [11].

Viele der Säugerarten, insbesondere unter den Beutegreifern, sind sogenannte eurytope Arten, die weitgehend unabhängig vom Lebensraum über weite Strecken von Ostafrika bis ins südliche Afrika vorkommen. Eine Reihe von Säugerarten zeigt jedoch ein auffallend disjunktes Verbreitungsmuster zwischen den Trockensavannen Ostafrikas und jenen des südlichen Afrikas. Sie sind getrennt durch einen riesigen Miombowaldblock, der sich von Angola über Sambia bis nach Mosambik fast vom Atlantik bis zum Indischen Ozean erstreckt und für viele Arten offener und trockener Lebensräume als harte Verbreitungsbarriere fungiert. In Bezug auf die Fauna wie Insekten, Vögel, Reptilien und Säuger ist der Miombowald vergleichsweise artenarm [7]. Das Luangwatal und das südlich angrenzende Sambesital bilden einen heute unterbrochenen Verbindungskorridor zwischen den Savannen Ostafrikas und jenen von Südafrika. Dieser Korridor ermöglichte während ausgeprägter erdgeschichtlicher Trockenperioden mehrfach den faunistischen Austausch zwischen den Trockengebieten des Nordostens und des Südwestens Afrikas [12]. Die heutige Klimaperiode ist in Südostafrika eher als feuchtwarme Periode einzuordnen, was mit großen Ausdehnungen der Miombowälder einhergeht. In pollenanalytischen Arbeiten zur Paläovegetation am Malawisee, die bis 600.000 Jahre rückdatieren, zeigen sich die dramatischen Wechsel zwischen Trocken- und Feuchtperioden in der Region. Teilweise sank der Wasserspiegel des über 700 m tiefen Malawisees mehrfach bis zu 550 m ab [13].

So bilden die Artareale von 27 Säugerarten eine auffällige Disjunktion zwischen den Trockengebieten des östlichen und des südlichen Afrikas [6]. Bekannte Beispiele sind Löffelhund (*Otocyon megalotis*), Schabrackenschakal (*Canis mesomelas*) oder Erdwolf (*Proteles cristata*) als Populationen einzelner Arten oder auch Dikdiks (*Madoqua spec.*) und Oryx-Antilopen (*Oryx spec.*) als unterschiedliche Arten innerhalb Gattungen. Während diese Arten heute nicht im Luangwatal vorkommen, erinnern andere durch lokal isolierte oder genetisch eigenständige Reliktpopulationen im Tal an jene erdgeschichtlichen Trockenphasen, die den faunistischen Austausch ermöglichen.

Die bekanntesten Beispiele unter den Großsäugern sind die Rhodesiengiraffe (*Giraffa tippelskirchi thornicrofti*, in neuerer englischer Literatur zunehmend als Luangwagiraffe bezeichnet, um den durch das koloniale Erbe belasteten Begriff „Rhodesien“ zu vermeiden, Abbildung 10) und das Cookson-Gnu (*Connochaetes taurinus cooksoni*, Abbildung 11). Beide Taxa sind in ihrer Verbreitung auf das Luangwatal beschränkt, wobei die Giraffe vorwiegend den südlichen Teil des Tales und das Gnu den nördlichen Teil besiedelt. Im Luambe-Nationalpark werden beide Arten mit großer Regelmäßigkeit angetroffen.

Die Ergebnisse genetischer Studien der letzten Jahre legen eine enge Verwandtschaft mit der Masai-Giraffe (*G. tippelskirchi*) nahe und erheben die Rhodesiengiraffe zur isolierten Unterart (*G. tippelskirchi thornicrofti*) der Masaigiraffe [14]. Die Rhodesiengiraffe ist bedroht. Der Bestand zählt nur wenige hundert Individuen. Das Cookson-Gnu (*Connochaetes taurinus cooksoni*) ist hellgrau-braun und größer als die anderen Unterarten des Streifen-gnus. Es liegen keine aktuellen Bestandszahlen vor. Die letzte Schätzung geht von wenigen tausend Tieren aus [15]. Der Bestandstrend ist nach Einschätzung lokaler Gewährsleute stark rückläufig. Das ursprüngliche Verbreitungsgebiet des Crawshay-Steppenzebras (*Equus quagga crawshayi*) erstreckte sich vom Luangwatal östlich über Teile von Malawi und das nördliche Mosambik, wobei heute 90 Prozent des Bestandes im Luangwatal Sambias leben [16]. Weitere Hinweise der tendenziellen taxonomischen Eigenständigkeit von Populationen im Luangwatal kommen bei verschiedenen anderen Säugerarten vor.



ABB. 7 Große Flusspferdansammlung am Zusammenfluss von Munyamadzi und Luangwa im Luambe-Nationalpark.



ABB. 8 Leopard im Süd-Luangwa-Nationalpark, Luangwa-Tal, einem der besten Wildnisgebiete in Afrika für Leopardensichtungen.



ABB. 9 Afrikanische Wildhunde bei der Jagd im Süd-Luangwa-Nationalpark.

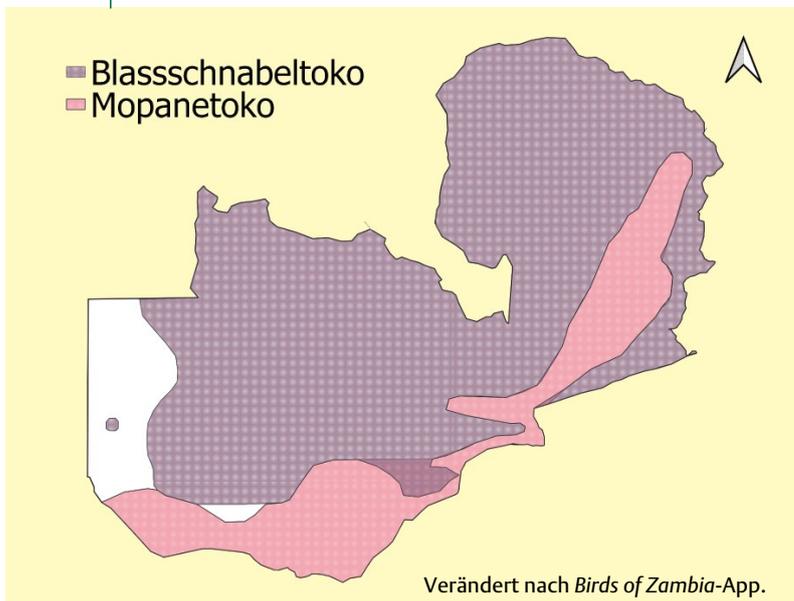


ABB. 10 Rhodisiengiraffen im Süd-Luangwa-Nationalpark.



ABB. 11 Cookson-Gnu im Luambe-Nationalpark.

ABB. 12 | VERBREITUNG VON BLASSSCHNABEL- UND MOPANETOKO



Eine Studie zur molekularen Biogeographie des in Afrika weitverbreiteten Buschbocks (*Tragelaphus scriptus*), der mittlerweile in eine Reihe von Arten wie u. a. den Sambia-Buschbock (*Tragelaphus ornatus*) aufgespalten wurde, ergab eine eindeutige Abgrenzung der Luangwa-Population von allen übrigen sambischen Beständen [17]. Die Ergebnisse genetischer Studien an Steppenpavianen (*Papio cynocephalus jubilaeus*) deuten ebenfalls auf die taxonomische Eigenständigkeit des Bestandes aus dem Luangwatal und eine klare Abgrenzung gegenüber den Pavianen aus den westlich und östlich angrenzenden Hochplateaus hin [18].

Eine morphometrische Studie an Spitzmaulnashörnern (*Diceros bicornis*) konnte auffallende morphologische Unterschiede der Luangwa-Population zeigen, die möglicherweise die Beschreibung einer hier endemischen Unterart rechtfertigen würden [19]. So weit kam es allerdings nicht, da das Spitzmaulnashorn in den 1990er Jahren im Luangwatal ausgerottet wurde. Die im Nord-Luangwa-Nationalpark wiederangesiedelten Spitzmaulnashörner stammen aus Südafrika und werden der südafrikanischen Unterart *Diceros bicornis minor* zugeordnet [20].

Das Luangwatal beherbergt eine außergewöhnliche Vielfalt an Vögeln.

So sind im Süd-Luangwa-Nationalpark über 460 Vogelarten nachgewiesen, womit dieser die längste Vogelartenliste der sambischen Nationalparks anführt [21]. Unter den Vögeln konnte eine morphologisch-genetische Differenzierung von Beständen einzelner Arten im Luangwatal bislang nicht nachgewiesen werden, was der größeren Mobilität dieser Tiergruppe geschuldet ist.

Dennoch sind Verbreitungsmuster einer Reihe von Vogelarten innerhalb Sambias auffällig. Das Luangwatal und das angrenzende Sambesital liegen, wie der Name bereits andeutet, topographisch tiefer als der Rest des Landes und sind durch geringere Niederschläge und damit einhergehender größerer Trockenheit charakterisiert. Dies resultiert in einer nordöstlich ausgerichteten, mehrere hundert Kilometer langen Trockenzunge des Luangwatal, welche die Miombo-Avizönose jenseits der Grabenschultern teilt [22]. In Folge dieser divergenten klimatischen Grundsätze und der damit verbundenen Vegetationszusammensetzung treten in einigen, auch nahe verwandten Arten, signifikante Verbreitungsunter-

schiede auf. So ist der Blassschnabeltoko (*Lophoceros pallidirostris*) als typischer Miombowaldbewohner in Sambia weit verbreitet, während der Mopane- oder Südliche Rotschnabeltoko (*Tockus erythrorhynchus*) auf die Niederungen des Luangwa- und Sambesitales beschränkt ist (Abbildung 12).

Rund 25 Vogelarten zeigen ein ähnliches zungenartiges Verbreitungsmuster ausgehend vom Sambesital entlang des Luangwatal nach Nordosten (Tabelle 1). Eine Reihe dieser trockenheitsliebenden Vogelarten zeigt analog der oben angeführten Säugerarten ein disjunktes Verbreitungsgebiet im Nordosten und Südwesten Afrikas. Teilweise kommen diese Arten heute im Luangwatal vor wie beispielsweise Bindenrennvogel (*Rhinoptilus cinctus*), Weißswangenlerche (*Eremopterix leucotis*), Mahaliweber (*Plocepasser mahali*, Abbildung 13) und Büffelweber (*Bubalornis niger*). Der das Luangwatal umgebende Miombowald hat eine abweichende Avifauna mit einer Reihe im Miombo endemischer Arten wie der Graubauch- (*Parus griseiventris*) und Rostbauchmeise (*Melaniparus rufiventris*), dem Rostmantelwürger (*Lanius souzae*), dem Bartheckensänger (*Cercotrichas barbata*) und dem bereits erwähnten Blassschnabeltoko (*Lophoceros pallidirostris*).

Die Reptilienfauna Sambias ist im Vergleich zur Vogelwelt weniger gut untersucht, wenngleich kürzlich ein Bestimmungsführer erschienen ist [23]. Analog zu den Vögeln zeigt auch hier eine Reihe von trockenliebenden Savannenarten das nordöstlich ausgerichtete, zungenartige Verbreitungsmuster entlang des Luangwa, unter welchen die Pantherschildkröte (*Sigmochelys pardalis*) die bekannteste Art ist.

Naturschutz und Ökotourismus

Knapp die Hälfte des Luangwatales steht heute mit vier Nationalparks mit einer Gesamtfläche von 16.480 km² unter strengem Naturschutz (Abbildung 14). Die Schutzgebiete wurden während der britischen Protektoratszeit ursprünglich als Wildreservate eingerichtet und 1972 in Nationalparks umgewandelt [24]. Drei dieser Nationalparks – Süd-Luangwa (9.050 km²), Nord-Luangwa (4.636 km²) und Luambe (254 km²) – grenzen direkt an den Luangwa und decken einen Großteil der Lebensräume des Luangwatales ab, während der Lukusuzi-Nationalpark (2.540 km²) an der östlichen Grabenschulter ausschließlich Miombowald schützt. Diese vier Nationalparks sind umgeben von einer Reihe von Jagdschutzgebieten, in denen menschliche Besiedlung, Landwirtschaft, kommerzielle Großwildjagd und lokale Jagd erlaubt sind [25]. Neben den Viktoriawasserfällen ist das Luangwatal die touristische Hauptattraktion Sambias. Obwohl der Safaritourismus in Sambia eine lange Tradition hat und hier die sogenannten *Walking Safaris* erfunden wurden, sind die Touristenzahlen im Gegensatz zu den klassischen Safariländern in der Nachbarschaft wie Zimbabwe, Botswana, Südafrika, Namibia und Tansania vergleichsweise gering.



ABB. 13 Mahaliweber (*Plocepasser mahali*) – einer der häufigsten Sperlingsvögel im Luangwatal.

TAB 1. VOGELARTEN, DIE IM OSTEN SAMBIAS AUF DAS LUANGWATAL BESCHRÄNKT SIND

Deutscher Name	Wissenschaftlicher Name
Natalfrankolin	<i>Pternistis natalensis</i>
Swainsonfrankolin	<i>Pternistis swainsonii</i>
Weißscheitelkiebitz	<i>Vanellus albiceps</i>
Weißstirnregenpfeifer	<i>Charadrius marginatus</i>
Bindenrennvogel	<i>Rhinoptilus cinctus</i>
Nachtflughuhn	<i>Pterocles bicinctus</i>
Perlkauz	<i>Glaucidium perlatum</i>
Baobabsegler	<i>Telacanthura ussheri</i>
Horussegler	<i>Apus horus</i>
Mopanetoko	<i>Tockus rufirostris</i>
Erdbeerköpfchen	<i>Agapornis lilianae</i>
Sambesi-Rußmeise	<i>Parus niger</i>
Braunkopf-Tropfenvogel	<i>Nicator gularis</i>
Rostband-Eremomela	<i>Eremomela usticollis</i>
Mevesglanzstar	<i>Lamprolornis mevesii</i>
Gelbschnabelmadenhacker	<i>Buphagus africanus</i>
Rotschnabelmadenhacker	<i>Buphagus erythrorhynchus</i>
Streifenkopf-Heckensänger	<i>Cercotrichas quadrivirgata</i>
Morgenrötel	<i>Cichladusa arquata</i>
Damarasperling	<i>Passer diffusus</i>
Rotschnabelbüffelweber	<i>Bubalornis niger</i>
Mahaliweber	<i>Plocepasser mahali</i>
Kardinalweber	<i>Quelea cardinalis</i>
Bandamadine	<i>Amadina fasciata</i>
Sambesiwitwe	<i>Vidua codringtoni</i>

Konsequenzen der Pandemie und Relevanz des Tourismus für Naturschutz

COVID-19 führte 2020 durch die Reisebeschränkungen, Lockdowns und die Schließung von Schutzgebieten zum abrupten Stillstand des globalen Ökotourismus. Dies kann als Großstudie zu den Auswirkungen von Tourismus auf den Naturschutz in Afrika betrachtet werden. Wenn kein

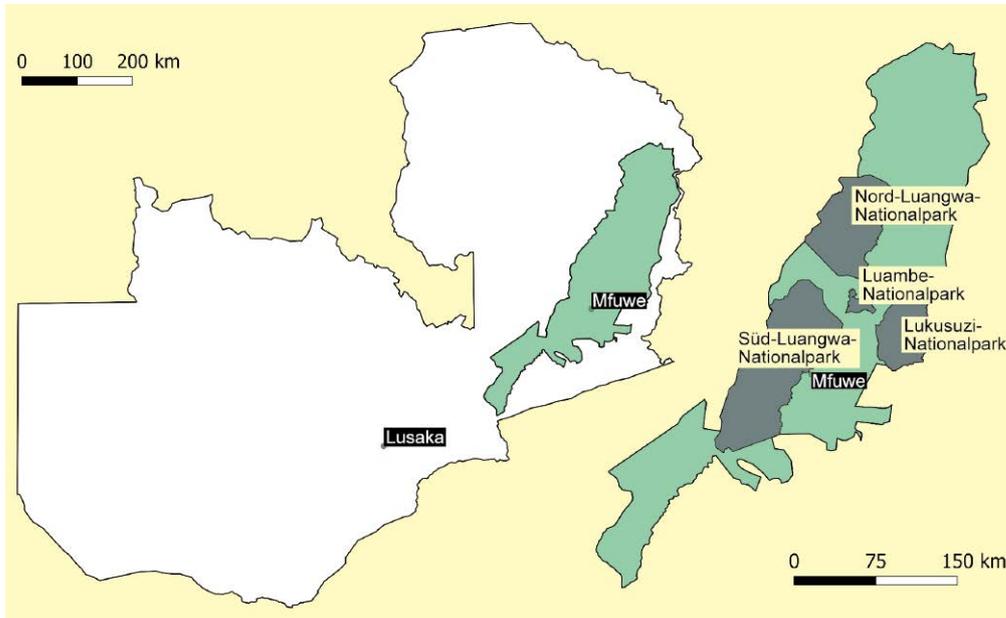


ABB. 14 Die Lage des Luangwatales innerhalb Sambias und der vier Nationalparks im Luangwatal.

Tourismus mehr stattfindet, verschwinden umgehend auch dessen positive Aspekte für Naturschutz und lokale Entwicklung [26]. Die Einnahmen aus dem Ökotourismus – entweder direkt durch Eintrittsgelder oder indirekt durch Konzessionsgebühren der Safaribetreiber – bilden in vielen Ländern die Hauptfinanzierung des staatlichen Naturschutzes. Zusätzlich leistet eine Reihe von Safari- Anbietern eigene Beiträge zum Natur- und Artenschutz, indem sie Spenden weiterleiten oder Naturschutzabgaben erheben.

Im Zuge der Pandemie begannen im Frühjahr 2020 die meisten Länder der Welt massive Reiserestriktionen umzusetzen, die in einem Zusammenbruch des internationalen Tourismus resultierten. Allein in Afrika gingen im Jahr 2020 12,4 Millionen Arbeitsplätze verloren [27]. Die Auswirkungen des Zusammenbruchs der Tourismusindustrie machten sich jedoch nicht nur bei der Bevölkerung bemerkbar, sondern vor allem auch im Hinblick auf die Wilderei insbesondere die lokale Subsistenzwilderei [28]. Das Ausbleiben der Tourismuskasse führte jedoch auch zur massiven Reduktion der Finanzhaushalte der Schutzgebietsverwaltungen. Die Folgen waren Auswirkungen auf Strafverfolgung und Ermittlungen von illegalen Aktivitäten, Aussetzen von Trainings-, Umweltbildungs- und Artenschutzprogrammen sowie Einbrüche bei der jährlichen Instandsetzung der Infrastruktur [29].

In Sambia liegt das Budget für Natur- und Artenschutz bei 0,6 Prozent des Staatshaushaltes [30]. Dies bedeutet, dass der Großteil des Wildtierschutzes von privaten Naturschutzorganisationen und der Tourismusindustrie getragen werden muss. Im sambischen Luangwatal hängt jeder zweite Arbeitsplatz vom Tourismus ab. Die Buchungen und Belegraten gingen im Jahr 2020 gegenüber 2019 um

über 90 Prozent zurück [27]. Die Folgen sind eine hohe Arbeitslosigkeit unter der Lokalbevölkerung, der wirtschaftliche Kollaps einiger Safariunternehmen sowie eine deutliche Zunahme der Subsistenzwilderei. Es bleibt zu hoffen, dass der Safaritourismus in den kommenden Jahren wieder Fahrt aufnimmt. Nur so ist ein langfristiges Überleben von Afrikas Großsäugern im Allgemeinen und dem einmaligen Luangwatal im Speziellen gewährleistet.

Zusammenfassung

Das Luangwatal im Osten Sambias ist eine der letzten großen afrikanischen Naturlandschaften mit weitgehend intakten Lebensräumen. Durch seine besondere klimatische Stellung als Trockengebiet fungiert es als Brückenhabitat zwischen den Trockensavannen Ost- und des südlichen Afrikas in

mitten eines Meers aus Miombowald. Dies zeigt sich in diesem Verbreitungsgebiet durch eine Reihe von Tierarten und einer Tendenz der taxonomischen Eigenständigkeit einzelner Arten wie der Rhodessiengiraffe und dem Cookson-Gnu. Das Gebiet ist durch mehrere Nationalparks geschützt. Die Pandemie und die damit verbundenen Reiseeinschränkungen führten zu einem Zusammenbruch des Tourismus und negativen Konsequenzen für die Lokalbevölkerung und die Tierwelt. Hervorgehoben wird die essentielle Rolle des Tourismus beim langfristigen Erhalt dieser wichtigen Großlebensräume.

Summary

Luangwa – the valley of the leopard

The Luangwa Valley in Eastern Zambia is one of the last big African natural landscapes with largely intact habitats. Due to its special climatic status as a dry area, it acts as a bridge habitat between the dry savannahs of Eastern and Southern Africa in the middle of the Miombo forest belt. In this distribution area, this is manifested in a range of animal species and in the tendency towards the taxonomic independence of individual species such as the Luangwa giraffe and the Cookson's wildebeest. The area is protected by several national parks. The pandemic and the associated travel restrictions led to a collapse in tourism and negative consequences for the local population and wildlife. The essential role of tourism in the long-term preservation of these important large habitats is emphasized.

Schlagworte:

Sambia, Luangwa, Biogeographie, Pandemie, Naturschutz, Tourismus

Literatur

- [1] L. C. Bishop et al. (2016). Quarternary fossil fauna from the Luangwa valley, Zambia. *Journal of Quaternary Science* 31(3), 178–190.
- [2] P. S. M. Phiri (1996). The floristic status of grasses of the South Luangwa national park and the Lupande area. In: L. J. G van der Maesen et al. (eds) *The Biodiversity of African Plants*. Springer, Dordrecht. https://doi.org/10.1007/978-94-009-0285-5_30
- [3] H. Chabwela et al. (2017). Habitat selection by large mammals in South Luangwa National Park, Zambia. *Open Journal of Ecology* 7, 179–192.
- [4] R. Makhado et al. (2018). *Colophospermum mopane* leaf production and phenology in Southern Africa's savanna ecosystem – a review. *Insights for Res* 2(1), 84–90.
- [5] P. Frost (1996). The ecology of Miombo woodlands. S. 11–57. In: P. Campbell (ed.). *The Miombo in transition: Woodlands and Welfare in Africa*. Centre for International Forestry Research, Bogor, Indonesia.
- [6] M. J. Coe, J. D. Skinner (1993). Connections, disjunctions and endemism in the eastern and southern African mammal faunas. *Transactions of the Royal Society of South Africa* 48, 233–255.
- [7] A. Rodgers et al. (1996). The biodiversity of Miombo woodland. S. 12. In: Campbell, P. (ed.). *The Miombo in transition: Woodlands and Welfare in Africa*. Centre for International Forestry Research, Bogor, Indonesia.
- [8] DNPW 2016. The 2015 Aerial Survey in Zambia. Population Estimates of African Elephants (*Loxodonta africana*) in Zambia. Vol. 1. Chilanga, Zambia.
- [9] C. Chomba (2013). Factors affecting the Luangwa (Zambia) hippo population dynamics within its carrying capacity band – insights for better management. *International Journal of Biodiversity and Conservation* 5(3), 109–121.
- [10] R. R. Ray-Brambach et al. (2018). Home ranges, activity patterns and habitat preferences of leopards in Luambe National Park and adjacent Game Management Area in the Luangwa Valley, Zambia. *Mammalian Biology* 92, 102–110.
- [11] S. Creel et al. (2020). Hidden Markov Models reveal a clear human footprint on the movements of highly mobile African wild dogs. *Nature Research Scientific Reports* 10, 17908 <https://doi.org/10.1038/s41598-020-74329-w>
- [12] P. Grubb et al. (2000). Relationships between eastern and southern African mammal faunas. S. 253–267. In T. Bromage & F. Schrenck. *African Biogeography, Climate Change and early Homimid Evolution*. Oxford University Press, New York.
- [13] S. J. Ivory et al. (2018). Waxing and waning of forests: Late Quaternary biogeography of southeast Africa. *Global Change Biology* 27(7), 2939–2951.
- [14] S. Winter et al. (2018). Limited introgression supports division of giraffe into four species. *Ecology and Evolution* 2018(8), 10156–10165.
- [15] R. D. Estes, R. East (2009). Status of the wildebeest (*Connochaetes taurinus*) in the wild 1967–2005. *Wildlife Conservation Society Working Papers* No 37, 127.
- [16] M. A. Hack et al. (2002). Status and Action Plan for the plains zebra (*Equus burchellii*). S. 43–48. In: P. Moehlman. *Equids: Zebras, Asses and Horses*. Status Survey and Conservation Action Plan. IUCN/SSC Equid Specialist Group.
- [17] Y. Moodley, M. W. Bruford (2007). Molecular Biogeography: Towards an Integrated Framework for Conserving Pan-African Biodiversity. *PLoS ONE* 2(5), e454. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000454>
- [18] D. Zinner et al. (2015). Distribution of Mitochondrial Clades and Morphotypes of Baboons *Papio* spp. *Primates: Cercopithecidae*. In Eastern Africa. *Journal of East African Natural History* 104, 143–168.
- [19] C. P. Groves (1993). Testing Rhinoceros subspecies by multivariate analysis. S. 92–100. In: *Rhinoceros biology and conservation*. Ryder, O. (Ed.) 1993. *Proceedings of an International Conference*. San Diego California.
- [20] E. van der Westhuizen et al. (2010). The re-introduction of black rhinoceros to North Luangwa National Park, Zambia. S. 249–253. In Soorae, P. S. (ed.) (2010) *GLOBAL RE-INTRODUCTION PERSPECTIVES: Additional case-studies from around the globe*. IUCN/SSC Re-introduction Specialist Group, Abu Dhabi, UAE, xii + S. 352.
- [21] R. J. Dowsett (2009). A contribution to the ornithology of Zambia. Tauraco Research Report No. 9. Tauraco Press, Liège, Belgium.
- [22] P. A. Clancey (1994). Combined biogeographic role of river valleys and aridity in Southern African bird distribution. *Durban Museum Novitates* 19, 13–29.
- [23] D. Pietersen et al. (2021). Snakes and other reptiles of Zambia and Malawi. *Struik Nature*, Capetown.
- [24] N. Leader-Williams, S. D. Albon (1988). Allocation of resources for conservation. *Nature* 336, 533–535.
- [25] P. Lindsey et al. (2013). *Zambian Game Management Areas*. Wildlife Producer Association of Zambia.
- [26] A. Spenceley (2021). The future of nature-based tourism. Impacts of COVID-19 and paths to sustainability. Luc Hoffmann Institute.
- [27] D. Shenton (2021). The effects of COVID-19 on safari tourism in South Luangwa National Park in Zambia. Bachelor Thesis, Dalarna University, Sweden.
- [28] B. Lucas (2022). Impact of COVID-19 on poaching and illegal wildlife trafficking trends in southern Africa. K4D Helpdesk Report 1094. Institute of Development Studies. <https://doi.org/10.19088/K4D.2022.017>
- [29] J. Waitthaka et al. (2021). Impacts of COVID-19 on protected and conserved areas: a global review and regional perspective. *Parks* 27: 41–55. <https://doi.org/10.2305/IUCN.CH.2021.PARKS-27-SIJW.en>
- [30] R. Tabetando (2020). Tourism and COVID-19 in Zambia. International Growth Centre <https://www.theigc.org/blog/tourism-and-covid-19-in-zambia/>

Verfasst von:



Tom Riffel, Jahrgang 2000, ist BSc-Absolvent des Studienganges Wildlife, Ecology and Conservation Science der Universität Suffolk, Ipswich, UK



Michael Riffel, Jahrgang 1963, ist an der Universität Heidelberg promovierter Zoologe und Unternehmer mit Engagements in Deutschland, USA und Sambia.

Die in diesem Artikel dargestellten Erkenntnisse und Beobachtungen zur Biogeographie des und Situation im Luangwatal beruhen auf dem langjährigen Engagement im Tourismus und Naturschutz in der Gegend. Tom und Michael Riffel engagieren sich für den Schutz des Luangwatalles über ihre gemeinnützige GmbH Caring for Conservation Fund gGmbH (www.c4cfund.org).

Korrespondenz

Caring For Conservation Fund gGmbH
Tom Riffel
Hoelderlinstraße 20
69493 Hirschberg
E-Mail: tom@c4cfund.org

Die Buche, ein eurasisches Art-Mosaik

Alles Bastarde

E. D. SCHULZE | G. W. GRIMM

Ein Buchenwald im Iran, aufgenommen im Jahr 2018 nahe der Stadt Amol, Mazandaran-Provinz. Die Stammhöhe beträgt bis zu 50 Meter, der Durchmesser in Brusthöhe bis zu zwei Meter. Bemerkenswert ist der epiphytische Bewuchs von Moosen und Flechten auf der glatten Rinde.

Foto: Mohammad Vatanparast (Universität Kopenhagen).



*Seitdem die Buche zum UNESCO-Naturerbe erklärt wurde, hat sie in Deutschland als Laubbaum einen besonderen Stellenwert. Eine genetische Analyse der Evolution der Buchen zeigt, dass die acht Buchenarten, die es global gibt, über die Windbestäubung bis zum Pleistozän eng vernetzt waren, wobei der Pollenflug einen Genaustausch über große Distanz ermöglicht. Damit sind die Buchen eng verflochtene Hybriden. Die ursprünglichste Population von *Fagus sylvatica sensu lato*, ist die iranische Buche, die heute zur osteuropäischen *Fagus orientalis* gehört. Die iranische Buche und nicht die mitteleuropäische Buche ist die eigentliche Genressource im Sinne eines Schutzes der Biodiversität.*

Die Vielfalt der Arten (Kasten „Artkonzepte“) wird im Allgemeinen als das Ergebnis einer dichotomen Evolution gesehen: Eine Vorgängerart spaltet sich auf in zwei neue Arten. Das zugrundeliegende Modell ist der phylogenetische Baum (Artbaum), der sich immer weiter verzweigt, der *Tree of Life*. Gerade bei Gattungen mit Windbestäubung stößt dieses Modell an seine Grenzen: Arten entstehen und vergehen im Widerspiel von Genaustausch (Genfluss) und Isolation (Gendrift). Pollen, und somit die väterlichen („paternalen“) Genvarianten, werden in der Atmosphäre transportiert und ermöglichen so weiträumigen genetischen Austausch, insbesondere auch zwischen Arten. Bei der Hybridisierung wird die Eizelle, die Trägerin der mütterlichen („maternalen“) Genvarianten, in der Blüte durch den Pollen einer anderen Art bestäubt. Es bilden sich sogenannte „F1-Hybride“ (Bastarde). Diese Hybride sind entweder infertil (z. B. bei den Hybridlärchen) oder fertil (z. B. bei Eichen, Mais, Platanen). Es können neue Arten (Hybridarten) entstehen [1], in denen beide Elterngenome weitergetragen werden. Genomische Inkompatibilität können Pflanzen durch die sogenannte „Allopolyploidisierung“ überwinden: Die kompletten

Genome der Eltern werden im Hybriden fusioniert und stabilisiert, um normale Zellteilung und geschlechtliche Fortpflanzung zu ermöglichen [2]. Pflanzliche Hybride zeichnen sich oft durch eine gesteigerte Vitalität aus (Heterosis) sowie durch die Fähigkeit, sich mit einer oder beiden Elternarten zu kreuzen (z. B. Bastard- und Orientplatanen). Der Hybrid ersetzt kompetitiv die Mutterart(en), trägt aber deren Genotypen weiter.

Im Prinzip ist zwischenartlicher Genaustausch auch bei Insektenbestäubung möglich, sofern die Elternarten geographisch eng genug beieinander wachsen, d. h. vom selben Bestäuber erreicht werden können. Die Artbildung bei der Gattung *Sorbus* (Mehlbeeren) wäre dafür ein Beispiel [3]. Bei entsprechender Bewirtschaftung kommen mehrere Arten von *Sorbus* im gleichen Bestand vor (z. B. im Niederwald) und dies fördert die Hybridbildung zwischen Arten, die phylogenetisch sehr nahe stehen. Im Falle der Windbestäubung kann es zu geographisch weiträumigem Genaustausch kommen, der sogenannten „Introgression“: Gene einer Art werden an eine andere weitergegeben. Zur Introgression und Hybridisierung gesellen sich die genetische Durchmischung

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 348 erklärt.

ARTKONZEPTE

Artenvielfalt wird typischerweise über die Anzahl der Arten bestimmt, die in einem Gebiet vorkommen. Dabei wird angenommen, dass Arten „natürliche“, stabile und biologisch allgemein definierbare Einheiten darstellen. Dabei wird gerne übersehen, dass Arten nicht gleich Arten sind.

a) Bei Pflanzen wird in der Praxis weitgehend noch das phänotypische Artkonzept Carl von Linnés angewendet: Arten werden an Hand von anatomischen und morphologischen Unterschieden bestimmt (im Bild: Kreise, Sterne mit unterschiedlicher Anzahl von Spitzen, Pentagone).

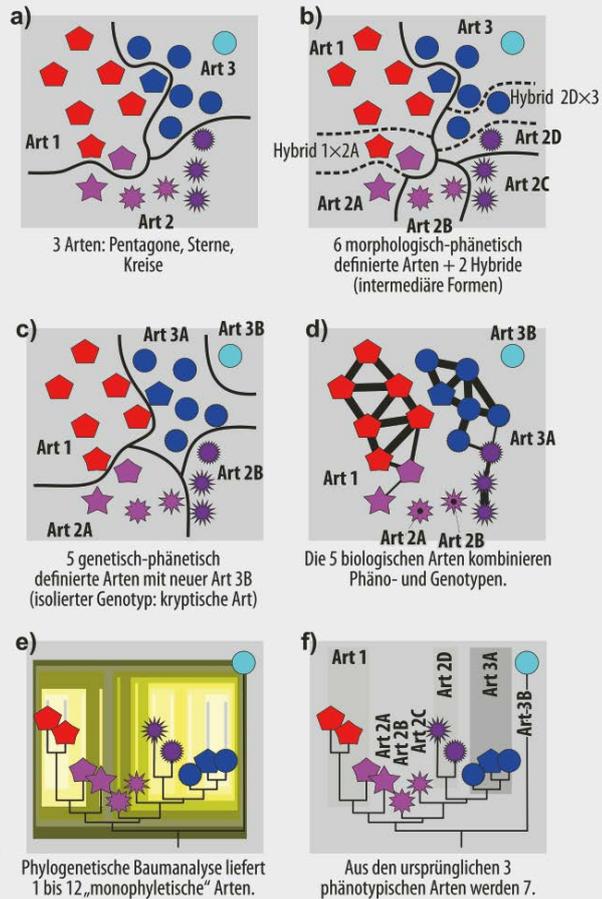
b) Das daran anschließende phänetische Artkonzept definiert Arten basierend auf genereller Ähnlichkeit ohne Berücksichtigung der evolutionären Verwandtschaftsverhältnisse (phylogenetischen Beziehungen), z. B. durch das Erfassen morphometrischer Daten (im Beispiel: Anzahl und Größe der Spitzen).

c) Das phänetische Artkonzept (siehe oben) kommt heute v. a. bei Mikroorganismen in Form der x%-Regel zur Anwendung: Unterscheiden sich Genvarianten (im Bild dargestellt durch Farbtöne) in mehr als z. B. 3%, werden sie als Arten gezählt [17].

d) Daneben gibt es das in der Zoologie beliebte, bei Pflanzen kaum anwendbare, biologische Artkonzept Ernst Mayrs: Eine Art wird über fertile Populationen definiert.

e) Kaum angewendet, aber häufig propagiert wird das kladistische (oder phylogenetische) Artkonzept, das auf den Ideen Willi Hennigs fußt: Arten werden über einen errechneten, gewurzelten phylogenetischen Baum definiert unter der Annahme, dass jeder Teilbaum oder Klade (engl. clade [18]) eine sogenannte „monophyletische“ Gruppe darstellt: eine Gruppe von Populationen, die alle Nachfahren eines einzigen Urahns umfassen.

f) Da das kladistische Artkonzept nur verschachtelte Hierarchien kennt, aber keine Kriterien liefert, ab wann ein Teilbaum als Art zu beschreiben ist, ist es in der Praxis nicht anwendbar. Phylogenetische Bäume dienen daher vorwiegend zur Überprüfung und Verfeinerung schon bestehender phänotypisch-phänetischer oder biologisch-/genotypisch-phänetischer Artkonzepte.



und Rückkreuzungen mit der Elternart. Die rezenten Arten sind Produkte eines ► phylogenetischen Netzwerkes, der sogenannten ► „vernetzten“ (retikulaten) Evolution. Sie bilden keinen Artbaum ab, sondern eine „Artkoralle“. Ein Modell für diese Form der Evolution sind die Buchen der Gattung *Fagus*.

Die rezenten Buchenarten sind genetische ► Mosaik [4], Endprodukte einer Vernetzung verschiedener Linien, deren Ursprünge bis ins frühe Tertiär, dem Paläogen, reichen. Die Rotbuche im weiteren Sinne, *Fagus sylvatica* sensu lato, mit ihrer Unterart *orientalis*, der Orientbuche, ist ein „Konglomerat“ aus zwei bis vier heute geographisch getrennt lebenden Buchenarten, in denen mindestens drei genetische Linien zusammenlaufen. Eine der Linien wird > 6500 km entfernt in der japanischen Schwesternart, der Kerbbuche, *Fagus crenata*, dominant. Die Rotbuchen im engeren Sinne zeigen darüber hinaus Genvarianten nordamerikanischen Ursprungs: Anzeichen für Introgression im Miozän. Die phylogenetische Vielfalt im Genom der europäischen Buche ist vermutlich die Basis für deren Erfolg und deren Dominanz gegenüber anderen Waldbäumen im europäischen Verbreitungsgebiet.

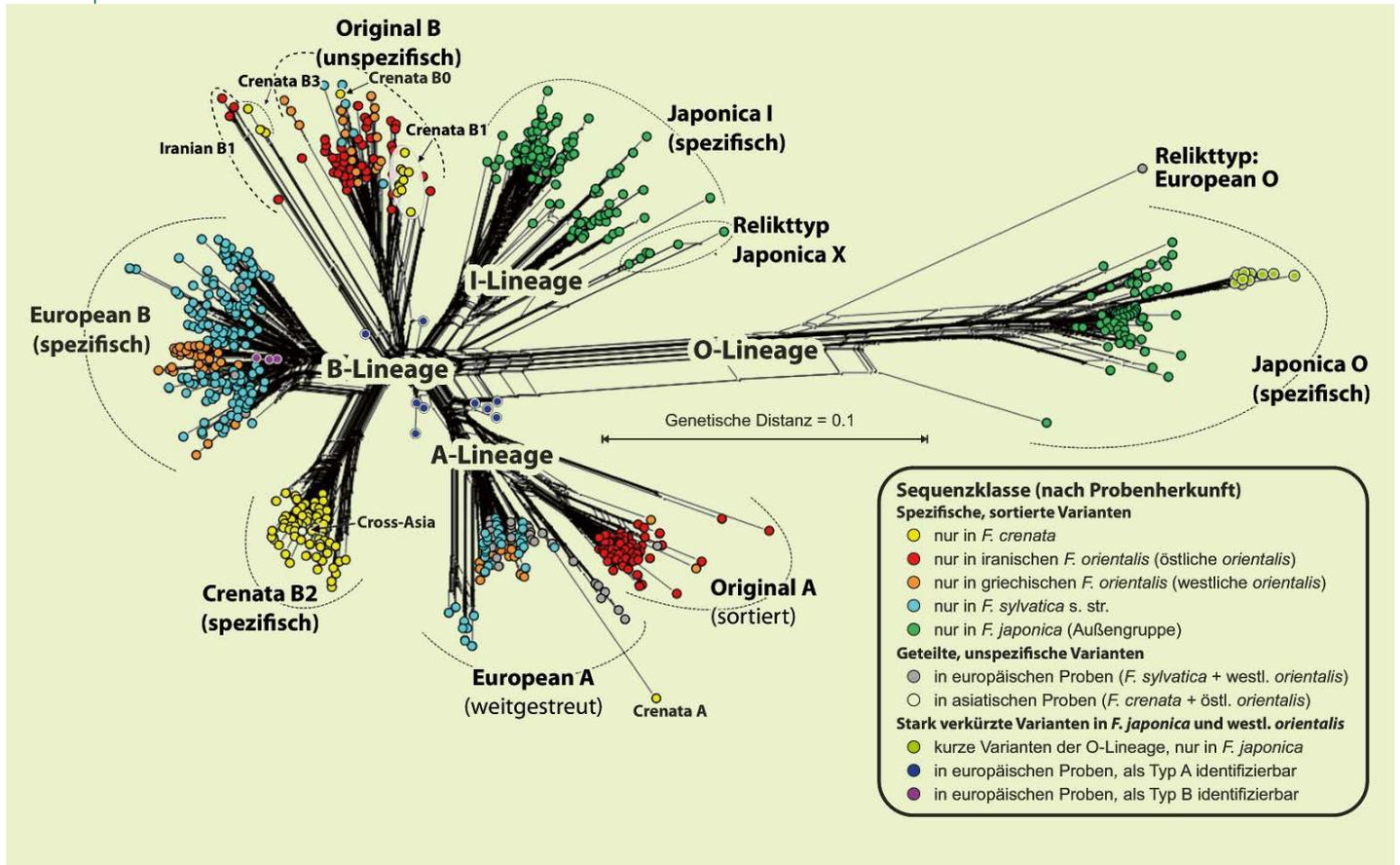
Windbestäubung und Arten

Die Entwicklung einer insektenbestäubten Blüte ist das Hauptmerkmal in der Entwicklung der Blütenpflanzen, der Angiospermen. Dennoch findet sich die Windbestäubung, die in den Gymnospermen bis heute dominiert,

IN KÜRZE

- Als windbestäubende Pflanzengattung ist die Buche ein **Paradebeispiel für die sogenannte „vernetzte“ Evolution**. Arten entstehen und vergehen in einem Wechselspiel von Genaustausch (Genfluss über Pollenflug) und Isolation (Gendrift über die geographisch stationäre Eizelle).
- Dabei spielt Genübertragung (Introgression) zwischen Population und Arten genauso eine wichtige Rolle wie die Artverschmelzung (Hybridbildung, Allopolyploidisierung). **Es entstehen genetisch heterogene Arten**, sogenannte „genetische Mosaik“.
- Im Gegensatz zum polymorphen Kerngenom unterliegen die **mütterlich vererbten Chloroplasten** vor allem der Gendrift. Sie werden nur lokal über Samen weitergegeben und zeigen ausschließlich die geographische Geschichte der Mutterpopulationen und Artkomplexe.
- Die heutigen Buchenarten tragen in bestimmten Chromosomenabschnitten das genetische Erbe von etwa 50 Millionen Jahren (seit dem frühen Tertiär) vernetzter Evolution. **Sie bilden ein Artnetzwerk**, eine „Artkoralle“, und keinen Artbaum.

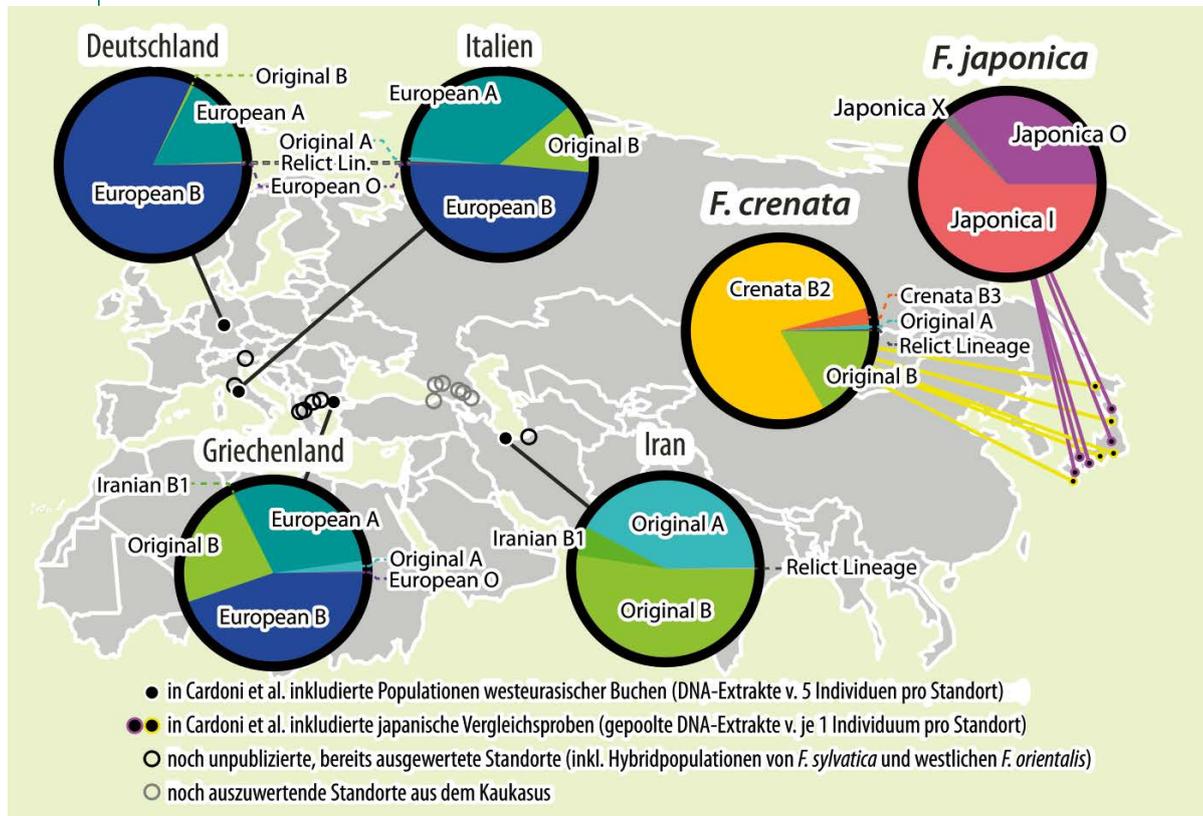
ABB. 1 | ZWEIDIMENSIONALES DISTANZNETZWERK



Die Abbildung zeigt einen sogenannten *neighbour-net splits graph* der gefundenen 686 5S-IGS-Sequenzvarianten mit einer Mindesthäufigkeit von 25, farbkodiert nach Herkunft (beprobten Arten/Lokalitäten) und Spezifität. Grafik nach [4].

auch in einigen Gruppen der Angiospermen wieder. Bekannt sind vor allem die Gräser als eine Linie der Monokotyledonen, die sehr früh im Tertiär wieder zur Windbestäubung wechselte. Innerhalb der „Rosiden“, der Großgruppe der Rosenähnlichen, zu denen sehr viele einheimische Baumgattungen gehören, sind vor allem die Fagales (Buchenverwandten) windbestäubend. Die Buchenverwandten enthalten die weitverbreiteten Gattungen *Juglans* (Walnuss), *Alnus* (Erle), *Betula* (Birke), *Carpinus* (Hainbuche), *Corylus* (Haselnuss), *Quercus* (Eiche) und *Fagus* (Buche). Mit Ausnahme von Birke und Erle haben die Buchenverwandten meist recht große Früchte, die regional über relativ geringe Entfernung vor allem durch Wintervorräte anlegende Häher (Standvögel) und Kleinsäugetiere verbreitet werden. Im Gegensatz dazu ermöglicht die Windbestäubung einen Genaustausch über Pollen, die weiträumig verbreitet werden. Der Pollen verbindet Arten, während die Eizelle das lokale Genom der Mutterart bewahrt. Der Genfluss durch Windbestäubung, die Introgression, ist daher meist asymmetrisch, d. h. Gene wandern von Art A zu Art B, aber nicht von Art B zu Art A. Der Pollenflug, somit die Richtung des Genflusses, wird durch die vorherrschende Windrichtung während der

Blütezeit im Frühjahr vorgegeben. Die weiblichen Blüten sitzen an den Zweigenden und fangen dadurch sehr effektiv die Pollen aus der Hauptluftströmung ein. Damit ist die Größe der Mutterpflanzen ein wichtiger Faktor bei der Anbindung des Pollenfluges an die atmosphärische Strömung. Die europäische Rotbuche (*Fagus sylvatica*), die Orientbuchen (*F. orientalis* s. l.) und ihre japanische Schwesternart, die Kerbbuche (*Fagus crenata*), werden über 40 m hoch. Ihre Pollen werden über mehr als 1000 km getragen [5], wobei selbst bei großer Entfernung ein Teil der Pollen keimfähig bleibt. Die Isolation einer Population, die Artbildung, geschieht unter diesen Bedingungen vor allem durch eine geringe Anbindung an die atmosphärische Zirkulation (windgeschützte Lagen). Ein weiterer Faktor, der zur Artstabilisierung beiträgt, ist die Populationsgröße und die Entfernung zwischen den Populationen. Je näher die Buchenstandorte zueinander stehen, desto höher ist die Homogenisierung zwischen Populationen und Arten (Introgression, Hybridbildung). So finden sich bei einzelnen Individuen der zusammen vorkommenden (sympatrischen) chinesischen Arten *F. longipetiolata* und *F. lucida* Genvarianten, die typisch für die jeweils andere Art sind [4, 6].

ABB. 2 | GENPOOL VON JAPANISCHEN UND WESTEURASISCHEN BUCHEN


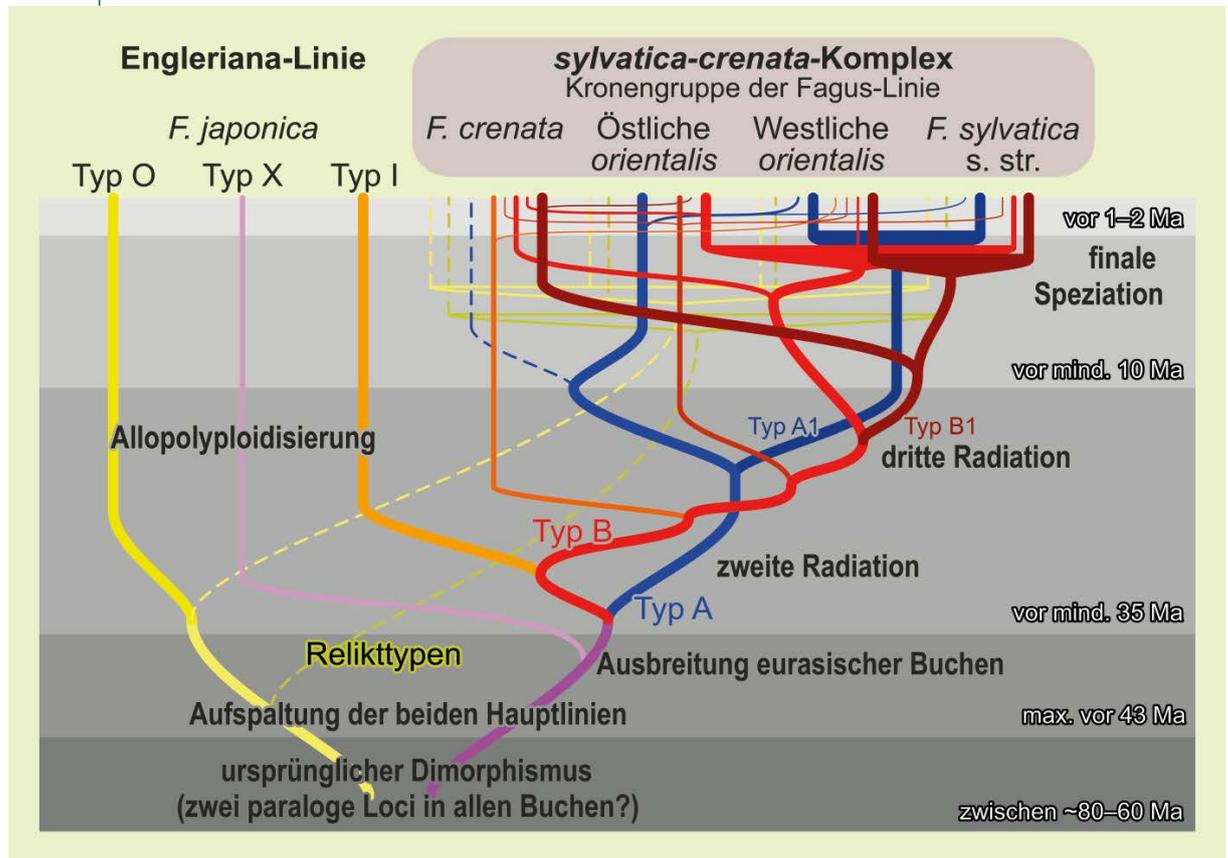
Gezeigt ist die Zusammensetzung des 5S-IGS-Genpools in japanischen und westeurasischen Buchenproben. Die Kuchen-diagramme geben die prozentuale Gesamtzusammensetzung nach phylogenetischen Gruppen (Linien) an. Im Gegensatz zu Abbildung 1 geben die Farben hier die Hauptvarianten, die Lineages und ihre Subtypen an. Inkludiert sind alle von Cardoni et al. [4] gefundenen Varianten mit einer Mindesthäufigkeit von 4; in der Summe 145.643 Sequenz-, Reads, die sich auf 4.693 verschiedene Varianten aufteilen.

Analogien finden sich vor allem bei weitverbreiteten Nacktsamern, den Gymnospermen. Die Waldkiefer (*Pinus sylvestris*) ist eine Art, von der Pollenflug quer über den Atlantik nachgewiesen wurde und deren Verbreitungsgebiet in Eurasien vom Atlantik bis zum Pazifik reicht. Das Verbreitungsgebiet liegt in der Hauptströmung der globalen Westwinde. Dies hat sicher zur Homogenisierung der Art beigetragen. Ein ähnliches Muster findet man bei der arktischen Zwergbirke (*Betula nana*). In diesem Falle ist die Art eher eine Strauchart, aber sie wächst im Offenland von Mooren und ist daher anders an die atmosphärische Strömung angebunden als die Waldbäume. Außerdem sind Birken nicht nur windbestäubt, sondern auch windverbreitet. Im Gegensatz zu *Pinus* und *Betula* kam es bei den Eichen zu einer Aufteilung in hunderte von Kleinarten [7], insbesondere in Nordamerika, was eventuell mit der allgemein geringeren Baumhöhe als bei der Buche, der Pollenmorphologie, der ökologischen Anpassungsfähigkeit und der eher regionalen Zirkulation in mediterranen Klimaten und niederen Breiten zusammenhängt. Zwischen diesen Extremen stehen die Buchen, die eine sehr geringe Artenzahl aufweisen (8 Arten in klassischen Floren; unter Berücksichtigung genetischer Differenzierung sind es

13–14 Arten). Global verteilt bestehen großen Lücken (Atlantik, Zentralasien, westliches Nordamerika) und dennoch gibt es über große Distanzen hohe morphologische Ähnlichkeiten wie im Fall der europäischen Rotbuche und der japanischen Kerbbuche (> 6.500 km Luftlinie), die sich vor allem durch Blattform und -rand unterscheiden sowie der morphologischen Variabilität der Buchecker [8]. Im Folgenden wollen wir die Entwicklung dieser beiden Arten und der Gattung *Fagus* im eurasischen Raum darstellen und stützen uns dabei vor allem auf die Arbeit von Cardoni et al. [4] und der dort zitierten Literatur.

Die Untersuchungen von Cardoni et al. [4] und Jiang et al. [6] wurden möglich durch moderne Sequenzierungsverfahren für große Probenzahlen, dem sogenannten *next-generation sequencing* oder „NGS“. Cardoni et al. konzentrierten sich auf einen speziellen ▶ Genloкус, der bekannt ist für seine Fähigkeit intragenomische Variabilität zu konservieren: die Spacer der ▶ 5S rDNA (5S-IGS), nicht-kodierende Nukleotidsequenzen zwischen den 5S rRNA-Genen [9]. Jiang et al. „fischten“ aus dem Kerngenom 28 nukleäre Genregionen. Die Auswahl der Gene ist dabei zufällig: Computeralgorithmen filtern aus Tausenden von Gensnipseln mögliche ▶ Homologe, die dann gesammelt

ABB. 3 | EVOLUTION DES NUKLEÄREN GENPOOLS DER EURASISCHEN BUCHEN



Die farbigen Linien geben die jeweiligen evolutionären Gruppen innerhalb der gefundenen 5S-IGS-Sequenzvarianten an. Das Zustandekommen von drei unterschiedlichen, alten Linien mit verschiedenen Herkünften in *Fagus japonica* weist auf frühe Allopolyploidisierung hin. Das komplexe Muster in der *Fagus*-Kronengruppe ist das Resultat von Sortierung, Homogenisierung und primärem und sekundärem Genaustausch. Grafik nach [4].

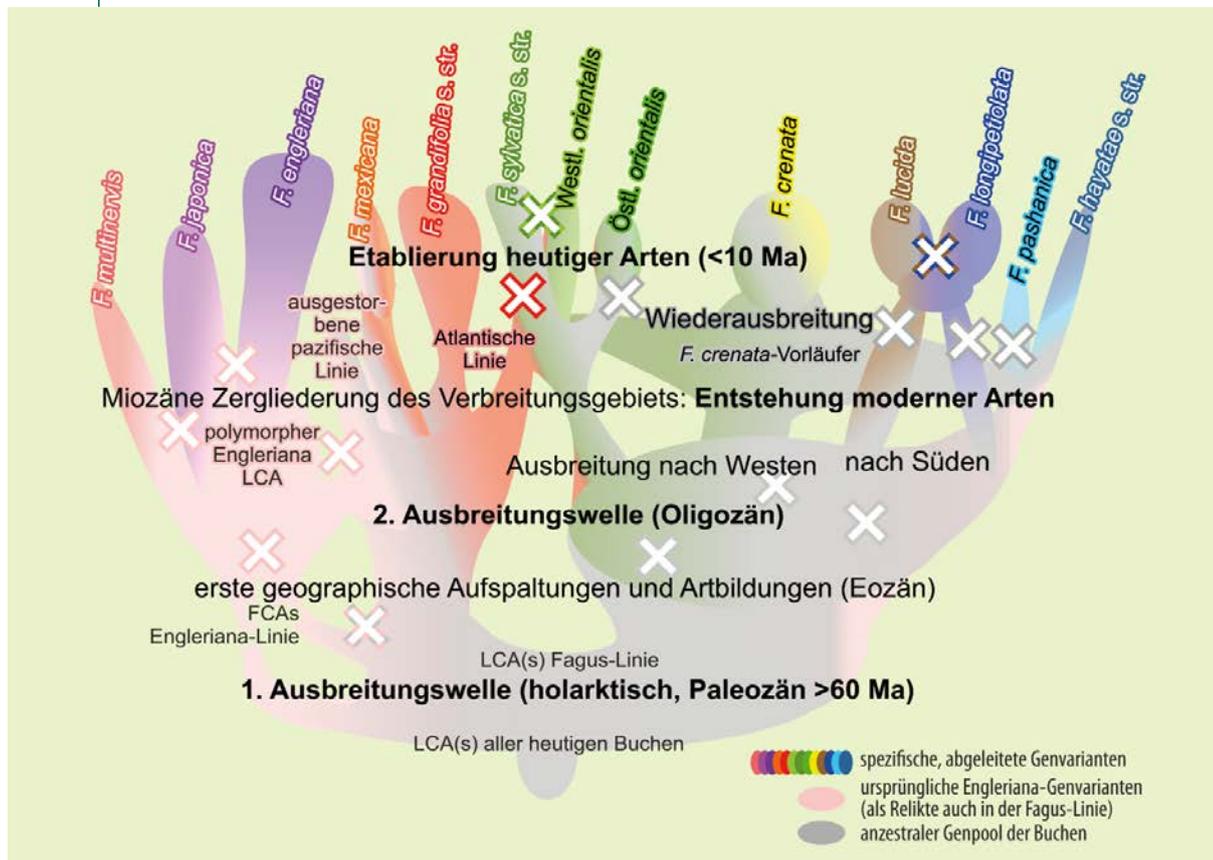
und verglichen werden. Beide Datensätze zeigen einen hohen Vermischungsgrad und genetische Muster, die nur durch sekundären Kontakt und Genfluss zwischen Arten, d. h. Introgression und Hybridisierung, erklärt werden können.

Ein genetisches Potpourri

Einen Eindruck über die Verwandtschaft und Vernetzung des *sylvatica-crenata*-Komplexes gibt die Netzwerk-Ähnlichkeitsanalyse der gefundenen 5S-IGS-Varianten (Abbildung 1). In dem Genom der 5S-rRNA finden sich unterschiedliche genetische Abstammungslinien (phylogenetische Linie, engl. *lineages*). Die A- und B-Linien stellen die Haupttypen in *F. sylvatica-crenata* dar; I (Innengruppe), O (Außengruppe) und X (unbekannter Ursprung) zeigen die entsprechenden Varianten in der anderen untersuchten japanischen Art, *F. japonica*, einer weit entfernten Verwandten. Dabei bezeichnen die Linien phylogenetische Gruppen von Spacer-Varianten, die sich auf einen bestimmten Grundsequenztyp, dieselbe Ursequenz, zurückführen lassen. Alle untersuchten Arten zeigen eine Vermischung verschiedener Linien (Abbildung 2).

Die beiden japanischen Arten, *F. crenata* und *F. japonica*, gehören zwei unterschiedlichen evolutionären Linien (Untergattungen) an, die schon im späten Eozän, vor mindestens 43 Millionen Jahren (Ma = *Mega-annum*), getrennt waren. Im Netzwerk spiegelt sich dies durch hohe genetische Distanz wider. Die Japanbuche, *F. japonica* aus der informellen Untergattung Engleriana (China, Korea, Japan), ist aber keinesfalls homogen. Eine Linie, die „I-Lineage“ (I = *ingroup* - Innengruppe) ist deutlich ähnlicher dem *sylvatica-crenata*-Komplex als die „O-Lineage“ (O = *outgroup* - Außengruppe). Die dritte Linie, die „X-Lineage“ (X = unbekannt Quelle), führt ein Schattendasein neben den beiden Hauptvarianten (Abbildung 2). Daraus ergibt sich, dass schon der letzte gemeinsame Vorfahr beider Untergattungen, der LCA (engl.: *last common ancestor*) aller heutigen Buchen, das Produkt einer vernetzten Artbildung war (Hybridisierung mit Allopolyploidisierung). Auch *F. crenata* zeigt Reste einer zwischenartlichen Vermischung der Buchen Eurasiens, insbesondere mit den Rotbuchen im weiteren Sinne (*F. sylvatica* s. l.). Unter den europäischen Buchen ist die iranische Buche, die östliche *F. orientalis*, von den europäischen

ABB. 4 | „ARTKORALLE“ DER GATTUNG FAGUS



Kein Artbaum, sondern eine „Artkoralle“ beschreibt die Evolution der Buchen bis hin zu den heutigen Arten.

Abk.: FCA = **first common ancestor** („früher gemeinsamer Vorfahr“); LCA = **last common ancestor** („letzter gemeinsamer Vorfahr“); x = **zwischenartlicher Genfluss/Anastomosen (Introgression bzw. Hybridisierung)**. Grafik nach Data S1, Fig. S21 aus [4].

Buchen, *F. sylvatica* (s. str.) und der griechischen *F. orientalis* klar getrennt. In allen westeurasischen Buchen finden sich Varianten zweier Hauptlinien – „A-Lineage“, „B-Lineage“, allerdings in unterschiedlicher Ausprägung: In den europäischen Buchen dominieren B-Varianten über A-Varianten, während in den iranischen Buchen A- und B-Varianten gleichermaßen vertreten sind. Darüber hinaus nimmt der Anteil an spezifischen B-Varianten innerhalb der europäischen Buchen von Osten (griechische *F. orientalis*) nach Westen (griechische und italienische *F. sylvatica*) und Norden (deutsche *F. sylvatica*) zu (Abbildung 2).

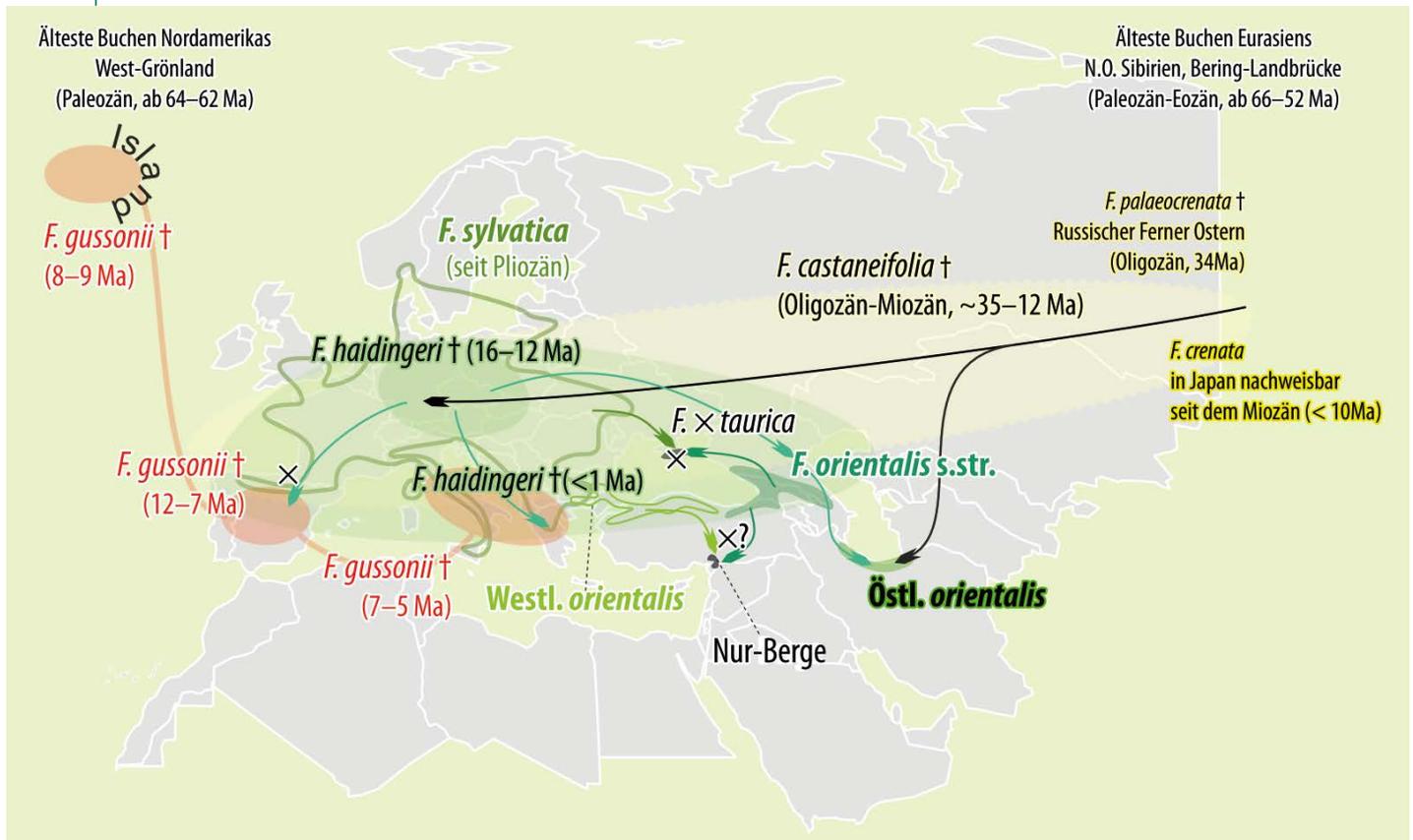
Polymorphe Anfänge

Unter Berücksichtigung anderer Evidenzen wie z. B. der historischen (fossilen) Verbreitung der Vorfahren heutiger Buchen lässt sich die Verteilung der verschiedenen genetischen Linien auf die unterschiedlichen Buchenarten aufzeigen (Abbildung 3). Dabei entspricht die Trennung der A-, B-, I-, O- und X-Linien Phasen, in denen genetische Drift durch Isolation und lokale Anpassung deutlich stärker gewesen sein müssen als der Genaustausch zwischen Popu-

lationen und Schwesterarten. Die Häufung verschiedenster Linien in einer Art bzw. Population kann nur durch eine vernetzte (retikulate) Evolution erklärt werden, in der die Hybridbildung eher die Regel als die Ausnahme ist. Die Vorfahren von *F. japonica* – und damit vermutlich der gesamten Untergattung Engleriana – waren ebenfalls polymorph, d. h. das Produkt hybrider, wahrscheinlich allopolyploider, Artbildung. Die Gendaten deuten an, dass einer der Engleriana-Vorfahren der Fagus-Linie entstammte (I-Lineage-Varianten). Die O-Lineage-artigen Reliktvarianten in allen Proben des *sylvatica-crenata*-Komplexes zeigen, dass es auch zu einem Genfluss zwischen den frühen Vertretern dieser beiden Untergattungen kam. Wenn auch heutzutage geographisch und morphologisch getrennt, haben diese Arten bis in die jüngste Vergangenheit genetisches Material ausgetauscht. Entsprechend schlecht lassen sich diese Arten durch bisher untersuchte Marker trennen (Abbildung 4).

Die Populationen des letzten gemeinsamen Vorfahren (LCA) des *sylvatica-crenata*-Komplexes finden sich vermutlich in *F. castaneifolia* – einer fossilen Art, die im Oligozän über weite Teile Eurasiens verbreitet war (Abbildung 5).

ABB. 5 | VERBREITUNG DER GATTUNG FAGUS



Rezente Verbreitung (nach [11]) der Gattung *Fagus* im westlichen Eurasien im direkten Vergleich zu den Vorläufern der heutigen Buchen [10, 12]. Gelbe bis grüne Farbtöne repräsentieren die evolutionäre Linie der Rotbuchen im weiteren Sinne (*F. sylvatica* s. l.). *Fagus gussonii* ist eine fossile Form, die den östlichsten Ausläufer der Neuweltbuchen (rote Farbe, vgl. Abbildung 4) repräsentiert. Die Krimbuchen, *F. x taurica*, sind möglicherweise hybriden Ursprungs, entstanden durch eiszeitlichen Kontakt zwischen europäischen *F. sylvatica* und den kaukasischen *F. orientalis* s. str. [15].

Bei einer Westostverbreitung von > 6000 km muss schon zur Zeit ihres Aufspaltens eine genetische Differenzierung vorhanden gewesen sein. Im westlichen Eurasien wird *F. castaneifolia* sukzessive durch einen neuen ▶ Phänotyp, *F. haidingeri*, ersetzt (Abbildung 6), zeitgleich zu *F. palaeocrenata* u. a. in Nordostasien [10]. Dies sind die direkten Vorfahren der modernen Arten *F. sylvatica*, westliche *F. orientalis*, östliche *F. orientalis* und *F. crenata*. Über die Nordatlantische Landbrücke (isländisch-mediterrane *F. gussonii*-Fossilien) gelangte neuweltliches Genmaterial in die *F. haidingeri*-Populationen [4]: Im Zuge ihrer Ausbreitung nach Südwesten übernahm *F. haidingeri* Teile der iberischen *F. gussonii*. Deren Reste, repräsentiert durch die isländischen Populationen, starben im Zuge der globalen Abkühlung am Ende des Miozäns (< 8 Ma) aus. Ihr genetisches Erbe überlebte in den direkten Vorfahren der europäischen Buchen. Währenddessen kam es in Ostasien zu Vermischungen zwischen den Vorläufern von *F. crenata* und den kontinental-asiatischen Arten. Auch der ausgeprägte Plastompolymerismus in den Genomen der beiden heutigen japanischen Arten [11] deutet auf zahlreiche sekundäre Artkontakte in Nordost-

asien hin: Schon im Miozän waren die Buchenarten genetische Mosaik.

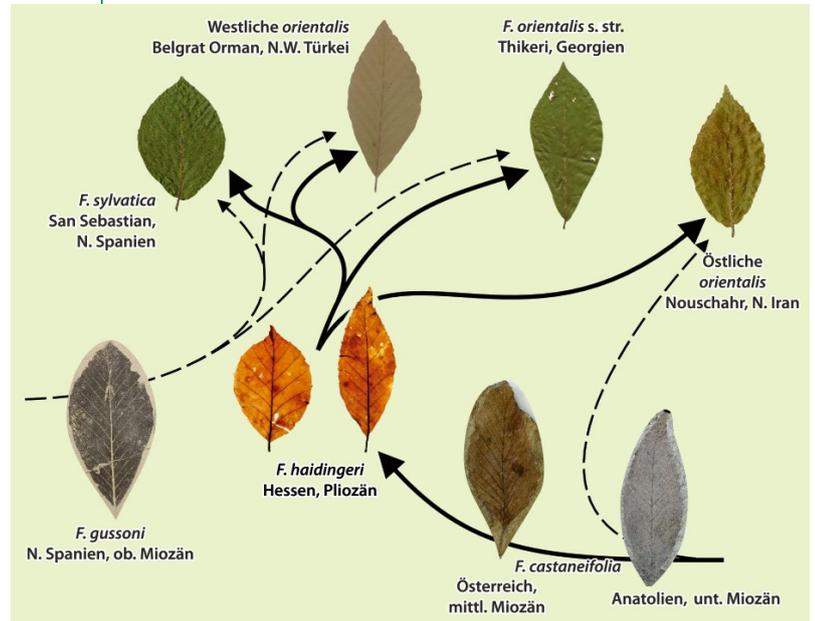
50 Millionen Jahre vernetzte Evolution

Die molekulare Datierung unter Berücksichtigung bekannter Fossilien [12] hat gezeigt, dass sich die Buchen bereits im Eozän, also vor ~ 50–45 Millionen Jahren, in drei Hauptlinien aufgeteilt hatten: die beiden (informellen) Untergattungen Engleriana und *Fagus* sowie die Trennung letzterer in Neuwelt- und Altweltbuchen. Morphologisch erkennbar wird die Untergattung Engleriana vor ca. 35 Millionen Jahren am Ende des Eozäns. Ab dem Oligozän ist Genfluss zwischen beiden Untergattungen unwahrscheinlich. Sie existieren sympatrisch in Nordostasien und lassen sich morphologisch klar trennen. Es gibt bis heute keine Anzeichen für Genaustausch (unter Verwendung spezifischer nuklearer Marker) zwischen Engleriana- und *Fagus*-Arten in China (*F. engleriana* ↔ *F. longipetiolata*, *F. lucida*, *F. pasbanica*) oder Japan (*F. japonica* ↔ *F. crenata*). Der Genfluss zwischen den nordostasiatischen und westeurasischen Populationen des *sylvatica-crenata*-Komplexes kam spätestens vor 15–10 Millionen

Jahren zum Erliegen, als Sibirien im Zuge der weiteren Anhebung der zentralasiatischen Gebirgsketten, insbesondere des Qinghai-Tibet-Plateaus, zu kalt und zu trocken wurde [13]. Die heutige iranische Population ist dabei dem genetischen Kerngebiet des *sylvatica-crenata*-LCAs am nächsten. *Fagus crenata* enthält kaum Reste der A-Linie, welche die iranischen Buchen (östliche *F. orientalis*) noch charakterisiert (Abbildung 2). Hinsichtlich des Bestrebens der Konvention zur Biologischen Vielfalt (CBD), die Artenvielfalt zu erhalten, ist es von Bedeutung zu erkennen, dass sich die iranische *F. orientalis* als das eigentliche europäische Naturerbe im *sylvatica-crenata*-Komplex erweist.

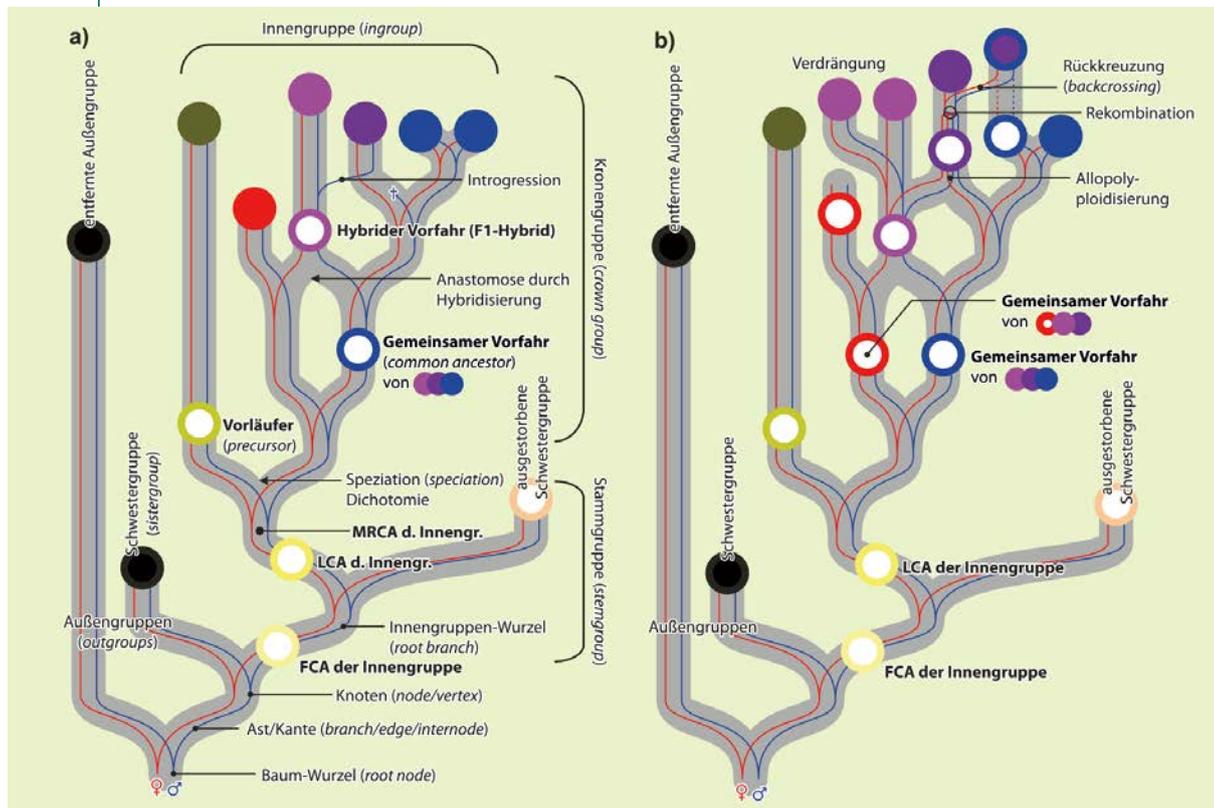
Die Dynamik der im westlichen Verbreitungsraum erfolgten Artbildungen kommt durch unterschiedliche A- und B-Sublinien in den Daten von Cardoni et al. [4], bzw. genetischem Polymorphismus in den Daten von Jiang et al. [6] zum Ausdruck (Abbildung 4). Dabei wurde der Genpool zunehmend fragmentiert: Es entstehen neue B-Typen, die nicht mehr zu den iranischen Populationen durchdringen. Interessant ist in dem Zusammenhang, dass noch im Pliozän bis Anfang des Pleistozäns Europas die morphologisch ursprünglicheren Eltern von *F. sylvatica* fossil gefunden wurden (*F. haidingeri*). Die Vorläuferart(en) treten zeitgleich mit modernen Formen

ABB. 6 | EVOLUTION DER BLATTMORPHOLOGIEEN DER WESTEURASISCHEN BUCHEN SEIT DEM OLIGOZÄN



Die Pfeile geben die Abstammungsverhältnisse wieder unter Berücksichtigung der heutigen genetischen Differenzierungsmuster (vgl. Abbildung 5). Blattfotos zur Verfügung gestellt von Thomas Denk (Naturhistoriska riksmuseet, Stockholm).

ABB. 7 | DICHOTOME VERSUS VERNETZTE EVOLUTION



a) Hybridbildung ohne Heterosiseffekt. b) Hybridbildung mit Heterosiseffekten (hybrid vigor): Die Hybriden (lila) verdrängen oder übernehmen die Donorarten (rot, blau). Offene Kreise: ausgestorbene Arten/Organismen (inklusive Vorfahren), geschlossene Kreise: noch heute vorkommende Arten/Organismen.

(*F. sylvatica* sensu stricto) auf, die sie dann aber sukzessive ersetzt haben (Abbildung 5). Die Trennung *F. sylvatica* (s. str.) von der westlichen *F. orientalis* (S. O. Europa, N. W. Türkei) begann vor etwa 1–2 Ma [14].

Blickt man in die Zukunft, dann scheinen angesichts der globalen Erwärmung die Orientbuchen, die *orientalis*-Arten, größere Chancen auch in Mitteleuropa zu haben [16]. Sie könnten *F. sylvatica* kurzfristig ersetzen. Es gibt

GLOSSAR

5S rDNA: Die Gene der 5S rRNA, die 5S rDNA, sind wie die Gene der anderen ribosomalen Untereinheiten (18S, 5,8S und 25S oder 28S rRNA) im Kerngenom als Tandems kodiert; im Fall der Angiospermen und Wirbeltiere sind die (normalerweise identischen) Genkopien jeweils durch einen nicht-kodierenden Spacer getrennt (**5S-IGS** oder **5S-NTS**). Zur Genetik, Phylogenie, Sequenzvariabilität und Funktion der Kern-rDNA und ihrer Spacer siehe [9]. Bei der bisher einzigen untersuchten Buche konnten pro Chromosomensatz zwei paraloge (siehe homolog) 5S-Loci nachgewiesen werden [24].

Allopolyploidisierung: Bei Pflanzen weitverbreitete Form der hybriden Artbildung, bei der die Kerngenome der Mutterarten („Donoren“) fusioniert werden. Allopolyploide Arten (z. B. Tabak) tragen unterschiedliche Genkopien (Polymorphismus) der ursprünglichen Donoren weiter; allerdings können diese durch Genomreorganisation zumindest teilweise wieder verloren gehen (Abbildung 7b).

Art: Hier definiert als eine Gruppe von miteinander verwandten Individuen/Populationen, die durch morphologische und/oder genetische Merkmale charakterisiert ist [21, 22, (siehe auch Kasten „Artbildung“)].

Artstabilisierung: Ein bei Pflanzen häufig komplexer und unvollständiger Prozess, bei dem Genfluss für die Homogenisierung des Genpools einer Art und Gendrift in Kombination mit retikulärer Evolution für deren Heterogenisierung (Mosaik, Polymorphismus) sorgt.

Außengruppe und Innengruppe: In der Abstammungsforschung (Phylogenie) werden vor allem gewurzelte phylogenetische Bäume verwendet. Dabei wird die Wurzel des Innengruppenteilbaums meist durch Hinzunahme von einer (besser: vielen) Außengruppe (\pm verwandte Arten von Schwestergattungen etc.) in die phylogenetische Analyse definiert (siehe auch Abbildung 7).

Clade (engl.): In der phylogenetischen Baumanalyse allgemein die Bezeichnung für einen Teilbaum in einem gewurzelten Baum [18], definiert durch eine Kante (edge; Begriff aus der Graphentheorie) bzw. Ast (branch; Phylogenetik; Abbildung 7). Clades repräsentieren häufig, aber nicht immer, monophyletische (holophyletische) systematische Gruppen (auch: Kladen, engl. clades, in der biologischen Systematik).

dichotome Evolution (engl.: dichotomous evolution): die Aufspaltung einer Mutterart/-linie in zwei Tochterarten/-linien (Abbildung 7); Grundlage der meisten phylogenetischen Analysen (Phylogenetik). Siehe dazu auch vernetzte Evolution.

F1-Hybrid: Erste Generation der Bastardisierung (Hybridisierung) zweier Arten (Abbildung 7a). Bekannte Beispiele sind der Grolar-Bär, fertile F1-Hybride von Eisbär und Grizzly, zweier Bärenarten (Gattung *Ursus*) und das Maultier, F1-Hybride von Pferd und Esel (Gattung *Equus*), die sich nicht fortpflanzen können (infertil sind).

Gen austausch, primär \leftrightarrow sekundär: Neue Sequenzvarianten hochvariabler Genabschnitte werden primär zwischen benachbarten Populationen einer Art ausgetauscht bzw. während des

Aufspaltungsprozesses, der Artentstehung oder Artdivergenz. Kommen verwandte, bereits isolierte Arten durch (Wieder-) Ausbreitung in Kontakt, kann es zu **sekundärem** Gen austausch kommen (Hybridisierung, Introgression).

Gendrift (engl.: gene drift): Im speziellen, populationsgenetischen Sinn: die (zufällige) Änderung der Frequenzen von väterlichen und mütterlichen Genvarianten (Allelen) in Populationen. Im allgemeinen, phylogenetischen Kontext: die (zufällige) Anreicherung einzigartiger genetischer Merkmale innerhalb von Populationen, Arten, Artkomplexen und evolutionären Linien. Häufig eine Folge geographischer Isolation und geringer Populationsgröße.

Genfluss (engl.: gene flow): Gen austausch zwischen Populationen (Inzucht, engl. inbreeding), Arten und evolutionären Linien (Auskreuzung, engl. outbreeding; Introgression, Hybridisierung), z. B. durch Zu- oder Abwanderung von Individuen.

Genlokus (Mz.: Loci): Genort, die Position eines Genabschnitts auf einem Chromosom. Liegt ein Gen in verschiedenen Loci vor, spricht man von Paralogen. Abgesehen von wenigen Ausnahmen unterscheiden sich Paraloge in ihrer Funktion. Orthologe sind Gene desselben Lokus und gleicher Funktion (Homologe).

Genotyp: Im allgemeinen Sinn: die Gesamtheit der Gene (Genom) eines Individuums, beziehungsweise die Genome einer Art oder evolutionären Linie; in der Genetik: eine bestimmte Genomvariante, Genkombination.

Heterosis (hybrid vigor): bezeichnet die höhere Vitalität und Produktivität von heterozygoten und hybriden Organismen; verallgemeinert die höhere evolutive Fitness von hybriden Arten (Abbildung 7b), Ökotypen bzw. Populationen (z. B. [25]).

homolog (Gegensatz: paralog): In der Phylogenetik Gene, die von einem gemeinsamen Vorfahren (Ur-Gen) abstammen. In der Genetik Bezeichnung für Gene mit gleicher Funktion (vgl. Lokus).

Hybridisierung: In der Evolution Vermischung phylogenetischer Linien durch Kreuzung verschiedener Elternarten; Hybride (F1-Hybrid) bzw. Hybridarten sind häufig durch intermediäre Phänotypen und gemischte (väterliche plus mütterliche Allele) Genotypen (Allopolyploide) charakterisiert (Abbildung 7).

Introgression: Meist asymmetrischer Genfluss von einer Art in eine andere (Abbildung 7); Prozess in der vernetzten Evolution. Wie bei der Hybridisierung kann es zu intermediären Phänotypen und gemischten Genotypen kommen bzw. neuen Kombinationen von Geno- und Phänotypen.

Kladistik: Eine auf Willi Hennig zurückgehende und derzeit dominante philosophische Schule innerhalb der phylogenetischen Systematik, nach der nur solche Taxa valide sind und benannt werden dürfen, die sich auf einen einzigen, **exklusiven** Urahn (engl. inclusive (!) common ancestor) zurückführen lassen: die sogenannten Monophyla bzw. Holophyla (Kasten „Artkonzepte“).

kryptische Artbildung: Arten, die reproduktiv weitgehend isoliert und daher genetisch klar trennbar sind, aber denselben

bereits forstliche Anbauversuche, um den Erfolg der wärmeliebenderen und z. T. trockenresistenteren Orientbuchen zu testen. Käme aber eine neue Eiszeit, würde *F. sylvatica* vermutlich bis auf Reste auf dem (Südost-

Balkan verschwinden bzw. mit den westlichen *F. orientalis* (wieder) verschmelzen. Als ursprünglichstes Relikt der Art (oder Arten), die einst im Oligozän-Miozän von Zentralasien ausgehend den gesamten Raum der Paratethys und

Phänotypen haben (Bsp. *Fagus hayatae* ↔ *F. pashanica*; *F. engleriana* ↔ *F. multinervis*, *Acer campestre*, *Feldahorn* ↔ *A. orthocampestre*, *kaukasischer Feldahorn*). Davon zu unterscheiden sind **pseudokryptische Arten**: Arten mit ähnlichen oder überlappenden Phänotypen, die an Hand genetischer Daten erkannt wurden (Bsp.: vier Giraffenarten, *F. sylvatica* ↔ westliche ↔ östliche *F. orientalis*).

LCA (engl.: last common ancestor): Wortwörtlich der in der Stammesgeschichte letzte gemeinsame Vorfahr (Stammart), aus der sich alle heutigen Arten einer Verwandtschaftsgruppe (phylogenetische Linie) entwickelt haben bzw. ableiten lassen (siehe auch Abbildung 7). Zeitlich nahe aber nicht gleichzusetzen mit dem **MRC**A (engl. most recent common ancestor), einem hypothetischen Konstrukt der phylogenetischen Baumanalyse. Das Gegenstück zum LCA ist der **FCA** (engl.: first common ancestor, dt. „erste gemeinsame Vorfahr“), der Urahn aller heutigen und ausgestorbener Arten einer Verwandtschaftsgruppe.

Ma (selten: **MA**): Vor allem in der Paläontologie und Stratigraphie verwendete Abkürzung für 1 Million (Mega-) Jahre (lat.: annum). Weitere gebräuchliche Abkürzungen sind **MYA** (auch: **MA**) für engl.: million years ago, vor x Millionen Jahren, im Gegensatz zu *myr/myrs* für engl.: million years, als Angabe für eine Zeitspanne. 1000 Jahre werden entsprechend als **ka** (kilo-annum) abgekürzt.

Monophylum: Auf Ernst Haeckel [26] zurückgehender Begriff für eine Gruppe von Organismen mit einem gemeinsamen Ursprung (engl.: common ancestry), d. h. Angehörige derselben phylogenetischen Linie. Im Gegensatz zu **Polyphylum**: Gruppe ähnlicher Organismen, die verschiedenen evolutionären Linien angehören. Im engeren Sinne (Kladistik) **Holophylum** [27], eine Gruppe von Organismen, die alle Nachfahren eines gemeinsamen Vorfahren umfassen; im Gegensatz zu **Paraphylum**: Gruppe von Organismen, die nur einen Teil der Nachfahren eines gemeinsamen Vorfahren umfassen. Ein clade in einem errechneten, gewurzelten phylogenetischen Baum ist häufig ein notwendiges (Kladistik), aber selten ein ausreichendes Kriterium für Holophylie.

Mosaik (engl.: mosaic, mosaicism): beschreibt in der Genetik und Phylogenetik einen speziellen Zustand des genetischen Polymorphismus, bei dem mehrere Gen- oder Stammeslinien in einem Organismus zusammenlaufen. Genetische Mosaik sind die natürliche Folge retikulater Evolution.

Phänotyp: das physische (anatomisch-morphologische) Erscheinungsbild eines Organismus, bis heute Grundlage der meisten akzeptierten Arten (Kasten „Artkonzepte“). Eine „gute“ Art zeichnet sich durch eine hohe Korrelation (Kohärenz) zwischen Phänotyp(en) und Genotyp(en) aus [21]. Bei Pflanzen ist der Phänotyp z. T. durch den Genotyp bedingt, z. T. durch Standort-/Umweltparameter (Stichwörter: Genexpression, Epigenetik). Lassen sich genetisch klar isolierte Arten phänotypisch nicht trennen, spricht man von kryptischen Arten.

Phylogenetik: Im 19. Jh. entstandene Teildisziplin der Biologie (u. a. Charles Darwin, Albert Gaudry, Franz Hilgendorf), die sich mit der Stammesgeschichte und damit mit der Entstehung und

Historie (Evolution) der Biodiversität befasst. Die Begriffe „Phylogenie“, „mono-“ und „polyphyletisch“ werden Ernst Haeckel zugeschrieben [26]. Häufig fälschlicherweise [18] gleichgesetzt mit der Kladistik, der dominierenden Schule innerhalb der phylogenetisch-biologischen Systematik der 2. Hälfte des 20. Jh. (Willi Hennig, Norman Platnick, Steve Farris).

phylogenetischer Baum: Das Standardmodell der Phylogenetik ist der **Artbaum** (engl.: species tree), bei dem es keine Anastomosen (Artverschmelzungen) oder Vernetzungen (Genfluss zwischen Arten) gibt (dichotome Evolution). Der erste bekannte phylogenetische (Art-)Baum findet sich in der Hilgendorfs Dissertation aus dem Jahr 1863. In derselben Arbeit konzeptualisierte Hilgendorf auch ein erstes phylogenetisches Netzwerk [28]. Der erste numerische (errechnete) phylogenetische Baum wurde 94 Jahre später von Charles Michener und Robert Sokal publiziert [29].

phylogenetische Linie (engl. lineage): In der Phylogenetik ein allgemein verwendeter Begriff für eine evolutionäre Verwandtschaftsgruppe (Arten, Gattungen, etc.; Gene und deren Sequenzvarianten), die sich auf einen gemeinsamen Vorfahren (engl. common ancestor) zurückführen lassen (Monophylum). In der Kladistik synonym mit **Klade** (engl. clade)/Holophylum bzw. eine Untereinheit davon.

phylogenetisches Netzwerk: Jeder phylogenetische Graph (Rekonstruktion), der Anastomosen und Vernetzungen zeigt; eine Verallgemeinerung des phylogenetischen Baums. Einfachste phylogenetische Netzwerke bestehen aus dichotomen Verzweigungen und Anastomosen, z. B. als Folge von Introgression und Hybridisierung (Abbildung 7). Die Metapher für das resultierende **Artnetzwerk** (engl.: species network) ist die **Koralle** (Stichwort: Coral of Life, https://en.wikipedia.org/wiki/Coral_of_Life).

Polymorphismus: In der Genetik der Überbegriff für jede Form genetischer Variation innerhalb eines Genoms, einer Population oder Art (Mosaik). Genetischer Polymorphismus ist die Grundlage für Heterosiseffekte.

sympatrisch: Im selben Gebiet vorkommende, in Kontakt stehende Arten sind sympatrisch. Bei Pflanzen kann Allopolyploidisierung infolge von Hybridisierung zur sympatrischen Artbildung führen genauso wie die zeitliche Verschiebung der Blüte bzw. des Pollenflugs. Demgegenüber steht die **allopatriische** Artbildung durch Gendrift infolge von geographischer und reproduktiver Isolation.

Teilbaum (engl. subtree): Teil eines Baumgraphen (Stichwort: Graphentheorie); in der Phylogenie definiert durch eine Kante (edge, internode) im phylogenetischen Baum. In gewurzelten phylogenetischen Bäumen synonym mit clade; die Innengruppe entspricht dem Teilbaum, der durch die Innengruppen-Wurzel definiert wird (Abbildung 7a).

vernetzte Evolution (engl.: reticulate evolution): inkludiert alle Mechanismen der nicht-dichotomen Artbildungs-/Evolutionprozesse: Allopolyploidisierung, Hybridisierung, Introgression (Abbildung 7); vernetzte Evolution kann nur durch ein Artnetzwerk (→ phylogenetisches Netzwerk) dargestellt werden.

WIE VIELE BUCHENARTEN GIBT ES WELTWEIT?

Betrachtet man eine Art als eine Gruppe von Populationen, die man als zusammengehörig erkennen und diagnostizieren kann [21], gibt es weltweit nicht nur 8, sondern bis zu 14 Buchenarten. Im Fall der westeurasischen Buchen (*F. sylvatica* i. w. S.) stellen die östlichen Vertreter, die iranische *F. orientalis*, eine eigenständige Art dar, die sich morphologisch und genetisch gut charakterisieren lässt (eine sogenannte „pseudo-kryptische“ Art, siehe ► kryptische Artbildung). Eine weitere Art sind wahrscheinlich die kaukasischen Buchen (*F. orientalis* s. str.), unter Umständen auch die Buchen der Nur-Berge in der Südosttürkei [15, 23]. Die westliche *F. orientalis* (N. O. Griechenland, S. O. Bulgarien, N. W. Türkei) kann sowohl als Unterart von *F. sylvatica* i. e. S. als auch als Schwesterart bezeichnet werden. Die mexikanischen Reliktbuchen, *F. grandifolia* subsp. *mexicana*, stellen einen ähnlichen Grenzfall dar: Ihre einzigartige Blattmorphologie ist vermutlich durch Umweltfaktoren bedingt. Ihre Kerngenome inkludieren jedoch vor allem ursprüngliche Genvarianten, die in ihrer weitverbreiteten, nicht vom Aussterben bedrohten Schwester *F. grandifolia* (s. str.) verloren gegangen sind [4, 6]. Sollten die Populationen wieder in Kontakt kommen, würden sie höchstwahrscheinlich wieder zu einer homogenen Art werden. *Fagus hayatae* s. l. (inkl. subsp. *pashanica*) und *F. engleriana*-*multinervis* sind hingegen Beispiele für ► kryptische Artbildung: Die jeweils beiden, bisher rein geographisch definierten (Unter-)Arten sind genetisch klar getrennt, aber morphologisch nicht unterscheidbar. Beurteilt man das derzeitige Artkonzept der Buchen, wird ihre Artenvielfalt in Nordamerika vermutlich unterschätzt und im westlichen Eurasien ignoriert (Auftrennung von *F. sylvatica* und die unterschiedlichen Linien von *F. orientalis*), während in Ostasien die Arten biologische Einheiten unterschiedlichster Qualität darstellen. Interessant ist, dass alle bisher untersuchten Buchenarten eine generell höhere innerartliche Diversität zeigen als die meisten anderen Baumarten der temperaten Zone.

Europas besiedelt haben, stellen die iranischen und vermutlich auch die kaukasischen *F. orientalis*-Populationen die eigentliche Genressource dar.

Zusammenfassung

Die Buche (Gattung *Fagus*) ist einer der bekanntesten Laubbäume der nördlichen Hemisphäre. An Hand zahlreicher Fossilien lässt sich ihre Geschichte bis in die späte Kreide (~ 80 Millionen Jahre) zurückverfolgen. Wegen ihrer komplexen Genetik und der relativ wenigen akzeptierten Arten, ist sie von Stammbaumforschern weitgehend unbeachtet geblieben. Dabei ist sie ein Modell für die bei Pflanzen häufig zu beobachtende „vernetzte Evolution“. Arten entstehen und vergehen im Widerspiel von Genfluss und Gendrift. Dabei wird Genmaterial über die Artgrenzen hinweg ausgetauscht. Die heutigen Arten sind das Produkt einer dynamischen Vergangenheit, die von globalen Prozessen (Tektonik, Klimawechsel) beeinflusst wurde. In ihren Kerngenomen und Plastidengenomen tragen die heutigen Buchenarten zahlreiche Hinweise auf frühere zwischenartliche Kontakte (Hybridbildung). In diesem Artikel fassen wir die neusten

Erkenntnisse zur stark vernetzten Evolution der Buchenarten Europas und Asiens zusammen.

Summary

Beech trees – a Eurasian mosaic of species

Beech (genus *Fagus*) is one of the best-known deciduous trees in the northern hemisphere. On the basis of numerous fossils, its history can be traced back to the Late Cretaceous period (c. 80 million years ago). Possibly because of its complex genetics and only a few accepted species, it has remained largely unnoticed by systematists and phylogeneticists. At the same time however, it is the key model for reticulate evolution, a common phenomenon in plant speciation. Species emerge and disappear (become extinct) due to the interaction of gene flow and gene drift. In the course of this process, genetic material is exchanged between species. Current species are the product of a dynamic past which was influenced by global processes such as tectonics and climate change. As a result, the nuclear and plastid genomes of current beech species carry diverse traces of earlier interspecific contacts (hybridization). They are genetic mosaics reflecting the dynamic history of their genus. This article summarizes the newest insights into the complex, highly reticulate evolution of beech species in Europe and Asia.

Schlagworte

Artbildung, vernetzte Evolution, Windbestäubung

Literatur

- [1] J. Mallet (2008). Hybridization, ecological races, and the nature of species: empirical evidence for the ease of speciation. *Phil. Trans. Roy. Soc. London B* 363, 2971–2986.
- [2] R. A. Volkov et al. (2017). Evolutional dynamics of 45S and 5S ribosomal DNA in ancient allohexaploid *Atropa belladonna*. *BMC Plant Biol.* 17, Dok. Nr. 21 [E-Publ.].
- [3] Bundesanstalt für Naturschutz (2018). Rote Liste gefährdeter Tiere, Pflanzen und Pilze Deutschlands. *Naturschutz Biol. Vielfalt Heft 10, Band 7: 1–778.*
- [4] S. Cardoni et al. (2022). 5S-IGS rDNA in wind-pollinated trees (*Fagus* L.) encapsulates 55 million years of reticulate evolution and hybrid origins of modern species. *The Plant J.* 109: 909–926.
- [5] H. Zwander (1997). Untersuchungen zum Pollenflug in der freien Landschaft. *Carinthia II* 187, 423–445.
- [6] L. Jiang et al. (2021). Phylogeny and biogeography of *Fagus* (Fagaceae) based on 28 nuclear single/low-copy loci. *J. Syst. Evol.* DOI:10.1111/jse.12695.
- [7] A. L. Hipp et al. (2020). Genomic landscape of the global oak phylogeny. *New Phyt.* 226, 1198–1212.
- [8] T. Denk, B. Meller (2001) Systematic significance of the cupule/nut complex in living and fossil *Fagus*. *Int. J. Plant Sci.* 162, 869–897.
- [9] V. Hemleben et al. (2022). Personal perspectives on plant ribosomal RNA genes research: from precursor-rRNA to molecular evolution. *Front. Plant Sci.* 12, Dok. Nr. 3027 [E-Publ.].
- [10] T. Denk and G. W. Grimm (2009). The biogeographic history of beech trees. *Rev. Palaeobot. Palynol.* 158, 83–100.
- [11] J. R. P. Worth et al. (2021). Chloroplast genome sequencing reveals complex patterns of ancient and recent chloroplast sharing in Japanese *Fagus*. *Präsentation. ResearchGate* DOI:10.13140/RG.2.2.10679.24485.
- [12] S. S. Renner et al. (2016). Species relationships and divergence times in beeches: New insights from the inclusion of 53 young and old fossils in a birth-death clock model. *Phil. Trans. Roy. Soc. B* 371, Dok. Nr. 20150135 [E-Publ.].

- [13] C. R. Scotese, A. J. Boucot, C. Xu (2014). Atlas of Phanerozoic climatic zones (Mollweide Projection), Volumes 1-6. PALEOMAP Project PaleoAtlas for ArcGIS. PALEOMAP Project, Evanston, IL.
- [14] D. Gömöry et al. (2018). Phylogeny of beech in western Eurasia as inferred by approximate Bayesian computation. *Acta Soc. Bot. Poloniae* 87, Dok. Nr. 3582 [E-Publ.]
- [15] D. Gömöry, L. Paule (2010). Reticulate evolution patterns in western-Eurasian beeches. *Bot. Helv.* 120, 63–74.
- [16] D. Dagtekin et al. (2020). Past, present and future distributions of Oriental beech (*Fagus orientalis*) under climate change projections. *PLoS ONE* 15, Dok. Nr. e0242280 [E-Publ.].
- [17] E. Stackebrandt, B. M. Goebel (1994). Taxonomic note: a place for DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 44, 846–849.
- [18] J. Felsenstein (2004). *Inferring phylogenies*. Sinauer Associates Inc., Sunderland, MA.
- [19] T. A. C. Reydon, W. Kunz (2019). Species as natural entities, instrumental units and ranked taxa: new perspectives on the grouping and ranking problems. *Biol. J. Linn. Soc.* 126, 623–636.
- [20] J. Mallet (2010). Why was Darwin's view of species rejected by twentieth century biologists? *Biol. Philos.* 25, 497–527.
- [21] J. Mallet (1995). A species definition for the Modern Synthesis. *Trends Ecol. Evol.* 10, 294–299.
- [22] J. Mallet (2001). The speciation revolution. *J. Evol. Biol.* 14, 887–888.
- [23] T. Denk (1999). The taxonomy of *Fagus* in western Eurasia, 1: *Fagus sylvatica* subsp. *orientalis* (= *F. orientalis*). *Feddes Repert.* 110, 177–200.
- [24] T. Ribeiro et al. (2011). Evolution of rDNA FISH patterns in the Fagaceae. *Tree Genet. Genomes* 7, 1113–1122.
- [25] B. M. Fitzpatrick, H. B. Shaffer (2007). Hybrid vigor between native and introduced salamanders raises new challenges for conservation. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 15793–15798.
- [26] E. Haeckel (1866). *Generelle Morphologie der Organismen*. Georg Reiner, Berlin.
- [27] P. D. Ashlock (1971). Monophyly and associated terms. *Syst. Zool.* 20, 63–69.
- [28] D. A. Morrison (2016). Genealogies: pedigrees and phylogenies are reticulating networks not just divergent trees. *Evol. Biol.* 43, 456–473.
- [29] C. D. Michener, R. R. Sokal (1957). A quantitative approach to a problem in classification. *Evolution* 11, 130–162.

Internetanschriften

- Peter Stevens Angiosperm Phylogeny Website, eine umfassende Sammlung aller Forschung zur Evolution und Phylogenie der Blütenpflanzen (Angiospermen): <https://www.mobot.org/mobot/research/apweb/>
- Baum als graph-theoretisches Konzept: [https://de.wikipedia.org/wiki/Baum_\(Graphentheorie\)](https://de.wikipedia.org/wiki/Baum_(Graphentheorie))
- Christopher Earles The Gymnosperm Database, die Daten- und Wissensbank für Nadelbäume und andere Nacktsamer: <https://www.conifers.org/>
- Global Biodiversity Information Facility sammelt Standortdaten zu allen Pflanzen und Tieren: <https://www.gbif.org/>
- Genealogical World of Phylogenetic Networks, wissenschaftlicher Blog (derzeit inaktiv) initiiert von David Morrison rund um phylogenetische Netzwerke und Methoden inklusive ihrer Geschichte bis hin zu Charles Darwin: <https://phylonetworks.blogspot.com/>
- Tree of Life webpage, der Baum des Lebens basierend auf zahlreichen phylogenetischen (meist kladistischen) Baum-Analysen: <http://tolweb.org/tree/phylogeny.html>

- Who is Who in Phylogenetic Networks von Phillipe Gambette und Mitarbeitern sammelt Literatur, Forschungsaktivitäten und Computer-Programme rund um das Thema phylogenetische Netzwerke: <https://phylnet.univ-mlv.fr/>
- Sämtliche in diesem Artikel verwendeten Fachbegriffe (siehe Glossar) und erwähnten Arten können auch auf der deutschen und englischen Wikipedia nachgeschlagen werden.
- Daten- und Bildzugang über figshare (wiederverwendbar über Creative Commons Lizenz CC-BY): <https://doi.org/10.6084/m9.figshare.16803481> und <https://doi.org/10.6084/m9.figshare.11603547>

Weitere Blogposts

Weiterführende Blogposts mit Schaubildern von G. Grimm (frei verwendbar unter CC-BY Lizenz) und D. Morrison zur Thematik

- The first Darwinian evolutionary tree: <https://phylonetworks.blogspot.com/2013/06/the-first-darwinian-evolutionary-tree.html>
- The challenging and puzzling ordinary beech – a (hi)story <https://researchinpeace.blogspot.com/2018/04/the-challenging-and-puzzling-ordinary.html>
- Cladistics vs Phylogenetics: What's the difference? <https://researchinpeace.blogspot.com/2018/11/cladistics-vs-phylogenetics-whats.html>
- Can we depict the evolution of highly conserved genes, such as the ribosomal RNA genes: <https://phylonetworks.blogspot.com/2019/02/can-we-depict-evolution-of-highly.html>
- A fully resolved, and perfectly misleading, species tree: <https://researchinpeace.blogspot.com/2021/09/a-fully-resolved-and-perfectly.html>
- Monophyletic species: <https://researchinpeace.blogspot.com/2021/12/monophyletic-species.html>

Verfasst von:



Prof. Dr. Dr. h. c. Ernst-Detlef Schulze studierte Forstwissenschaften und Biologie, arbeitete als Professor für Pflanzenökologie an der Uni Bayreuth, bevor er als Gründungsdirektor das Max-Planck-Institut für Biogeochemie in Jena aufbaute.



Guido W. Grimm studierte Chemie, Geologie und Biologie in Tübingen, wo er 2003 über phylogenetische Genetik in der Paläontologie promovierte. Danach forschte er in Tübingen (DFG-), Stockholm (VR-) und Wien (FWF-finanziert), bis er 2017 mangels langfristiger beruflicher Perspektiven aus der professionellen Wissenschaft ausschied. Homepage: www.palaeogrimm.org

Korrespondenz

Prof. Dr. Dr. h. c. Ernst Detlef Schulze
Max Planck Institut für Biogeochemie
Postfach 100164
07701 Jena
E-Mail: dschulze@bgc-jena.mpg.de



Hydra hilft den Blick auf die Interaktion von
Mikroben und Nervenzellen zu vertiefen

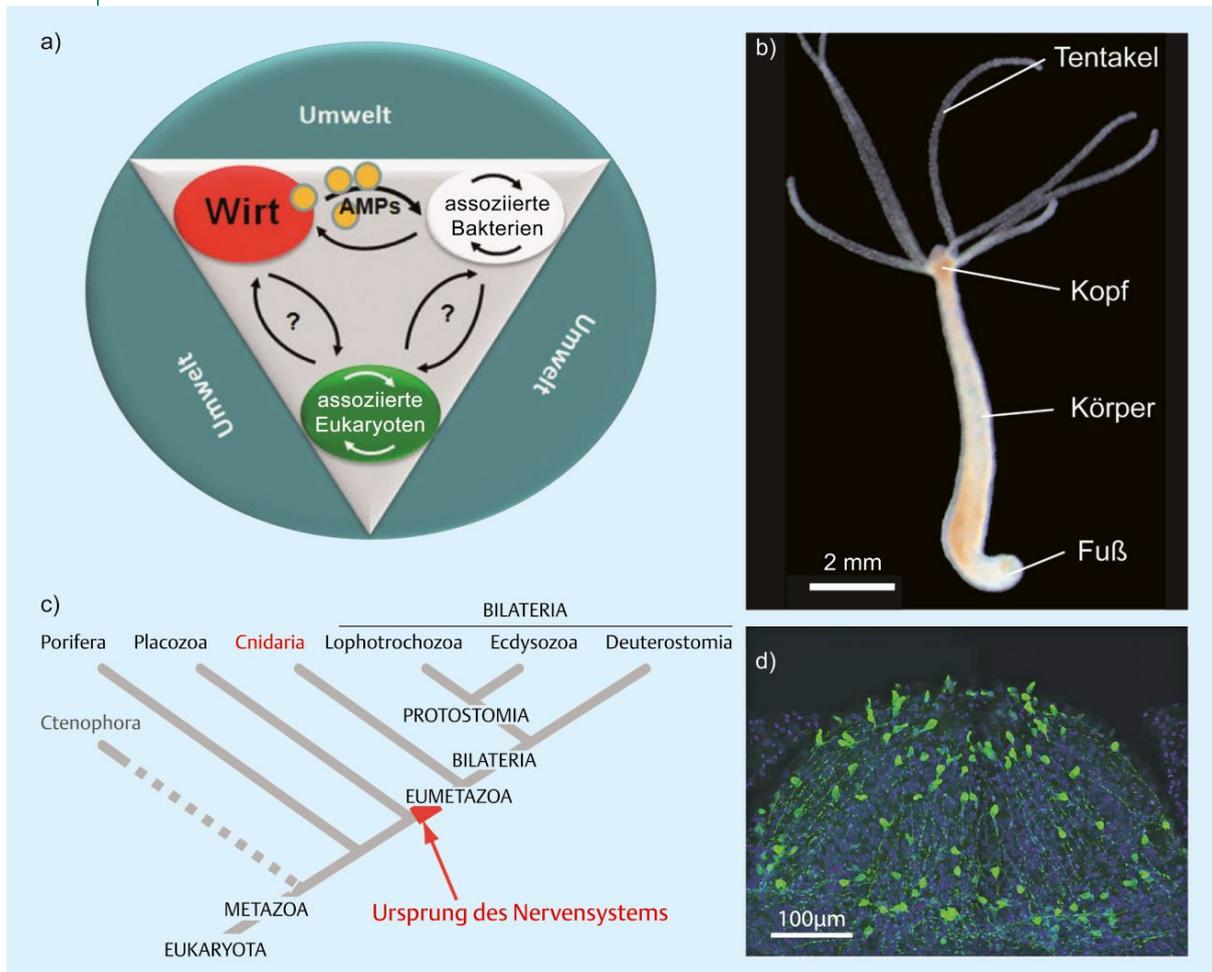
Wenn das Mikrobiom den Nerven trifft

CHRISTOPH GIEZ | THOMAS C. G. BOSCH

Mikroben besiedeln die meisten tierischen Epithelien und beeinflussen die Aktivität vieler Organe einschließlich des Nervensystems. Jede Betrachtung der Entwicklung und Funktion des Nervensystems ohne Berücksichtigung des Mikrobioms bleibt daher unvollständig. Moderne molekulare und bildgebende Verfahren am Modellsystem Hydra versprechen ein umfassendes Verständnis der Leistungsfähigkeit eines einfachen Nervensystems im Kontext des Metaorganismus.

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 360 erklärt.

Nervensysteme ermöglichen es Tieren, Signale aus der Umwelt wahrzunehmen und auf sie zu reagieren. Neue Technologien wie Sequenzierung und Bildgebung haben enthüllt, dass eine wichtige Komponente der unmittelbaren Umgebung vieler, wenn nicht aller Organismen, kolonisierende und ko-evolierte Mikroben sind [1, 2]. ► Mikroben haben die Erde schon Milliarden von Jahren vor der „Erfindung“ eines Nervensystems geprägt – und sie prägen sie auch weiterhin. Die Evolution der Tiere scheint daher eng mit dem Vorhandensein von Mikroben verbunden zu sein. Die Betrachtung von Organismen als ► „Metaorganismen“ oder „Holobionten“ (Abbildung 1) berücksichtigt diesen Einfluss der mikrobiellen Welt und versucht, die Neurowissenschaften in den Gesamtkontext der unmittelbaren Umgebung eines Individuums zu heben [3, 4].

ABB. 1 | DER SÜSSWASSERPOLYP HYDRA ALS METAORGANISMUS


a) Das Individuum als Metaorganismus bestehend aus einem makroskopischen Wirt mit einem Nervensystem und Millionen von interagierenden Mikroorganismen. AMPs = Antimikrobielle Peptide. b) Der Süßwasserpolymp Hydra. c) Nervensysteme entwickelten sich in einer marinen Umgebung zu Beginn des tierischen Lebens und diversifizierten sich während der „kambrischen Explosion“ vor 540–510 Millionen Jahren, einem der spektakulärsten Ereignisse in der Geschichte des Lebens. d) Das Nervensystem von Hydra ist ein einfaches Nervennetz, das sich um den Mundbereich stark konzentriert.

Neuronen und Mikrobiom interagieren miteinander

Frühere Studien zeigen, dass ein spezifisches ► Mikrobiom die Physiologie und Neurochemie des zentralen Nervensystems (ZNS) beeinflussen kann [5]. Durch eine Behandlung mit Breitbandantibiotika wurden hierfür ► keimfreie (KF) Tiere erzeugt, deren Mikroben vollständig eliminiert sind, oder Tiere wurden unter absolut keimfreien Bedingungen geboren und aufgezogen. In sich entwickelnden Mäuseembryonen ist die Proliferation von Neuronen im dorsalen Hippocampus bei KF-Mäusen größer als bei konventionellen Mäusen. KF-Mäuse, denen das zugehörige Mikrobiom fehlt, zeigen neurologische Defizite in den Bereichen Lernen, Gedächtnis, Erkennen und emotionales Verhalten [6]. Das Mikrobiom beeinflusst aber nicht nur das ZNS, sondern auch das enterische Nervensystem, ein komplexes Geflecht aus Nervenzellen, das nahezu den

gesamten Gastrointestinaltrakt durchzieht. Die den Darm besiedelnden Mikroben üben einen direkten Einfluss auf die Genaktivierung in den enterischen Neuronen aus [7].

IN KÜRZE

- **Mikroben besiedeln die meisten tierischen Epithelien und beeinflussen die Aktivität vieler Organe einschließlich des Nervensystems.**
- **Die Evolution der Tiere ist eng mit dem Vorhandensein von Mikroben verbunden.**
- **Interaktionen zwischen dem Mikrobiom und den Neuronen fanden bereits zu Beginn der Evolution der Tiere statt.**
- **Jede Betrachtung der Entwicklung und Funktion des Nervensystems ohne Berücksichtigung des Mikrobioms bleibt unvollständig.**
- **Der Süßwasserpolymp Hydra mit seinem einfachen Nervennetz hat sich als hervorragendes Modell erwiesen für die Untersuchung von Wirt-Mikroben-Interaktionen und der Weise, wie Metaorganismen in vivo funktionieren.**

Mäuse, die unter sterilen Bedingungen gehalten werden, zeigen eine verringerte Erregbarkeit der enterischen Neurone, was zu einer langsameren Darmperistaltik und einer verlängerten Darmtransitzeit führt. Interessanterweise stellt die Besiedlung erwachsener KF-Mäuse mit Mikroben aus dem Darm von Tieren, die unter Standard-Laborbedingungen gehalten werden, die peristaltische Aktivität wieder vollkommen her [7].

Viele Studien konzentrieren sich auf das zentrale Nervensystem aus Rückenmark und Gehirn, da es an höheren kognitiven Funktionen und Verhaltensweisen beteiligt ist [6]. Auf der Suche nach den dafür verantwortlichen Mechanismen stellte sich heraus, dass insbesondere Axone, die den Thalamus und den Kortex des Gehirns verbinden, in Abwesenheit der Darmmikroben in Anzahl und Länge deutlich reduziert sind und die noch vorhandenen Axone zudem eine geringere Erregbarkeit aufweisen [8]. Über die mikrobiellen Signale, die diese neurogenen Prozesse regulieren, ist bislang nur wenig bekannt. Ein Molekül, dem dabei eine Schlüsselrolle zukommen mag, ist die aromatische und essenzielle Aminosäure Tryptophan, die der Körper nicht selbst produzieren kann. In der L-Form ist Tryptophan gleichzeitig Hormon- und Neurotransmittervorstufe für die Synthese von Serotonin, Melatonin und Nicotinsäure (Niacin) und somit wesentlich an wichtigen Körperfunktionen beteiligt. An Labormäusen konnte beobachtet werden, dass Tryptophan-metabolisierende Darmmikroben Indole sezernieren, die die Neurogenese im erwachsenen Hippocampus regulieren [9] und zur Bildung einer stabilen Achse zwischen Darm, Gehirn und Mikrobiom beitragen.

Die meisten, wenn nicht alle dieser Studien zur Natur und Funktion der sogenannten Darm-Hirn-Achse wurden an Labormäusen durchgeführt. Es stellt sich daher die berechnete Frage, wie relevant solche Beobachtungen für unser Verständnis der Neurobiologie im Allgemeinen sind. Hier kann ein vergleichender Blick in Nervensysteme von Tieren, die stammesgeschichtlich uralt sind, nützlich sein. Im Folgenden zeigen wir, dass ähnliche Interaktionen zwischen dem Mikrobiom und den Neuronen bereits zu Beginn der Evolution der Tiere stattfanden. Aus evolutionärer Sicht ist die Entdeckung einer Interaktion von Darmmikroben mit dem Nervensystem der Maus daher keine Überraschung. Die Interaktionen zwischen Tieren, deren Nervenzellen und Mikroben sind wahrscheinlich so alt wie die Tiere selbst [10]. Und noch etwas lehrt uns der Blick auf die frühe Evolution der Tiere: Da Neuronen auch in Tieren, die noch kein zentrales Nervensystem besitzen, in engem Austausch mit dem Mikrobiom stehen, scheint das komplexe Geflecht des enterischen Nervensystems das stammesgeschichtlich ursprüngliche zu sein [11, 12].

Hydra als Modellorganismus zum Studium von Neuron-Mikrobiom-Interaktionen

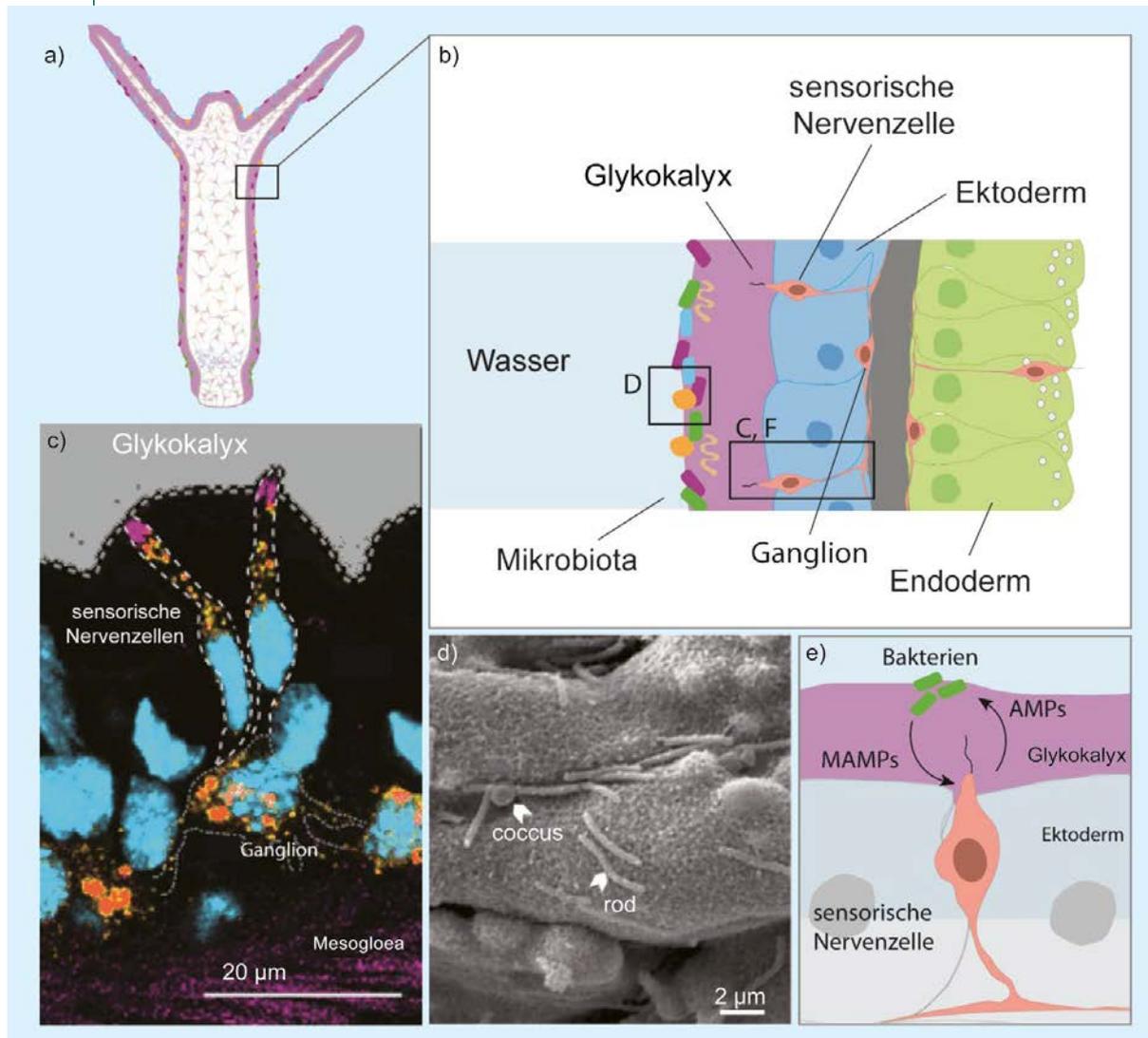
Der Süßwasserpolymp *Hydra* ist ein Mitglied des Tierstamms der Nesseltiere, dessen Vertreter eines der evolu-

tionsgeschichtlich ältesten Nervensysteme entwickelten (Abbildung 1). Die Tatsache, dass die meisten der in den bilateralsymmetrisch aufgebauten Tieren (Bilateria) vorkommenden Genfamilien auch in den radiärsymmetrischen Nesseltieren aktiv sind, macht sie zu einem geeigneten Modellsystem für die Untersuchung des „genetischen Werkzeugkastens“, der bei den Vorfahren der Nesseltiere und Bilateria für die Entstehung und Funktion eines Nervensystems verantwortlich war. Dazu gehört neben spezifischen Transkriptionsfaktoren auch ein reiches Repertoire an Ionenkanälen, synaptischen Proteinen, kleinen Neurotransmittern, Neuropeptiden, Rezeptoren und den dazugehörigen Signaltransduktionskaskaden.

Der rund ein Zentimeter große *Hydra*-Polyp besitzt einen einfachen und schlauchförmigen Körper, dessen Mundöffnung von Fangarmen, Tentakel genannt, umgeben ist (Abbildung 1b). Die Außenschicht, die von einer komplexen ► Glykokalyx (Schleimschicht aus Oligosaccharidketten auf der Außenseite aller Zellen) bedeckt ist, besteht aus ektodermalen Epithelmuskelzellen und stellt eine physische Barriere gegenüber der äußeren Umgebung dar. Getrennt durch eine gallertige Stützschicht (Mesogloea) trennt die Innenschicht aus endodermalen Epithelmuskelzellen den Körper vom Inhalt der Gastralhöhle. Das anatomisch einfache Nervensystem (Abbildung 1d) besteht in einem adulten Polypen aus einem Geflecht von etwa 3000 Neuronen, die zu zwei morphologischen Typen gehören: sensorische Nervenzellen und Ganglienzellen. Die Nervenzellen differenzieren sich kontinuierlich aus den multipotenten interstitiellen Stammzellen und bilden zwei scheinbar autonome Nervennetze, die in die ektodermale und endodermale Epithelschicht eingebaut sind [10]. Da *Hydra* sich ungeschlechtlich und kontinuierlich durch Knospung vermehrt, findet auch in einer erwachsenen *Hydra* eine kontinuierliche Neurogenese statt, um die Homöostase des Gewebes aufrechtzuerhalten. Eine spannende und bis heute nicht vollkommen beantwortete Frage ist daher, wie in einem sich kontinuierlich selbsterneuernden Körper ein spezifisches Nervensystem aufrechterhalten werden kann.

Hydra ist besiedelt von Mikroorganismen

Zu unserer Überraschung und dank neuartiger Sequenzierungstechnologien entdeckten wir vor einiger Zeit [13], dass die äußere Epitheloberfläche von *Hydra* dicht mit einer stabilen, artenreichen Bakteriengemeinschaft besiedelt ist (Abbildung 2) (siehe auch Biuz 5/2012). Das Vorhandensein und die Zusammensetzung der ► Mikrobiota von *Hydra* ist entscheidend für die Gewebehomöostase und die Gesundheit der Polypen [14, 15]. Seit dieser Entdeckung hat sich *Hydra* als hervorragendes Modell für die Untersuchung von Wirt-Mikroben-Interaktionen und der Funktion von Metaorganismen *in vivo* erwiesen [16, 17]. Bemerkenswerterweise unterstützt jede *Hydra*-Art langfristige Assoziationen mit einer anderen Gruppe von Bakterien, was darauf hindeutet, dass der Wirt einen spe-

ABB. 2 | SYMBIOTISCHE MIKROORGANISMEN INTERAGIEREN MIT DEM NERVENNETZ VON HYDRA


a) Schematische Darstellung eines mit Bakterien besiedelten Polypen. **b)** Schematische Darstellung der Gewebestruktur der *Hydra*. Die symbiotischen Bakterien besiedeln die Glykokalyx und stehen in direktem Kontakt mit den ektodermalen sensorischen Nervenzellen. **c)** Fluoreszenzmikroskopische Großaufnahme von zwei sensorischen Nervenzellen, die ein antimikrobielles Peptid sezernieren (hier in orange eingefärbt) und mit ihren Fortsätzen in die Glykokalyx reichen. In blau sind die Zellkerne angefärbt. **d)** Elektronenmikroskopische Großaufnahme von Bakterien, die die ektodermale Außenschicht besiedeln. Kokke (*coccus*) und Stäbchen (*rod*) bezeichnen einzelne Bakterien. **e)** Schematische Darstellung der Interaktion einer Nervenzelle mit symbiotischen Bakterien. AMPs = antimikrobielle Peptide, MAMPs = *microbe associated molecular patterns*. Abb. 2c modifiziert nach [21].

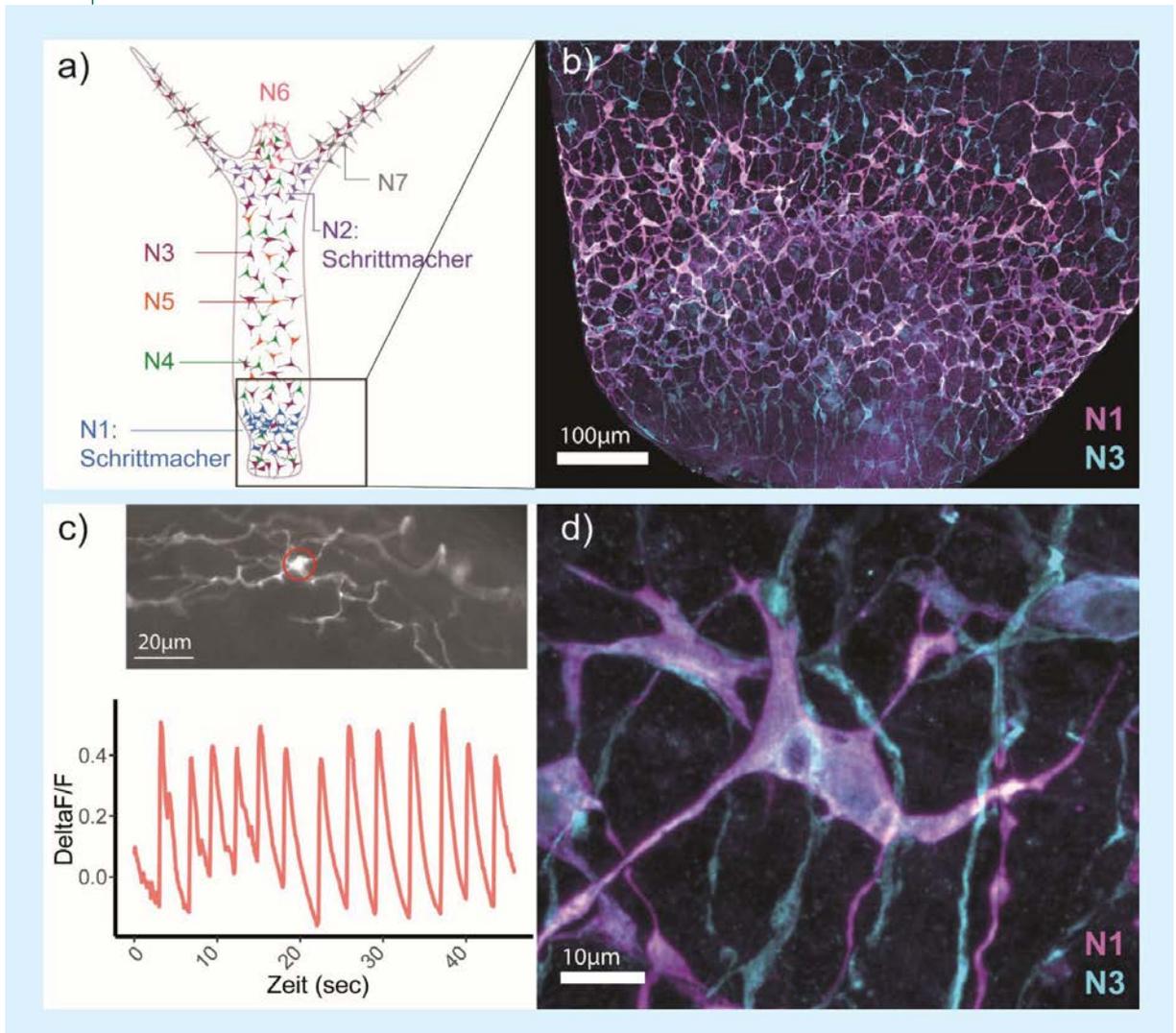
zifischen Selektionsdruck auf sein Mikrobiom ausübt. Sowohl ekto- als auch endodermale Epithelmuskelzellen produzieren ein reiches Repertoire an ▶ antimikrobiellen Peptiden, die das Mikrobiom regulieren [18, 19]. Obwohl wir ursprünglich die Epithelzellen als Hauptregulatoren des Mikrobioms betrachtet hatten, zeigte sich bald, dass auch Nervenzellen an der lokalen Kontrolle des Mikrobioms teilnehmen [20]. Mikroben leben nicht nur in unmittelbarer Nähe des diffusen Nervennetzes des Polypen. Zwischen dem Polypen und seinem Mikrobiom besteht auch eine rege Interaktion. Die Mikroorganismen üben Einfluss auf die Funktion der Nervenzellen aus. Und die

Nervenzellen sezernieren antimikrobielle Neuropeptide, mit denen sie sowohl die Zusammensetzung als auch die räumliche Verteilung (mikrobielle Biogeographie) der Mikroben entlang der Körpersäule regulieren (Abbildung 2e) [12].

Biochemische Analyse einzelner Neuronen: Wie treffen Bakterien den Nerv?

Um die einzelnen Neuronen von *Hydra* molekularbiologisch in der Tiefe zu verstehen, haben wir in den 3000 Nervenzellen eines erwachsenen Polypen jeweils die gesamte Genaktivität mit Hilfe der Einzelzell- ▶ RNA-Sequenzierungs-

ABB. 3 | FUNKTIONELLE *IN-VIVO*-ANALYSE DES NERVENNETZES MITTELS TRANSGENER NEURONEN UND CALCIUM-BILDGEBUNG

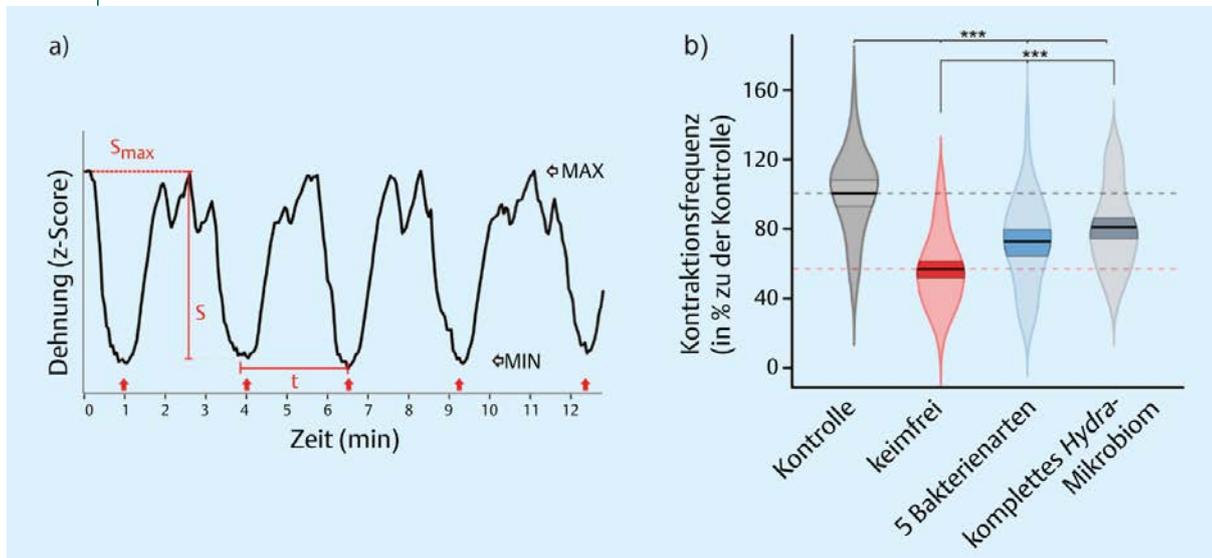


a) Die räumliche Verteilung der sieben unterschiedlichen neuronalen Populationen in *Hydra* (nach [11]). b) Die Nervenzellpopulation N1 im Fuß eines Polypen (N1: Magenta, pan-neuronal: Cyan), visualisiert mit einem spezifischen Antikörper. c) Messung der Nervenzellaktivität von einer Nervenzelle über eine bestimmte Zeit mit dem GCaMP6S-System, einem genetisch kodierten Calcium-Indikator. d) Mikroskopische Nahaufnahme einer N1-Nervenzelle aus dem Fuß eines Polypen. Im Nervennetz liegt die N1-Nervenzelle in unmittelbarer Nachbarschaft zu Nervenzellen der N3-Population.

technologie ermittelt. Die detaillierte molekulargenetische Analyse der einzelnen Nervenzellen zeigte [11], dass verschiedene Subpopulationen von Neuronen mit den Mitteln des angeborenen Immunsystems einen direkten Einfluss auf die Dichte und Zusammensetzung der ► symbiotischen Bakterien ausüben. Verschiedene Neurontypen, darunter auch die ► Schrittmacherneuronen (Abbildung 3), produzieren Neuropeptide, die eine hochselektive antimikrobielle Aktivität aufweisen und die Zusammensetzung und räumliche Verteilung der mikrobiellen Gemeinschaften auf dem *Hydra*-Körper verändern [11, 21]. Darüber hinaus produzieren Neuronen in *Hydra* viele Komponenten des angeborenen Immunsystems wie zum

Beispiel eine Reihe von ► MAMP-Rezeptoren. Die Expression von Toll- und NOD-ähnlichen Rezeptoren und auch vom C-Typ-Lektin in den Nervenzellen weist sie als immunkompetente Zellen auf. Nervenzellen interagieren also mit Hilfe der Werkzeuge des Immunsystems mit den symbiotischen Mikroben und spielen eine entscheidende Rolle bei der Stabilisierung des Metaorganismus *Hydra* [12]. Diese bidirektionale Interaktion zwischen Neuronen und symbiotischen Mikroben scheint stammesgeschichtlich konserviert zu sein und kann auch bei Wirbeltieren beobachtet werden.

Auf der Grundlage der unterschiedlichen Expression von Transkripten, die für Neurotransmitterrezeptoren,

ABB. 4 | BESTIMMTE VERHALTENSMUSTER SIND UNTER DER KONTROLLE DER SYMBIOTISCHEN BAKTERIEN


a) Rohdaten der Analyse der Kontraktionen. b) Spontane Kontraktionen der Körpersäule werden von Bakterien beeinflusst. Keimfreie Tiere haben eine deutlich geringere Kontraktionsfrequenz als Kontrolltiere. Mit der Zugabe von Bakterien kann der Effekt wieder rückgängig gemacht werden. Abb. modifiziert aus [25].

Ionenkanäle, Neuropeptide und Transkriptionsfaktoren kodieren, können die Nervenzellen von *Hydra* in verschiedene Cluster unterteilt werden, die Neuronen mit einzigartigen Funktionen umfassen [11, 22]. Die Verwendung Cluster-spezifischer Transkripte als molekulare Marker zeigte, dass bestimmte neuronale Klassen auf bestimmte Bereiche in der Körpersäule von *Hydra* beschränkt sind (Abbildung 3a). Eine dieser neuronalen Subpopulationen, die Population N2, befindet sich an der Basis der Tentakel und exprimiert nikotinische Acetylcholinrezeptoren sowie Gene, die für SCN-ähnliche Natriumkanäle, ANO1-ähnliche Chloridkanäle und TRPM-ähnliche Kationenkanäle kodieren. Als wir die Aktivität dieser Gene in *Hydra* blockierten, führte dies sofort zu einem drastischen Rückgang der rhythmischen Körperkontraktionen. Die Modulation der Aktivität dieser „Schrittmacherkanäle“ störte sowohl den Rhythmus als auch die Frequenz der spontanen Kontraktionen des *Hydra*-Körpers, was darauf hindeutet, dass sie von der spezifischen Kombination von Ionenkanälen abhängen. Aus diesem Grund sind wir überzeugt, dass diese N2-Neuronen als Schrittmacherzellen anzusehen sind. Sie steuern die Peristaltik und sind gleichzeitig in der Lage, Signale von Mikroorganismen wahrzunehmen und darauf zu reagieren (Abbildung 3d).

Was können neuronale Netzwerke in *Hydra* leisten?

Wahrnehmung und Reaktion auf Umweltreize werden in den meisten Vielzellern durch einen Komplex aus vielfach verbundenen Nervenzellen vermittelt. Obwohl die Schlüsselmechanismen der Informationsverarbeitung und deren Kommunikation auf zellulärer Ebene evolutionär konser-

viert sind, ist die Interaktion einzelner Akteure miteinander und mit der Umwelt noch immer unverstanden. Das Verhalten der *Hydra* wird seit Jahrhunderten untersucht. Es wurde erstmals 1744 von Trembley beschrieben [23] und umfasst sowohl spontane als auch durch Reize ausgelöste, reaktive Verhaltensweisen. Deren tiefes Verständnis steht im Mittelpunkt unserer derzeitigen Arbeiten. Zu den spontanen Verhaltensweisen gehören die rhythmischen spontanen Körperkontraktionen, die mit einer spezifischen elektrophysiologischen Aktivität, den so genannten Kontraktionsimpulsen, korreliert sind (Abbildung 4). Spontane Kontraktionen des Verdauungstrakts spielen bei fast allen Tieren eine wichtige Rolle. Von einfachen wirbellosen Tieren bis hin zum Menschen gibt es durchweg ähnliche Bewegungsmuster, durch die rhythmische Kontraktionen der Muskeln den Transport und die Durchmischung des Darminhalts erleichtern. Auslöser für die spontanen Kontraktionen des Muskelgewebes sind Schrittmacherzellen des Nervensystems. Sie geben in einem bestimmten Rhythmus und ohne äußere Stimulation elektrische Impulse ab, die schließlich die glatte Muskulatur der Darmwand erreichen und diese zur Kontraktion veranlassen. Obwohl die Impulse als solche autonom erfolgen, sind ihre Häufigkeit, Regelmäßigkeit und Intensität äußeren Einflüssen unterworfen. Die Faktoren, die der Steuerung dieser Impulse zugrunde liegen, sind noch nicht bekannt.

Ein ungestörter erwachsener *Hydra*-Polyp kontrahiert spontan mit einer Frequenz in der Größenordnung von 5–10 Kontraktionen pro Stunde (Abbildung 4a). Regelmäßigkeit und Häufigkeit dieser Kontraktionen reagieren sehr empfindlich auf Umweltbedingungen wie Lichtinten-

sität und -spektrum, Vorhandensein von Nahrung und Osmolarität. Die Kontraktionen werden durch Schrittmacherzellen elektrisch ausgelöst. Frühere extrazelluläre elektrophysiologische Aufzeichnungen [24] deuten darauf hin, dass die Schrittmacherzellen mit einer höheren Eigenfrequenz arbeiten als die Frequenz der Kontraktionsstöße, was auf die Existenz eines zusätzlichen Mechanismus oder Zelltyps schließen lässt, der ihre motorische Leistung weiterleitet. Da die Neuronen in unmittelbarem Kontakt zum Mikrobiom stehen (Abbildung 2), stellte sich die Frage, ob symbiotische Bakterien zu den spontanen Kontraktionen von *Hydra* beitragen.

Bakterien haben Einfluss auf das Muster spontaner peristaltischer Kontraktionen

Bei *Hydra* wird der neuronale Schaltkreis von Sinneszellen und Ganglienzellen initiiert, die die Effektoren, d. h. die multifunktionalen Epithelmuskelzellen, steuern. Um zusätzliche Komponenten der Kontrollmaschinerie zu identifizieren, erinnerten wir uns daran, dass das *Hydra*-Epithel von einer spezifischen Mikrobiota besiedelt wird, und verglichen *Hydra*-Polypen, die eine typische bakterielle Besiedlung aufwiesen, mit solchen, bei denen das Mikrobiom vollständig entfernt wurde [25]. In einem solchen Vergleich zeigten Polypen ohne bakterielle Besiedlung eine Verringerung der Kontraktionen um etwa die Hälfte (Abbildung 4b). Gleichzeitig wurde der Rhythmus der Bewegungen gestört, und die Pausen zwischen den Kontraktionen waren zum Teil deutlich länger. Das Fehlen des spezifischen Mikrobioms bei *Hydra* beeinträchtigte also die peristaltischen Bewegungen in der Körperhöhle. In einem weiteren Schritt stellten wir die spezifische bakterielle Besiedlung in den keimfreien Organismen wieder her. Zunächst brachten wir jede der fünf häufigsten Bakterienarten, die im *Hydra*-Mikrobiom vorkommen, einzeln wieder auf die sterilen Polypen aus. Es stellte sich heraus, dass diese individuelle bakterielle Besiedlung mit nur einer Art keinen nennenswerten Einfluss auf die Häufigkeit und den Zeitpunkt der Kontraktionen hat. Erst die gemeinsame Wiederbesiedlung mit den fünf Hauptvertretern des Mikrobioms führte zu einer deutlichen Verbesserung der Peristaltik, wenngleich sich auch dann das Kontraktionsmuster nicht vollständig normalisierte (Abbildung 4b). Unterstützt wurden diese Befunde durch die Beobachtung, dass ein aus den kolonisierenden Bakterien hergestellter Extrakt einen ähnlich positiven Einfluss hatte [25]. Zusammengenommen deuten diese Beobachtungen darauf hin, dass das natürliche und vollständige *Hydra*-Mikrobiom für eine normale Spontankontraktilität unerlässlich ist. Noch nicht identifizierte Moleküle, die von den Bakterien ausgeschieden werden, können in den Kontrollmechanismus der Schrittmacherzellen eingreifen. So können bakterielle Stoffwechselprodukte oder Signale einen entscheidenden Einfluss auf das Muster spontaner peristaltischer Kontraktionen haben. Interessanterweise gilt das nicht nur für den einfachen Süßwasserpolyphen. Ein

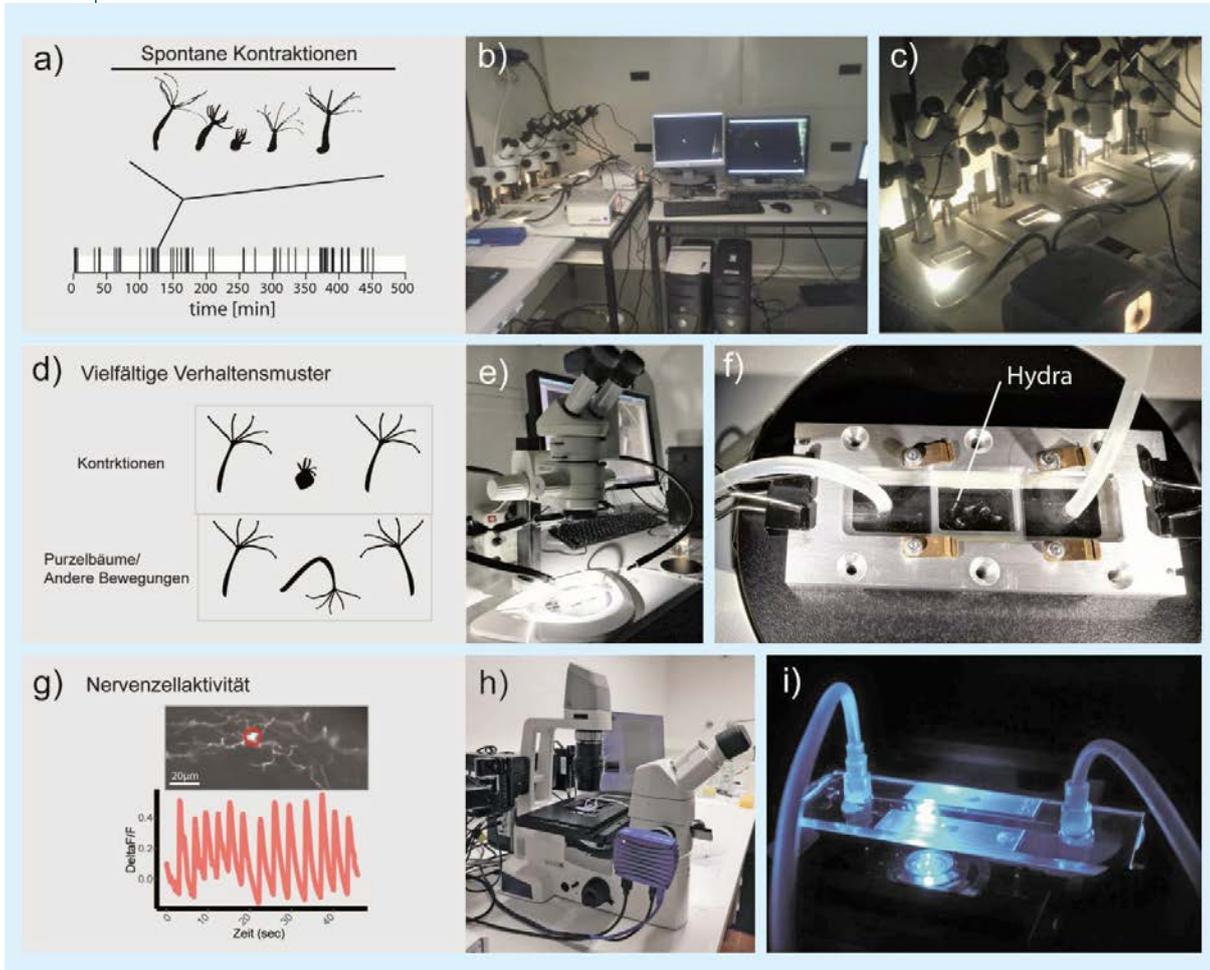
Vergleich der molekularen Architektur der Schrittmacherneuronen von *Hydra* mit dem pharyngealen Schrittmacherkomplex des Fadenwurms *Caenorhabditis elegans* und mit bestimmten Zellen im enterischen Nervensystem der Maus macht deutlich, dass es sich hier um eine stammesgeschichtlich konservierte Ausstattung von bestimmten Nervenzellen handelt [11]. Die peristaltische Aktivität des Darms erweist sich damit als ein evolutionär uraltes neurogenes Verhalten, das von mikrobiellen Signalen abhängt und lebensnotwendig ist.

Zusammengenommen decken diese Beobachtungen das Vorhandensein eines gemeinsamen, evolutionär konservierten Prinzips auf und unterstützen das sich abzeichnende Paradigma, dass die Kommunikation zwischen dem Nervensystem bzw. den Nervensystemen und dem Mikrobiom tatsächlich in beide Richtungen verläuft. Das Nervensystem empfängt Signale aus dem Mikrobiom, die das Verhalten und die Entwicklung des Wirts beeinflussen, und produziert andererseits Neuropeptide mit antimikrobieller Aktivität, um die Zusammensetzung und räumliche Anordnung der Mikroben zu kontrollieren. Neuronale oder verhaltensbezogene Entwicklungsprozesse sind also mindestens teilweise das Ergebnis von Partnerschaften mit Mikroben, die sich auf und in den Wirtsgeweben befinden. Angesichts der stetigen Wechselwirkung zwischen den Mikroben und Neuronen wird auch deutlich, dass ein wie auch immer aufgebauter neuronaler „Gen-Atlas“ [26] alleine nicht ausreicht, um komplexe neuronale Leistungen zu verstehen. Das Nervensystem ist vollständig in seine mikrobielle Umgebung integriert. Neuronen funktionieren nicht in Isolation und können sich vermutlich ohne mikrobielle Signale nicht einmal normal entwickeln [9].

Ein Blick in die *Hydra*-Experimentierwerkstatt

Trotz ihrer morphologischen Einfachheit zeigt *Hydra* ein erstaunlich reiches Verhaltensrepertoire wie zum Beispiel spontane periodische Kontraktionen und Ausdehnungen des Körpers und der Tentakeln, Kontraktionen als Reaktion auf mechanische Reize und Licht, komplexes Fressverhalten und Fortbewegung in einer Art von Purzelbäumen (Abbildung 5). An *Hydra* können daher spannende Fragen der vergleichenden Neurobiologie beantwortet werden (Kasten „Neurobiologische Fragen, die an *Hydra* beantwortet werden können“). Um diese zu beantworten, haben wir eine experimentelle Plattform entwickelt, mit der die Interaktionen zwischen Neuronen und Mikroben nicht nur auf einer deskriptiven Ebene beschrieben werden können, sondern die es auch ermöglicht, die zugrundeliegenden molekularen Mechanismen funktionell aufzudecken.

Zur experimentellen Analyse steht mittlerweile ein reichhaltiges Repertoire an Methoden zur Verfügung. Umfangreiche genomische und transkriptomische Datenbanken ergänzen die klassischen zellbiologischen Methoden der Zellzyklusanalyse und der Messung von Protein- und Genexpression. Daneben steht mit der Herstellung von

ABB. 5 | WIE WIR NEURONALE LEISTUNGEN UND VERHALTENSmuster IN HYDRA ANALYSIEREN, MESSEN UND BEWERTEN


a) Setup zur Analyse des Kontraktionsverhaltens. b) Überblick über das experimentelle Setup. c) Das Setup in Aktion während einer Aufnahme. d) Setup zur detaillierten Analyse von verschiedenen Verhaltensmustern. e) Das Setup während einer Aufnahme. f) Nahaufnahme einer mikrofluidischen Flusskammer (flow chamber) mit Hydren während eines Experiments. g) Setup zur Analyse der Nervenzellaktivität mit einem Fluoreszenzmikroskop. h) Das Fluoreszenzmikroskop in Aktion. i) Nahaufnahme einer mikrofluidischen Flusskammer während eines Experiments zur Analyse der Nervenzellaktivität. Abb. 5a nach [25].

transgenen Polypen durch Embryo-Mikroinjektion [27] ein wichtiges Werkzeug zur Verfügung, das die Möglichkeiten der *Hydra*-Forschung erheblich erweitert hat. Die Transgenese erlaubt es nicht nur, Neuronen *in vivo* zu markieren und optisch zu verfolgen. Transgene Polypen ermöglichen auch die funktionelle Analyse praktisch aller Gene in *Hydra*. Die Vielfalt der verfügbaren Konstrukte gewährleistet einen breiten Anwendungsbereich und macht neben der Überexpression von Genen auch konstitutive ► *Loss-of-function*-Analysen sowie konditionale Genmanipulationen und die Untersuchung von ► *cis*-regulatorischen Sequenzen möglich. Ergänzt durch kürzlich entwickelte Techniken zur molekularen Manipulation der symbiotischen Mikroorganismen [28] stehen damit experimentelle Ansätze zur Verfügung, die es erlauben, den Metaorganismus *Hydra* in seiner ganzen Komplexität zu untersuchen.

NEUROBIOLOGISCHE FRAGEN, DIE AN HYDRA BEANTWORTET WERDEN KÖNNEN:

- Wie werden aus Stammzellen stammende neuronale Vorläuferzellen in das Nervennetz eingebaut?
- Wie entstehen neuronale Ensembles und Netzwerke de novo?
- Wie funktionieren neuronale Schaltkreise?
- Welche Komponenten des Nervennetzes ermöglichen spontanes und reaktives Verhalten?
- Wie verändert sich das Verhalten durch umweltbedingte, physiologische, ernährungsbedingte oder pharmakologische Manipulationen?
- Welchen Einfluss hat das symbiotische Mikrobiom auf die Funktionalität des Nervensystems in *Hydra*?

GLOSSAR

Antimikrobielle Peptide (AMPs): Proteine mit kleiner Molekülmasse und breitem antimikrobiellen Wirkungsspektrum gegen Bakterien, Viren und Pilze. Diese Peptide sind in der Regel positiv geladen und haben sowohl eine hydrophobe als auch eine hydrophile Seite, so dass das Molekül in wässriger Umgebung löslich ist, aber auch in lipidreiche Membranen eindringen kann.

cis-regulatorische Sequenzen: DNA-Sequenzen vor dem Start eines Genes, die für das Andocken von regulatorischen Transkriptionsfaktoren wichtig sind.

Einzelzell-RNA-Sequenzierung: Einzelne Zellen einer Gewebeprobe werden isoliert und lysiert und die freigesetzte RNA in cDNA umgeschrieben und anschließend sequenziert. Über einen datengesteuerten Ansatz, der den jeweiligen RNA-Signaturen zugrunde legt, können danach einzelne Zellen am Computer größeren Populationen zugewiesen werden.

Glykokalyx: Eine feste Schleimschicht, die an der äußeren Zellmembran haftet. Die Glykokalyx besteht aus Polysacchariden, die kovalent an die Membranproteine (Glykoproteine) und Membranlipide (Glykolipide, Phospholipide, Cholesterol und Sphingolipide) gebunden sind.

keimfrei: Wirtsorganismen, die frei von allen lebenden Keimen oder Mikroorganismen sind.

Loss-of-function-Analyse: Ausschalten eines spezifischen Genes, um daraus dessen spezifische Funktion abzuleiten.

MAMPs (microbe associated molecular patterns): Molekulare Muster, die Mikroorganismen wie Bakterien, Viren, und Pilze charakterisieren und anhand derer ein Wirtsorganismus ihr Eindringen erkennt.

Metaorganismus: Eine Assoziation, die sich aus einem ein- oder mehrzelligen makroskopischen Wirt und verschiedenen Mikroorganismen zusammensetzt, darunter Bakterien, Archaeen, Pilze, Viren und verschiedene andere mikrobielle eukaryotische Arten, einschließlich Algensymbionten.

Mikroben: Mikrobielle Lebensformen, einschließlich Bakterien, Archaeen, Pilzen und Viren.

Mikrobiota: Die Mikroorganismen, die typischerweise die epitheliale Körperoberfläche besiedeln, mikrobielle Lebensformen in einem bestimmten Lebensraum oder Wirt. Die Mikrobiota stellt eine komplexe Gemeinschaft aus unterschiedlichen Bakterienarten dar. Mitglieder der Mikrobiota können molekulargenetisch durch Vergleich der 16S rRNA-Gensequenzen identifiziert werden.

Mikrobiom: Die Gesamtheit der Mikroorganismen einschließlich ihres kollektiven genetischen Materials, die sich im oder auf dem Körper eines makroskopischen Wirtsorganismus oder in einer anderen Umgebung befinden.

Schrittmachernuronen: Diese Nervenzellen zeichnen sich durch ihre Fähigkeit aus, rhythmische Aktivitätsschübe zu erzeugen. Die Nichtlinearität der Aktivität versetzt Schrittmachernuronen in die Lage, den Beginn von Erregungszuständen zu erleichtern oder neuronale Ensembles zu synchronisieren.

Symbiotische Interaktionen: Eine enge und in der Regel obligatorische Verbindung zwischen zwei oder mehr verschiedenen Organismen unterschiedlicher Arten, die zusammenleben, oft aber nicht unbedingt zu ihrem gegenseitigen Nutzen.

Darüber hinaus ermöglichen es neue bildgebende Verfahren, die gesamte Aktivität bestimmter Nervensysteme auf einen Blick zu beobachten (Abbildung 5). Dies gewährt völlig neue Einblicke in die Architektur und Funktionsweise neuronaler Schaltkreise. Mit Hilfe der Calcium-Bildgebungstechnologie lassen sich zum Beispiel unterschiedliche neuronale Schaltkreise innerhalb des Nervennetzes nachweisen. Zusätzlich können diese Analysen automatisiert und durch künstliche-Intelligenz-Programme (z. B. DeepLabCut) unterstützt werden, um Aktivitätsmuster und auch geringfügige Veränderungen besser und vor allem quantitativ erkennen und auswerten zu können. Insgesamt hat damit das Aufkommen neuer Bildgebungs- und Analysetechnologien das ohnehin schon große Potenzial von *Hydra* als Modellsystem erheblich erweitert, um tiefgreifende Einblicke in die funktionelle Komplexität eines scheinbar einfachen Nervennetzes zu erhalten.

Fazit und Perspektiven

Jedes Bemühen zum Verständnis der Mechanismen, die dem Verhalten eines Tieres zugrunde liegen, setzt die Entwicklung leistungsfähiger Modellsysteme voraus. „*Was ich nicht erschaffen kann, verstehe ich nicht.*“ Diese Worte wurden an der Tafel des Nobelpreisträgers Richard Feynman zum Zeitpunkt seines Todes im Jahr 1988 gefunden. Erst wenn wir komplexe Lebensprozesse wie die Leistungen von Neuronen experimentell manipulieren können, nähern wir uns einem umfassenden Verständnis. Die Analyse umfangreicher Datensätze alleine reicht dafür nicht aus. Es braucht gezielte Experimente, in denen bestimmte Verhaltensweisen mit den verantwortlichen Genen, Sig-

„FÜR EINE GROSSE ANZAHL
VON PROBLEMEN WIRD ES EIN TIER
DER WAHL GEBEN, AN DEM ES SICH
AM BESTEN STUDIEREN LÄSST.
... ICH FÜRCHTE, DASS
DIE MEISTEN DAVON UNBEKANNT SIND.
... DIE ZOOLOGEN MÜSSEN SIE FINDEN
UND IN DIE HAND NEHMEN
(KROGH, A. (1929).
THE PROGRESS OF PHYSIOLOGY.
AMERICAN JOURNAL OF PHYSIOLOGY,
90, 243–251).

nalwegen und auch der biotischen und abiotischen Umwelt in Verbindung gebracht werden können. Dafür stehen heute sehr viele unterschiedliche Modellorganismen zur Verfügung, die erforscht werden können. Es kann daher eine echte Herausforderung sein, den richtigen Organismus für eine bestimmte Frage auszuwählen und allgemeine Konzepte und Regeln aus dem Vergleich ver-

schiedener Modellsysteme abzuleiten. Keine einzelne Tierart wird jemals als universelles Modell dienen können. Jede einzelne Tierart hat einzigartige Eigenschaften, die je nach Fragestellung Vor- oder Nachteile haben werden.

Der Süßwasserpolyp mit seinem einfachen Nervennetz hat sich als hervorragendes Modell zur Untersuchung von Wirt-Mikroben-Interaktionen erwiesen sowie der Art und Weise wie Metaorganismen *in vivo* funktionieren. Fortschritte in der bildgebenden Analyse und der einfache Zugang zu genetischen, zellbiologischen, molekularen und bioinformatischen Werkzeugen etabliert *Hydra* als leistungsfähiges System zur Untersuchung neuronaler Interaktionen und der Bildung neuronaler Schaltkreise. Die hier vorgestellten neurobiologischen Prozesse der *Hydra* zeigen nicht nur ein komplexes Wechselspiel zwischen Mikroben und neuronalen Populationen bei verschiedenartigen Verhaltensweisen. Sie ermöglichen es uns auch, spezifische und evolutionär aufschlussreiche Fragen im Hinblick auf den evolutionären Ursprung der Interaktionen zwischen Neuronen und Mikroben zu stellen.

Nicht zuletzt aufgrund der fundamentalen Frage, wie neuronale Entwicklungsprozesse im Kontext einer mikrobiellen Welt funktionieren, stellt die Analyse des Metaorganismus *Hydra* eine wichtige Perspektive dar. Angesichts der zentralen Bedeutung der Symbiose und der Tatsache, dass sich alle Tiere in einer mikrobiellen Umgebung entwickeln, müssen die Ursprünge und die Funktion des Nervensystems nicht nur aus der Sicht des Embryos, sondern auch aus der Sicht des Metaorganismus neu gedacht werden.

Zusammenfassung

Tiere sind in einer Welt voller Mikroben entstanden und sind ständig verschiedenen Mikrobiota ausgesetzt. Mikroben besiedeln die meisten, wenn nicht gar alle tierischen Epithelien und beeinflussen die Aktivität vieler Organe, einschließlich des Nervensystems. Jede Betrachtung der Entwicklung und Funktion des Nervensystems ohne Berücksichtigung des Mikrobioms bleibt daher unvollständig. Hier fassen wir das aktuelle Wissen über das Nervensystem von Hydra und insbesondere seine Rolle in der Wirt-Mikrobiom-Kommunikation zusammen. Wir zeigen, dass moderne molekulare und bildgebende Verfahren ein umfassendes Verständnis der Leistungsfähigkeit eines solchen scheinbar einfachen Nervensystems im Kontext des Metaorganismus ermöglichen. Wir schlagen vor, künftig die Evolution, Funktion und Entwicklung neuronaler Schaltkreise im Kontext von Wirt-Mikroben-Wechselwirkungen zu betrachten und präsentieren Hydra als strategisches Modellsystem mit großer grundlegender und translatorischer Relevanz für die Neurowissenschaften.

Summary

When the microbiome hits the nerve

Animals have evolved in a world full of microbes and are constantly exposed to different microbiota. Microbes colo-

nize most, if not all, animal epithelia and influence the activity of many organs, including the nervous system. Therefore, any consideration of the development and the function of the nervous system will remain incomplete if the microbiome is not taken into account. Here, we summarize the current knowledge on the Hydra nervous system and, in particular, its role in host-microbiome communication. We show that modern molecular and imaging techniques provide a comprehensive understanding of the performance of such a seemingly simple nervous system in the context of this metaorganism. We propose future work to consider the evolution, function, and development of neural circuits in the context of host-microbiome interactions and present Hydra as a strategic model system with great fundamental and translational relevance to neuroscience.

Schlagworte

Nervennetze, Evolution, Metaorganismus, Mikrobiom

Danksagung

Unser besonderer Dank gilt Jörg Wittlieb für die Herstellung der transgenen *Hydra*-Linien und Dr. Alexander Klimovich für seine grundlegenden Beiträge zur molekularen Analyse der Neuronen von *Hydra*. Bei der Entwicklung der mikrofluidischen Flusskammern zur Verhaltensanalyse wurden wir von Prof. Dr. Christine Selhuber-Unkel und Tobias Spratte unterstützt. Die DFG und der Sonderforschungsbereich (SFB) 1182 „*Origin and Function of Metaorganisms*“ sowie der SFB 1461 „*Neurotronik: Bioinspirierte Informationswege*“ haben diese Arbeit maßgeblich gefördert.

Literatur

- [1] M. J. Blaser et al. (2016). Toward a Predictive Understanding of Earth's Microbiomes to Address 21st Century Challenges. *mBio* 7(3), e00714-16.
- [2] T. C. G. Bosch (2022) Die Unentbehrlichen - Mikroben, des Körpers verborgene Helfer. Warum sind so viele Menschen krank? Antworten aus der Mikrobiomforschung. Springer Fachbuch. ISBN 978-3-662-65082-0.
- [3] T. C. G. Bosch, M. J. McFall-Ngai (2011). Metaorganisms as the new frontier. *Zoology* 114, 185–190.
- [4] T. C. G. Bosch, M. J. McFall-Ngai (2021) Animal development in the microbial world: Re-thinking the conceptual framework. *Curr Top Dev Biol.* 141, 399–423.
- [5] G. Sharon et al. (2016). The Central Nervous System and the Gut Microbiome. *Cell* 167, 915–932.
- [6] J. A. Foster et al. (2017). Stress & the gut-brain axis: regulation by the microbiome. *Neurobiol. Stress* 7, 124–136.
- [7] Y. Obata et al. (2020). Neuronal programming by microbiota regulates intestinal physiology. *Nature* 578, 284–289.
- [8] H. E. Vuong et al. (2020). The maternal microbiome modulates fetal neurodevelopment in mice. *Nature* 586, 281–286.
- [9] G. Z. Wei et al. (2021). Tryptophan-metabolizing gut microbes regulate adult neurogenesis via the aryl hydrocarbon receptor. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 118(27), e2021091118.
- [10] A. V. Klimovich, T. C. G. Bosch (2018). Rethinking the role of the nervous system: lessons from the *Hydra* holobiont. *BioEssays* 40, 1800060.
- [11] A. Klimovich et al. (2020). Prototypical pacemaker neurons interact with the resident microbiota. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 117, 17854–17863.
- [12] C. Giez et al. (2021). Neurons interact with the microbiome: an evolutionary-informed perspective. *Neuroforum* 27(2), 89–98.

- [13] S. Fraune, T. C. G. Bosch (2007). Long-term maintenance of species-specific bacterial microbiota in the basal metazoan *Hydra*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 13146–13151.
- [14] S. Fraune et al. (2015). Bacteria-bacteria interactions within the microbiota of the ancestral metazoan *Hydra* contribute to fungal resistance. *ISME J* 9, 1543–1556.
- [15] K. Rathje et al. (2020). Dynamic interactions within the host-associated microbiota cause tumor formation in the basal metazoan *Hydra*. *PLoS Pathog.* 16(3), e1008375.
- [16] T. C. G. Bosch et al. (2019). Evolutionary “experiments” in symbiosis: the study of model animals provides insights into the mechanisms underlying diversity of host-microbe interactions”. *BioEssays*, e1800256.
- [17] M. J. McFall-Ngai, T. C. G. Bosch (2021). Animal development in the microbial world: The power of experimental model systems. *Curr. Top. Dev. Biol.* 14, 371–397.
- [18] S. Franzenburg et al. (2013). Distinct antimicrobial peptide expression determines host species-specific bacterial associations. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 110, E3730-8.
- [19] T. C. G. Bosch, M. Zasloff (2021). Antimicrobial Peptides – or How Our Ancestors Learned to Control the Microbiome (Commentary). *mBio*, e0184721.
- [20] S. Kasahara, T. C. G. Bosch (2003). Enhanced antibacterial activity in *Hydra* polyps lacking nerve cells. *Dev. Comp. Immunol.* 27, 79–85.
- [21] R. Augustin et al. (2017). A secreted antibacterial neuropeptide shapes the microbiome of *Hydra*. *Nat. Commun.* 8, 1–8.
- [22] S. Siebert et al. (2019). Stem cell differentiation trajectories in *Hydra* resolved at single-cell resolution. *Science* 365, eaav9314.
- [23] A. Trembley (1744). Mémoires, pour servir à l'histoire d'un genre de polypes d'eau douce, à bras en forme de cornes (Chez Jean & Herman Verbeek).
- [24] Passano, L.M., and McCullough, C.B. (1964). Co-ordinating systems and behaviour in *Hydra*: I. Pacemaker system of the periodic contractions. *J. Exp. Biol.* 41, 643–664.
- [25] A. P. Murillo-Rincon et al. (2017). Spontaneous body contractions are modulated by the microbiome of *Hydra*. *Sci. Rep.* 7, 1–9
- [26] L. K. Scheffer, I. A. Meinertzhagen (2019). The Fly Brain Atlas. *Annu Rev Cell Dev Biol.* 35, 637–653.
- [27] A. Klimovich et al. (2019). Transgenesis in *Hydra* to characterize gene function and visualize cell behavior. *Nat Protoc* 14, 2069–2090.
- [28] T. Wein et al. (2018). Carrying capacity and colonization dynamics of *Curvibacter* in the *Hydra* host habitat. *Front. Microbiol.* 9, 443.

Verfasst von:



Christoph Giez studierte Molekulare Biologie und Evolution an der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel. Nach einem wissenschaftlichen Auslandsaufenthalt in den USA ist er seit 2020 Doktorand im Labor von Thomas Bosch im SFB 1182 mit einem Thema zur Rolle des Mikrobioms bei reaktiven Reflexen von *Hydra*.



Thomas Bosch ist Professor für Allgemeine Zoologie und Direktor am Zoologischen Institut der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel. Nach dem Biologiestudium in München und Swansea forschte er von 1986 bis 1988 an der University of California, Irvine, über Entwicklungsmechanismen von *Hydra*. 1993 habilitierte er sich in München in Zoologie und nahm 1997 eine Professur an der Universität Jena an. 2000 wurde er an die Universität Kiel berufen. Seit 2016 ist er Sprecher des Sonderforschungsbereiches 1182 „Ursprung und Funktionieren von Metaorganismen“. Seine Arbeiten konzentrieren sich auf die Evolution und molekulare Basis von Symbiosen zwischen Wirbellosen und Mikroben und darauf, das neue wissenschaftliche Konzept der Betrachtung aller Lebewesen als multiorganismische Einheiten zu etablieren.

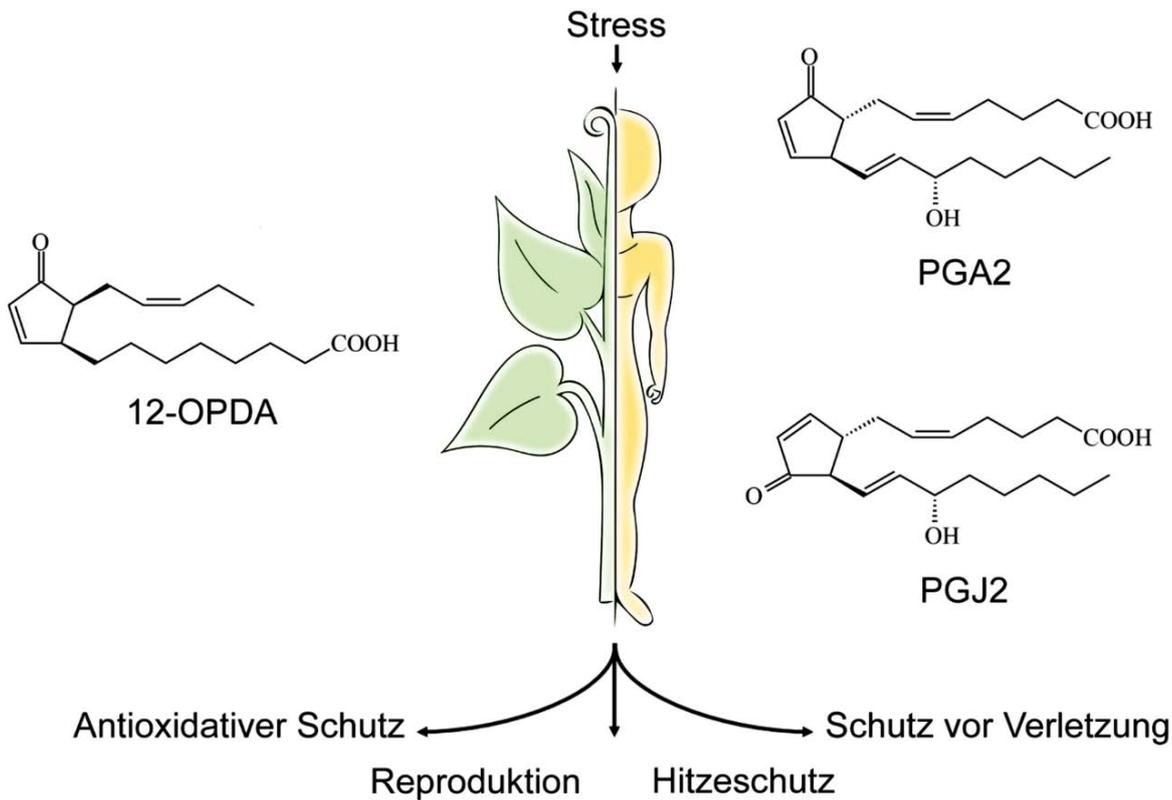
Korrespondenz

Prof. Dr. Dr. h. c. Thomas Bosch
 Zoologisches Institut
 Am Botanischen Garten 1–9
 24118 Kiel
 Email: tbosch@zoologie.uni-kiel.de

VERANSTALTUNG „DAS ANTHROPOZÄN – UMWELTWANDEL IM MENSCHENGEMACHTEN ZEITALTER“

Der Mensch gestaltet seine Umwelt von jeher. Mittlerweile ist er zu einem entscheidenden Einflussfaktor für die biologischen, geologischen und atmosphärischen Prozesse auf der Erde geworden. Derzeit diskutieren Geowissenschaftler/-innen, diese Dominanz durch Abgrenzung eines geochronologischen Zeitalters – des „Anthropozäns“ – deutlich zu machen. Anlass für den VBIÖ und den Dachverband der Geowissenschaften (DVGeo) dieses spannende und vor allem aktuelle Thema in einer gemeinsamen Online-Veranstaltung am 23. September 2022 näher zu beleuchten. Und das Interesse war groß: Etwa 3000 Schüler/-innen, Lehrende und weitere Interessierte aus allen Bundesländern nahmen teil. Den Auftakt bildete ein einflussreicher Vortrag zum Konzept des Anthropozäns von Prof. Reinhold Leinfelder von der Freien Universität Berlin. Er betonte, dass seit 1950 eine deutliche Beschleunigung geoökologischer und sozioökonomischer Trends (u. a. bei CO₂-Gehalt der Atmosphäre, Artenschwund, Bevölkerungsentwicklung, Energie- und Düngerverbrauch) erkennbar sei. Zunehmend könnten „Technofossilien“ wie Beton, Plastik oder radioaktiver Fall-out nachgewiesen werden.

Dr. Andreas Marx vom Zentrum für Umweltforschung betreut den Deutschen Dürremonitor und zeigte sowohl die Dürreproblematik als auch Lösungsvarianten auf. Prof. Cathrin Westphal von der Universität Göttingen arbeitete heraus, dass der landwirtschaftliche Ertrag gesteigert werden müsse, um die steigende Weltbevölkerung zu ernähren. Eine entsprechend intensivere Landwirtschaft sei aber eine wesentliche Ursache der globalen Artenverluste. Die Herausforderung läge also in einer ökologischen Intensivierung der Landwirtschaft. Die anschließende Diskussion speiste sich aus der Erfahrungswelt der Schüler/-innen, die aktiv Fragen einbrachten. So etwa, wo das Wasser herkomme, ob vegetarisch essen die Welt retten könne oder ob eine (Bio) Diversitätspflicht sinnvoll sei. Eindrücklich war dabei auch der Ansatz, Zukunft als „Möglichkeitsraum“ wahrzunehmen, in dem wir uns darauf einlassen müssen, vielfältig ungewohnte Optionen auszuprobieren (z. B. Insekten zu essen). Denn es gibt eben nicht DIE EINE Lösung. Die Lösung der aktuellen Herausforderungen kann sich vielmehr nur aus der Kombination vielfältiger Bausteine ergeben.



Oxydierte Fettsäurederivate steuern zelluläre Anpassungen

Funktionale Konvergenz des Oxylipin-Signalling zwischen Pflanze und Tier

MADITA KNIEPER | JOEL N. BAYER | KARL-JOSEF DIETZ | ANDREA VIEHHAUSER

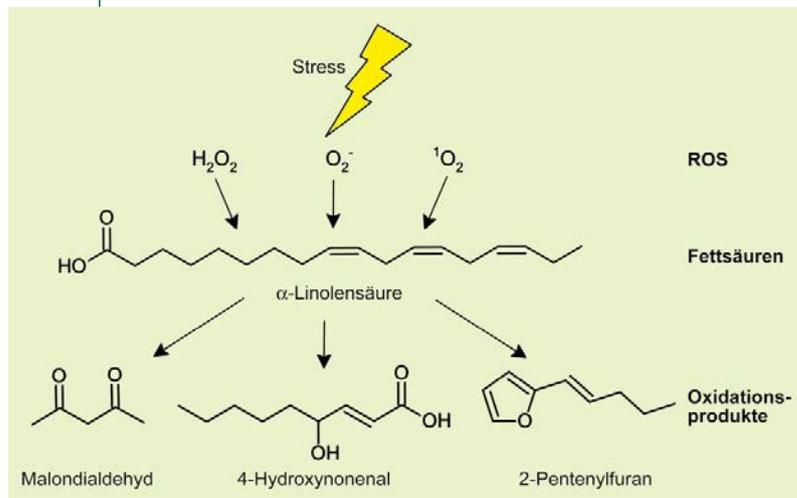
Wenn Pflanzen, Tiere, Mikroorganismen oder auch der Mensch ungünstigen abiotischen Umweltbedingungen, Pathogenen oder Fressfeinden ausgesetzt sind, hängen Gesundheit, Fitness und Überleben davon ab, die Stresssignale auf zellulärer Ebene wahrzunehmen, weiterzuleiten und geeignete Verteidigungsmechanismen einzuleiten. In diesem Prozess spielen ungesättigte Fettsäuren, die mit Sauerstoff reagieren, eine wichtige Rolle. Diese Substanzen werden Oxylipine genannt.

Oxylipine entstehen konditional bei Umweltstress wie Hitze oder Verletzungen, zeigen vielfältige chemische Strukturen und erfüllen wichtige Steuerfunktionen, beispielsweise in Form der *cis*-12-Oxophytodiensäure (*cis*-12-OPDA) und der daraus hervorgehenden Jasmonsäure bei Pflanzen und als Prostaglandine bei Tieren. Obwohl diese beiden Signalwege unabhängig voneinander entstanden zu sein scheinen und unterschiedliche Enzyme nutzen, fasziniert die synthetische und funktionale Konvergenz der Oxylipine zwischen Tier und Pflanze.

Vom Membranlipid zum Regulator

Fettsäuren sind Hauptbausteine von Lipiden und essenzielle Komponenten aller lebenden Zellen. Gesättigte und ungesättigte Fettsäuren sind Bestandteile der Biomembranen und steuern beispielsweise deren Fluidität. Sie dienen

ABB. 1 | UNTER STRESSBEDINGUNGEN GEBILDETE REGULATOREN



Die unter Stressbedingungen erhöhte Synthese von reaktiven Sauerstoffspezies (ROS) führt u. a. zu vermehrter Oxidation von Fettsäuren wie zum Beispiel der C18-Fettsäure α-Linolensäure. Dadurch entsteht eine Vielfalt an Oxidationsprodukten, zu denen Malondialdehyd, 4-Hydroxynonenal und 2-Pentenylfuran zählen.

als Energiequellen und als Ausgangssubstrate für zellwirksame Mediatoren und Hormone. Die Omnipräsenz von Lipiden und die Einfachheit ihrer enzymatisch-chemischen Modifikation könnten der Grund sein, warum Lipidderivate allen Zellen als Signalmoleküle dienen, beispielsweise bei Bakterien im *Quorum sensing* der Zell-Zell-Kommunikation, bei dem die Genexpression abhängig von der Zelldichte der Bakterienpopulation reguliert wird.

Solche Signalstoffe und Regulatoren werden insbesondere aus mehrfach ungesättigten Fettsäuren (PUFAs = *polyunsaturated fatty acids*) freigesetzt, die chemisch in Anwesenheit von reaktiven Sauerstoffspezies (ROS), insbesondere Singulett-Sauerstoff, Superoxidanionen-Radikalen und Hydroxylradikalen, gebildet werden. Dabei entsteht ein Potpourri an Oxidationsprodukten wie reaktive Aldehyde, die mit Proteinen oder anderen zellulären Strukturen reagieren und molekulare Anpassungsreaktionen oder Zellschäden auslösen können (Abbildung 1).

IN KÜRZE

- Ungesättigte Fettsäuren werden sowohl in Pflanzen als auch Tieren mit Sauerstoff zu strukturell vielfältigen Oxylipinen umgesetzt, die als **zelluläre Signalstoffe** wirken. Dies erfolgt insbesondere unter Stressbedingungen.
- Manche Oxylipine weisen einen Cyclopentenonring als reaktive Gruppe auf, die mit Proteinthiolen reagiert. Hierzu gehören einige Prostaglandine der Tiere und die Oxophytodiensäure (OPDA) der Pflanzen. Trotz unterschiedlicher Synthesewege lösen sie ähnliche zelluläre Reaktionen aus, wie beispielsweise eine **Erhöhung der antioxidativen Abwehr**.
- Seit kurzem steht OPDA durch einen **optimierten biokatalytischen Syntheseprozess** in größeren Mengen zur Verfügung, wodurch die zellulären Funktionen des *cis*-12-OPDA nun in bisher nicht möglicher Weise untersucht werden können.

Derivate ungesättigter Fettsäuren, vor allem auch in Form von Oxylipinen, erfüllen herausragende Funktionen in biologischen Systemen, beispielsweise als Pheromone bei der Chemotaxis und bei Befruchtungsvorgängen von Kieselalgen, Braunalgen oder Insekten, als Leitchemikalien zum Auffinden von Nahrung oder als reaktive Aldehyde zur Abwehr von Fressfeinden. Viele der beteiligten Synthesewege beginnen mit der enzymatischen Peroxidierung durch Lipoxygenasen (LOX) [1]. Im Gegensatz zur zufälligen radikalischen Sauerstoffanlagerung durch ROS erlauben Enzyme, PUFAs hochspezifisch zu oxidieren. Beispiele für beteiligte Enzyme sind die α-Dioxygenasen und LOX, die definierte Fettsäure-Hydroperoxide bilden [2, 3].

Oxylipine finden sich ubiquitär in allen Lebewesen und ihr vermehrtes Auftreten wird als Biomarker für zellulären Stress gewertet [4]. Malondialdehyd (Abbildung 1) ist ein reaktives Abbauprodukt oxidierter Lipide und wird weltweit zum einfachen Nachweis für vermehrte Lipidoxidation in Zellen eingesetzt. Alleine das *Web of Science* nennt bei einer Recherche mit Malondialdehyd als Suchwort mehr als 50.000 Publikationen, die von Malondialdehyd als Biomarker für Krebs bis zum Nachweis von Umweltstress bei Pflanzen reichen. Der Vollständigkeit halber sei erwähnt, dass aus Membranlipiden zahlreiche weitere Botenstoffe wie Acylglyceride oder Inositolphosphate freigesetzt werden können, die hier nicht weiter vorgestellt werden, aber die die Bedeutung von Lipiden und deren Derivaten in der zellulären Kommunikation unterstreichen. Ausgangssubstrat für die Synthese von Prostaglandinen, einer Oxylipin-Gruppe in Tieren, ist häufig die vierfach ungesättigte C20-Fettsäure Arachidonsäure (C20:4) [2], während in Pflanzen hauptsächlich die C16-Fettsäure Hexadecatriensäure (C16:3) oder die C18-Fettsäuren α-Linolensäure (C18:3) und Linolsäure (C18:2) oxidiert werden [5].

Die Reaktivität von Oxylipinen

Viele der Oxylipine – erwähnt wurde bereits das Malondialdehyd – enthalten reaktive chemische Gruppen, die mit funktionellen Gruppen anderer Biomoleküle der Zelle reagieren. Aldehydgruppen oder Carbonylgruppen, α,β-konjugiert mit C-C-Doppelbindungen, reagieren mit Thiolen oder Aminen und inaktivieren dadurch Biomoleküle oder führen zu Erbgutschädigungen. Dies kann erneut anhand von Malondialdehyd veranschaulicht werden, das mit Amingruppen von Lysin reagieren kann (Abbildung 2a) und inter- oder intramolekulare Vernetzungen der Proteine verursacht. Die Reaktion mit Guanin, einer Base der Nucleinsäuren, kann zu Deletionen oder Insertionen in der Erbinformation führen (Abbildung 2b).

Die reaktive Gruppe einiger tierischer Prostaglandine (z. B. PGA₂) und des pflanzlichen *cis*-12-OPDA ist ein Cyclopentenonring, der eine α,β-ungesättigte C-C-Bindung konjugiert zu einer Carbonylgruppe aufweist (Abbildung 3) und mit Thiolen reagieren kann (Abbildung 2c). Somit gehört *cis*-12-OPDA zu der Untergruppe von Oxylipinen, die als reaktive elektrophile Spezies (RES) bezeichnet wer-

den. Ihre α,β -ungesättigte Carbonylstruktur besitzt eine hohe chemische Reaktivität. Schwache elektrophile Oxylipine teilen diese Fähigkeit jedoch nicht [6]. Prostaglandine und *cis*-12-OPDA werden im Folgenden weiter behandelt, da sie als primär enzymatisch entstehende Oxylipine Ähnlichkeiten in ihrer Biosynthese und chemischen Struktur aufweisen und interessanterweise auch ähnliche regulatorische Funktionen übernehmen. Sie reichern sich bei Einwirkung biotischer und abiotischer Stressoren, bei Krankheit und Entzündung an und stärken die Abwehr gegenüber verschiedenen Stressoren [7].

Die Synthese der *cis*-12-Oxophytodiensäure

Das in Pflanzen enzymatisch erzeugte *cis*-12-OPDA ist eines der am besten charakterisierten Oxylipine in Pflanzen [8, 9]. Stresszustände als exogene Trigger führen zu einem Anstieg der ROS-Konzentration in den Chloroplasten und aktivieren Lipasen, die α -Linolensäure aus Glycerolipiden der Plastidenmembran freisetzen (Abbildung 4). Die α -Linolensäure wird durch die 13-LOX durch Anlagerung eines Moleküls molekularen Sauerstoff an Position C13 oxidiert [9], wodurch 13-Hydroperoxyoctadeca-9,11,15-triensäure (13-HPOT) entsteht [10, 11]. Im nächsten Schritt erzeugt die Allenoxid-Synthase (AOS) ein instabiles Epoxid, das durch die Allenoxid-Cyclase (AOC) stereospezifisch zu *cis*-12-OPDA zyklisiert [9]. Nach Export aus den Plastiden wird *cis*-12-OPDA in den Peroxisomen am Cyclopentenonring reduziert und durch dreimalige β -Oxidation um 6 C-Atome verkürzt. Dadurch entsteht das Phytohormon Jasmonsäure, das als eigenständiges Signalmolekül in der Stressanpassung der Pflanzen wirkt [10–12].

Umsteuerung der Genexpression durch *cis*-12-OPDA

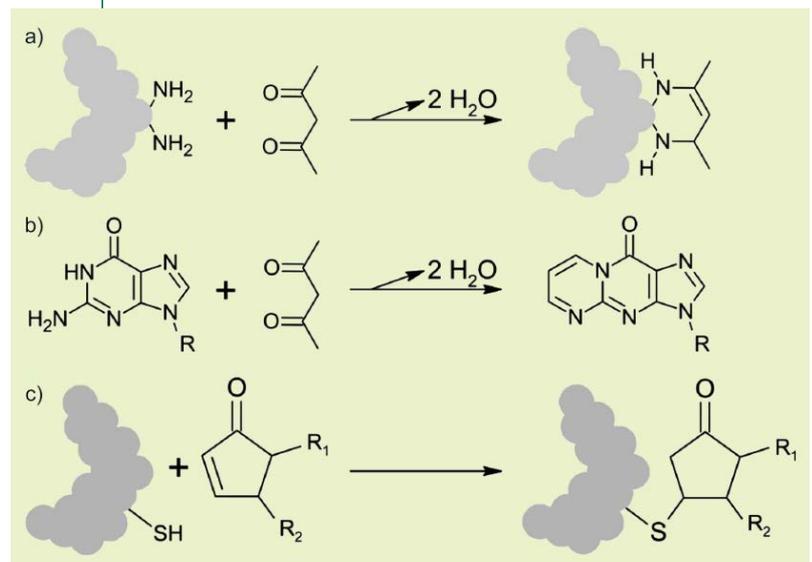
Starke Hinweise auf eine von Jasmonsäure getrennte regulatorische Bedeutung von *cis*-12-OPDA ergaben sich durch Versuche mit einer *Arabidopsis thaliana*-Mutante, die einen Defekt in den Peroxisomen aufweist. Das durch die Mutation betroffene Enzym ist die OPDA-Reduktase 3 (OPR3), das den ersten Schritt der Jasmonsäuresynthese aus *cis*-12-OPDA katalysiert. Obwohl das Enzym fehlte und deshalb keine Jasmonsäure gebildet werden sollte, wurden nach Verwundung in der Pflanze Jasmonsäure-abhängige Gene aktiviert. Dies führte zu der Vermutung, dass *cis*-12-OPDA unter anderem die Expression von Abwehrgenen modulieren und somit Schutzmechanismen unter Stressbedingungen steuern kann [13].

Diese Signalwirkung von *cis*-12-OPDA wurde nachfolgend infrage gestellt, da nach Pilzbefall auch in der Mutante Transkripte für OPR3 gefunden werden konnten, die vermutlich auf Spleißen zurückzuführen sind und zu funktionellen Transkripten und somit auch zur Synthese von Jasmonsäure führen [14]. Dadurch ergab sich in Hinblick auf sämtliche Studien, die mit der *opr3*-Mutante durchgeführt worden waren, die Frage, ob tatsächlich *cis*-12-OPDA für die beobachteten Effekte, wie

etwa Änderung der Genexpression, verantwortlich ist. Durch die Verwendung von RNA-Interferenz in Tomaten konnte die Produktion von OPR3 letztendlich ausgeschlossen und die Wirksamkeit von *cis*-12-OPDA bestätigt werden. Auch wenn Jasmonsäure für eine systemische Reaktion erforderlich ist, konnte somit gezeigt werden, dass die lokale Induktion von *cis*-12-OPDA die Abwehrgenexpression ersetzen kann [15]. Die spätere Entdeckung, dass auch ohne die in den Peroxisomen enzymatisch katalysierte Reaktion eine Synthese von Jasmonsäure stattfindet, wurde dadurch erklärt, dass eine Biosynthese von Jasmonsäure zusätzlich über einen β -Oxidationsweg von *cis*-12-OPDA erfolgt [16, 17].

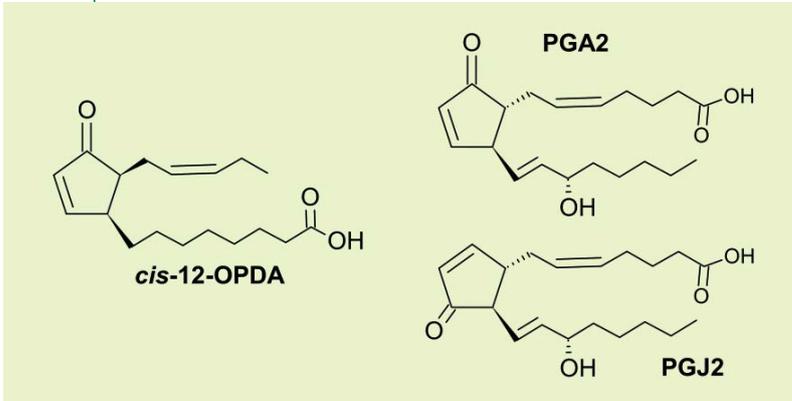
cis-12-OPDA wirkt nicht nur als Regulator Jasmonsäure-abhängiger Gene, sondern steuert eine Vielzahl von *cis*-12-OPDA-spezifisch aktivierten Genen unabhängig und ohne das Vorliegen von Jasmonsäure [9, 18]. Es handelt sich dabei größtenteils um Gene, die für intrazelluläre Kommunikation und Transkriptionsfaktoren kodieren und eine Stressanpassung der Pflanze ermöglichen. So kam es unter anderem zu einer Hochregulation des Zinkfingerproteins SAP 12, welches eine Funktion bei der Entgiftung von ROS besitzt, oder einer Proteinkinase, wodurch die zelluläre Proteinphosphorylierung verändert wird. Des Weiteren waren auch Calmodulin-ähnliche Proteine mit ihrer Funktion im Ca^{2+} -abhängigen *Signalling* oder auch mehrere Hitzeschockproteine von der *cis*-12-OPDA-abhängigen Regulation betroffen [9]. Eine Übersicht einiger dieser und weiterer Gene, deren Genexpression in *Arabidopsis thaliana* durch *cis*-12-OPDA beeinflusst

ABB. 2 | REAKTIVITÄT VON OXYLIPINEN



Durch die Reaktion mit Amingruppen von Lysinresten in Proteinen (a) sowie mit der DNA-Base Guanin (b) kann sich Malondialdehyd, ein Produkt der stressbedingten Lipidoxidation, auf verschiedene Biomoleküle auswirken. Auch elektrophile Spezies wie Oxylipine interagieren mit Aminosäureresten von Proteinen. Dies erfolgt in diesem Fall mittels Michael-Addition, bei der die Oxylipine über ihren Cyclopentenonring an Cysteinreste von Proteinen binden (c).

ABB. 3 | STRUKTURELLE ÄHNLICHKEIT PFLANZLICHER UND TIERISCHER OXYLIPINEN



Das pflanzliche Oxylin *cis*-12-OPDA sowie die tierischen Prostaglandine A2 und J2 ähneln sich strukturell stark. Dabei ist insbesondere der Cyclopentenring, der allen gemeinsam ist, von besonderem Interesse.

wird, zusammen mit ihren Genprodukten ist in Tabelle 1 zusammengestellt.

Physiologische Wirkung des *cis*-12-OPDA

Inzwischen sind zahlreiche Stressanpassungen beschrieben, die durch *cis*-12-OPDA ausgelöst werden. Ein Zusammenhang zwischen Thermotoleranz und *cis*-12-OPDA wurde im Brunnenlebermoos (*Marchantia polymorpha*), das keine Jasmonsäure synthetisiert, dokumentiert. So reichert sich unter Hitze *cis*-12-OPDA an, das über Jasmonsäure-unabhängige Wege Gene der Thermotoleranz regulierte. Elektrophile Eigenschaften des *cis*-12-OPDA spiel-

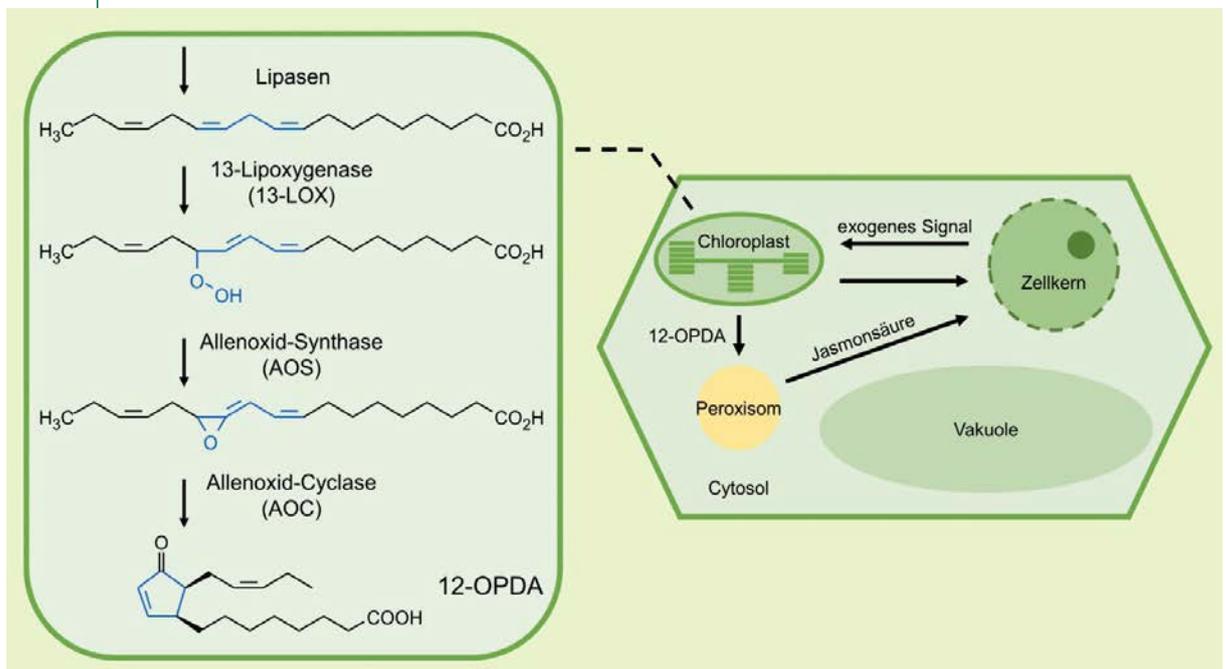
ten bei der Signalweiterleitung in der Zelle eine wesentliche Rolle (Abbildung 2c). Darüber hinaus konnte nachgewiesen werden, dass dieser Stoffwechselweg auch in Blütenpflanzen konserviert ist. Es ist somit davon auszugehen, dass *cis*-12-OPDA eine ursprüngliche Rolle beim Schutz vor Hitzestress spielte und im Kontext der durch die globale Erwärmung verursachten steigenden Temperaturen und zunehmenden Anzahl von Umweltkatastrophen wie beispielsweise Waldbränden von Interesse ist [16].

cis-12-OPDA reguliert darüber hinaus die Samenruhe und wirkt hierbei zusammen mit der Abscisinsäure (ABA), einem weiteren die Ruhephase fördernden Pflanzenhormon. Beim Übergang zur Samenruhe steigt die *cis*-12-OPDA-Konzentration [19, 20], vermutlich ausgelöst durch die ABA-induzierte Genexpression plastidärer Phospholipasen. Dadurch ergibt sich eine Verbindung zwischen der ABA-vermittelten abiotischen Stressreaktion und der Oxylin-Signalgebung [21].

Speicherung von *cis*-12-OPDA

In einigen Pflanzenarten, insbesondere innerhalb der Familie *Brassicaceae*, zu der beispielsweise *Arabidopsis thaliana*, *Camelina microcarpa* sowie *Capsella rubella* gehören, kann *cis*-12-OPDA in Form von sogenannten Arabidopsiden oder Cyclo-Oxylin-Galactolipiden an Membranlipide wie Monogalactosyl-Diacylglycerol und Digalactosyl-Diacylglycerol gebunden und so gespeichert werden. Durch diese Speicherung kann eine schnelle Bereitstellung von *cis*-12-OPDA bei Stresseinwirkung und somit ein „Reservoir“ an Jasmonsäure-Vorläufern gewährleistet werden. Auch 13-Hydroperoxy-Oktadekatriensäure

ABB. 4 | SYNTHESE VON *CIS*-12-OPDA



Die Synthese von *cis*-12-OPDA beginnt mit der Freisetzung von α -Linolensäure durch Lipasen. Über eine enzymatische Kaskadenreaktion wird aus α -Linolensäure das Oxylin *cis*-12-OPDA gebildet.

(13-HPOT), das erste Zwischenprodukt in der *cis*-12-OPDA-Synthese, lässt sich membrangebunden in diesen Organismen finden, wodurch eine Synthese von *cis*-12-OPDA direkt an der Membran ermöglicht wird. Arabidopside akkumulieren insbesondere unter Stressbedingungen wie Pathogenbefall oder auch Verwundung [3, 22, 23]. Ebenso finden sich Konjugate aus *cis*-12-OPDA und Glutathion (GSH), denen eine Rolle als vakuoläre Transport- und Speicherform zur Aufrechterhaltung einer nicht toxischen *cis*-12-OPDA-Konzentration in der Zelle zugeschrieben werden [23].

Oxylipine in anderen Organismen

Oxylipine erfüllen auch in Bakterien, Pilzen und Tieren und somit in allen Domänen des Lebens wichtige regulatorische Funktionen. Die tierischen Oxylipine, die auch als Eicosanoide bezeichnet werden, sind wie die pflanzlichen Oxylipine sehr gut erforscht. Insbesondere die Prostaglandine, eine Untergruppe der Eicosanoide, weisen strukturelle Ähnlichkeiten zu *cis*-12-OPDA auf (Abbildung 3). So besitzen die PGJ2 und PGA2 ebenfalls einen Cyclopentenon-Anteil und reagieren dadurch mit Thiolresten von Proteinen [9, 24]. Diese Interaktion erfolgt durch die chemische Michael-Addition. Bei dieser Reaktion werden Proteine, die eine freie SH-Gruppe besitzen, über eine Esterbindung an die Carbonylgruppe des Michael-Akzeptors, in diesem Fall das PGA2 oder PGJ2, gebunden.

Tierische Oxylipine ähneln in ihrer Funktion *cis*-12-OPDA

Auch funktionell lassen sich Gemeinsamkeiten von Prostaglandinen und *cis*-12-OPDA finden. Prostaglandine regulieren Entzündungsreaktionen und Schmerzempfinden und spielen genau wie *cis*-12-OPDA bei Pflanzen eine wichtige Rolle bei Verwundungen. Dabei erfüllen einige Prostaglandine eine pro-inflammatorische Funktion (Prostaglandin E2) und verstärken das Schmerzempfinden; für andere wurde aber auch eine anti-inflammatorische Rolle nachgewiesen (PGA2 und PGJ2) [24, 25]. Gemeinsam sind beiden die Reaktion mit Hitzeschockproteinen [9] und die Stimulation der Thiol-Synthese. Durch verstärkte Bildung von Thiolen, die zum Beispiel wichtiger Bestandteil von antioxidativen Molekülen wie Glutathion sind, wird oxidativem Stress entgegengewirkt. Ähnlich wie Oxylipine bei Pflanzen fördern Prostaglandine die Reproduktion des Menschen. Dies betrifft sowohl den Eisprung, die Befruchtung, die Entwicklung des Embryos als auch das Einleiten der Wehen [9, 24–26].

TAB 1. AUSGEWÄHLTE ZIELGENE VON *CIS*-12-OPDA

Genprodukt	Genbeispiel	Gennummer	Genexpression
Calcium-Sensoren	Calmodulin-ähnliches Protein 40	At3g01830	Stimulation
	Calmodulin-ähnliches Protein 45	At5g39670	Stimulation
Enzymhemmung	Familie der Invertase/ Pektin-Methylesterase-Inhibitoren	At5g62340	Hemmung
Hitzeschock	Hitzeschockprotein	At1g53540	Stimulation
Oxidativer Stress	FAD-Oxidoreduktase	At1g30700	Stimulation
	Glutathion-S-Transferase 6	At2g47730	Stimulation
Phosphorylierung	Proteinkinase	At3g25250	Stimulation
	Kinase-ähnliches Protein	At4g23190	Stimulation
Transkriptionsfaktor	Ethylen-responsiver Transkriptionsfaktor	At1g22810	Stimulation
	C2H2- Zinkfinger-Transkriptionsfaktor	At2g37430	Stimulation
Transporter	ABC-Transporter	At1g15520	Stimulation
Wurzelhaarbildung	Prolin-reiches Protein	At3g62680	Hemmung
Zellwandorganisation	Glycosidasefamilie 9	At1g48930	Hemmung

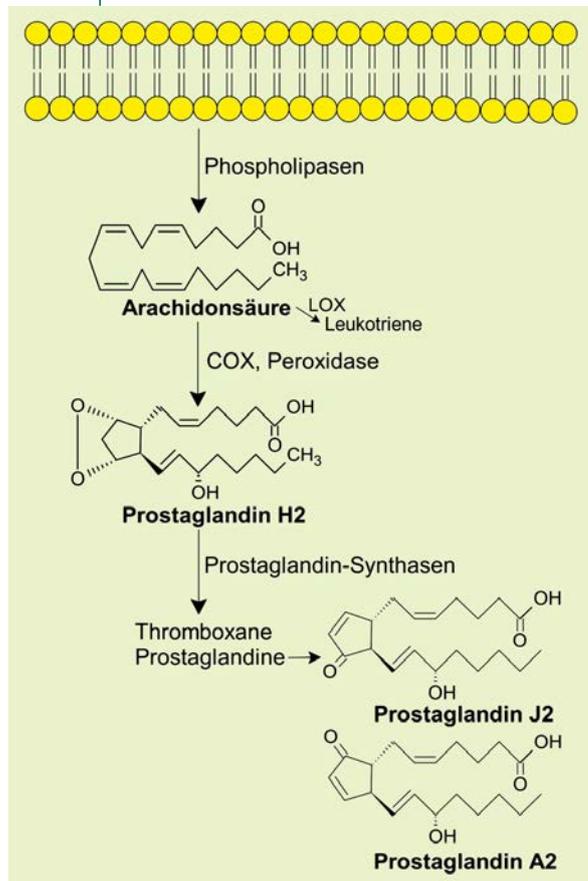
In *Arabidopsis thaliana* wird die Expression einiger Gene durch *cis*-12-OPDA stimuliert oder auch gehemmt. Angegeben ist der Wirkmechanismus sowie das jeweilige Genbeispiel mit der entsprechenden Gennummer; modifiziert nach [9]. Die Tabelle zeigt eine Auswahl betroffener Gene.

Synthese der Prostaglandine

Die Synthese von Prostaglandinen erfolgt aus C20-Fettsäuren wie Arachidonsäure, Eicosapentaensäure und Dihomo- γ -linolensäure über die Prostaglandin-H-Synthasen (Cyclooxygenasen, COX) [9, 24, 25]. Schmerzmittel wie Aspirin und Ibuprofen hemmen die COX1 und COX2 und unterbinden die Schmerzentstehung. Wie die α -Linolensäure in der *cis*-12-OPDA-Synthese werden auch diese drei Fettsäuren über Lipasen freigesetzt, dann aber durch die COX zu Prostaglandinen umgewandelt [24, 25]. Dabei entsteht zunächst das Prostaglandin H2, das als Grundgerüst für alle weiteren Prostaglandine dient. Da das Prostaglandin H2 instabil ist, wird es rasch durch Prostaglandin-Synthasen in andere Prostaglandine (PGD2, PGE2, PGf2, PGI2 sowie TXA2) überführt [24, 25] (Abbildung 5). Dieser Prozess ist gewebespezifisch: So entsteht Prostaglandin I2 beispielsweise in vaskulären Endothelzellen, die die innerste Zellschicht unserer Blutgefäße bilden [24, 25]. Die einzelnen Prostaglandine unterscheiden sich in den Modifikationen ihrer Kohlenstoffatome sowie in der Fettsäure, aus der sie gebildet werden.

Zusätzlich zu COX finden sich in tierischen Organismen ebenfalls LOX. Dabei handelt es sich im Gegensatz zu den 13-LOX der *cis*-12-OPDA-Synthese um 5-, 8-, 12- und 15-LOX. Diese Enzyme unterscheiden sich in ihrer Regio-spezifität. Statt des C13-Atoms werden C5, C8, C12- oder C15 oxygeniert. Auch für die LOX dient Arachidonsäure als Substrat, aus dem statt Prostaglandinen beispielsweise sogenannte Leukotriene synthetisiert werden [25]. Letztere unterscheiden sich von Prostaglandinen hauptsächlich durch ihren Syntheseort und die beteiligten Enzyme. Während Prostaglandine von COX in sämtlichen Geweben und Zelltypen gebildet werden, entstehen Leukotriene mithilfe von 5-LOX überwiegend in den weißen Blutkörperchen,

ABB. 5 | SYNTHESE VON PROSTAGLANDINEN



Die Synthese von Prostaglandinen beginnt mit der Freisetzung von Fettsäuren wie Arachidonsäure durch Lipasen. Aus Arachidonsäure entsteht zunächst das instabile PGH₂, das enzymvermittelt in andere Prostaglandine wie PGJ₂ und PGA₂ umgewandelt wird.

den Leukozyten, sowie in Makrophagen und Mastzellen [27]. Funktionell teilen beide Arten von Oxylipinen wiederum einige Gemeinsamkeiten: So sind sowohl Leukotriene als auch Prostaglandine an hypersensitiven, allergischen Reaktionen im Menschen wie etwa Asthma beteiligt, was erneut als Parallele zur Funktion von *cis*-12-OPDA in der hypersensitiven Reaktion von Pflanzen gesehen wird [25]. Im Gegensatz zu *cis*-12-OPDA werden Prostaglandine nicht gespeichert, sondern stets *de novo* synthetisiert [27].

Ob es sich bei den ähnlichen Synthesewegen und Funktionen von Oxylipinen in Pflanzen und Tieren um eine homologe oder konvergente analoge Evolution handelt, ist unklar. So wäre es zum einen möglich, dass das Vorkommen von Prostaglandinen in tierischen bzw. *cis*-12-OPDA in pflanzlichen Organismen auf einen gemeinsamen Ursprung zurückzuführen ist (homologe Evolution). Andererseits könnte es sich um eine Anpassung an ähnliche Umweltbedingungen wie etwa Stress handeln, die in beiden Organismengruppen unabhängig voneinander erfolgte (analoge Evolution). Auf alle Fälle erscheint die Hypothese naheliegend, dass die Präsenz der teils ungesättigten Lipide, ihre spontane oder enzymatisch katalysierte Reaktivität mit Sauerstoff und die Vielfalt der entstehenden Produkte einen flexiblen „Werkzeugkasten“ bereitstellte, um gezielte Anpassungsreaktionen bei Stress und Krankheit in allen Lebewesen zu ermöglichen. Wei-

tere Forschung hängt von der Verfügbarkeit hinreichender Mengen an Oxylipinen ab.

Effiziente biotechnologische Synthese des *cis*-12-OPDA

Die biologische Wirkung der Prostaglandine bei Tieren und Menschen und von *cis*-12-OPDA bei Pflanzen wird weiterhin intensiv erforscht, wobei dies von der Verfügbarkeit der Verbindungen limitiert wird. Prostaglandine können synthetisch oder biotechnologisch hergestellt werden [28]. Sie alle liegen im Hochpreissegment der Feinchemikalien, was ihrer Verwendung in größerem Umfang entgegensteht. Kürzlich wurde ein biokatalytischer Prozess etabliert, der die natürlichen Enzyme als rekombinante Katalysatoren einsetzt, um aus α -Linolensäure *cis*-12-OPDA im Grammaßstab, in hoher Reinheit und ohne unerwünschte Nebenprodukte zu synthetisieren [29]. Damit steht *cis*-12-OPDA für größere Experimente und für chemische Modifikationen zur Verfügung, um neue Eigenschaften zu erreichen. Dies wird die Analyse der *cis*-12-OPDA-Wirkung *in vitro* und *in vivo* ermöglichen. Offene Fragen betreffen die Wirkung der *cis*-12-OPDA-Protein-Addukte, die Reversibilität der OPDAylierung, die Identifizierung der OPDA-Rezeptoren und die Rolle des *cis*-12-OPDA im Informationsaustausch zwischen zellulären Kompartimenten. Die nun bessere Verfügbarkeit des *cis*-12-OPDA wird diese wichtige Forschung bei Pflanzen befördern, und es können in den kommenden Jahren neue Einsichten zur Funktion und Wirkweise dieses Oxylipins erwartet werden.

Zusammenfassung

Oxylipine sind Oxidationsprodukte von Membranlipiden. Sie spielen eine wichtige Rolle als Regulatoren von Anpassungs- und Entwicklungsprozessen und können teils durch ihre Reaktivität zelluläre Strukturen schädigen und Mutationen auslösen. Die tierischen Prostaglandine und die pflanzliche *cis*-12-Oxophytodiensäure sind Oxylipine, die auf unterschiedlichen Wegen enzymatisch aus mehrfach ungesättigten Fettsäuren synthetisiert werden. Umso überraschender ist, dass sie in Tieren und Pflanzen teils ähnliche molekulare und physiologische Wirkungen hervorrufen, was auf eine funktionelle Konvergenz hinweist.

Summary

Functional convergence of oxylipin signalling in plants and animals

Oxylipins are oxidation products of membrane lipids. They play important roles as regulators of adaptive and developmental processes. Due to their high reactivity, they can damage cellular structures and cause mutations. The prostaglandins of animals and the *cis*-12-oxophytodienoic acid of plants are oxylipins. They are enzymatically synthesized by way of different pathways from polyunsaturated fatty acids. This is all the more surprising as they cause similar molecular and physiological effects in animals and plants which indicates a functional convergence.

Schlagworte:

Oxylipin; *cis*-12-OPDA; Prostaglandin; mehrfach ungesättigte Fettsäuren

Literatur

- [1] G. Pohnert, W. Boland (2002). The oxylipin chemistry of attraction and defense in brown algae and diatoms. *Nat. Prod. Rep.* 19, 108–122.
- [2] E. Blee (2002). Impact of phyto-oxylipins in plant defense. *Trends Plant Sci.* 7, 315–322.
- [3] A. Mosblech et al. (2009). Oxylipins: structurally diverse metabolites from fatty acid oxidation. *Plant Physiol. Biochem.* 47, 511–517.
- [4] C. H. Pohl et al. (2014). Oxidised fatty acids as inter-kingdom signaling molecules. *Molecules* 19, 1273–1285.
- [5] M. J. Mueller, S. Berger (2009). Reactive electrophilic oxylipins: pattern recognition and signalling. *Phytochemistry* 70, 1511–1521.
- [6] N. A. Eckardt (2008). Oxylipin Signaling in Plant Stress Responses. *Plant Cell* 20 (3), 495–497.
- [7] G. A. Howe, A. L. Schilmiller (2002). Oxylipin Metabolism in Response to Stress. *Curr. Opin. Plant Biol.* 5 (3), 230–236.
- [8] C. Wasternack, I. Feussner (2018). The Oxylipin Pathways: Biochemistry and Function. *Annu. Rev. Plant Biol.* 69 (1), 363–386.
- [9] D. Maynard et al. (2018). The function of the oxylipin 12-oxophytodienoic acid in cell signalling, stress acclimation, and development. *J. Exp. Bot.* 69 (22), 5341–5354.
- [10] A. Andreou et al. (2009). Biosynthesis of Oxylipins in Non-Mammals. *Prog. Lipid Res.* 48(3), 148–170.
- [11] D. Maynard et al. (2018). One-Pot Synthesis of Bioactive Cyclopentenones from α -Linolenic Acid and Docosaheptaenoic Acid. *Bioorg. Med. Chem.* 26 (7), 1356–1364.
- [12] C. Wasternack, B. Hause (2014). Blütenduft, Abwehr, Entwicklung: Jasmonsäure – ein universelles Pflanzenhormon. *Biol. Unserer Zeit* 44, 164–171.
- [13] A. Stintzi et al. (2001). Plant defense in the absence of jasmonic acid: The role of cyclopentenones. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 98, 12837–12842.
- [14] E. W. Chehab et al. (2011). Intronic T-DNA Insertion Renders *Arabidopsis* Opr3 a Conditional Jasmonic Acid-Producing Mutant. *Plant Physiol.* 156 (2), 770–778.
- [15] M. Bosch et al. (2014). Jasmonic Acid and Its Precursor 12-Oxophytodienoic Acid Control Different Aspects of Constitutive and Induced Herbivore Defenses in Tomato. *Plant Physiol.* 166 (1), 396–410.
- [16] I. Monte et al. (2020). An Ancient COI1-Independent Function for Reactive Electrophilic Oxylipins in Thermotolerance. *Curr. Biol.* 30 (6), 962–971.
- [17] A. Chini et al. (2018). An OPR3-Independent Pathway Uses 4,5-Dihydrojasmonate for Jasmonate Synthesis. *Nat. Chem. Biol.* 14 (2), 171–178.
- [18] N. Taki et al. (2005) 12-oxo-phytodienoic acid triggers expression of a distinct set of genes and plays a role in wound-induced gene expression in *Arabidopsis*. *Plant Physiol.* 139, 1268–1283.
- [19] A. Dave et al. (2016). Regulation of *Arabidopsis thaliana* seed dormancy and germination by 12-oxophytodienoic acid. *J. Exp. Bot.* 67 (8), 2277–2284.
- [20] A. Dave et al. (2011). 12-Oxophytodienoic Acid Accumulation during Seed Development Represses Seed Germination in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 23 (2), 583–599.
- [21] K. Wang et al. (2018). Two Abscisic Acid-Responsive Plastid Lipase Genes Involved in Jasmonic Acid Biosynthesis in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell* 30 (5), 1006–1022.
- [22] A. K. Nilsson et al. (2012). Oxo-phytodienoic acid (OPDA) is formed on fatty acids esterified to galactolipids after tissue disruption in *Arabidopsis thaliana*. *FEBS Lett.* 586, 2483–2487.
- [23] W. Liu, S.W. Park (2021). 12-oxo-Phytodienoic Acid: A Fuse and/or Switch of Plant Growth and Defense Responses? *Front. Plant Sci.* 12, 724079.
- [24] B. Díez-Dacal, D. Pérez-Sala (2010). Anti-inflammatory prostanoids: focus on the interactions between electrophile signaling and resolution of inflammation. *Sci. World J.* 10, 655–675.
- [25] P. C. Calder (2020). Eicosanoids. *Essays Biochem.* 64, 423–441.
- [26] J. D. Niringiyumukiza et al. (2018). Prostaglandin E2 involvement in mammalian female fertility: ovulation, fertilization, embryo development and early implantation. *Reprod. Biol. Endocrinol.* 16, 43.
- [27] C. D. Funk (2001). Prostaglandins and leukotrienes: advances in eicosanoid biology. *Science* 5548, 1871–1875.
- [28] Y. Hayashi (2016). Pot economy and one-pot synthesis. *Chem. Sci.* 7, 866–880.
- [29] J. Löwe et al. (2020). From a Biosynthetic Pathway toward a Biocatalytic Process and Chemocatalytic Modifications: Three-Step Enzymatic Cascade to the Plant Metabolite *cis*-(+)-12-OPDA and Metathesis-Derived Products. *Adv. Sci.* 7, 1902973.

Verfasst von:



Madita Knieper studierte Biowissenschaften (B. Sc.) an der Universität Osnabrück gefolgt von Molekularer Zellbiologie (M. Sc.) an der Universität Bielefeld. Sie promoviert seit 2021 im Themenbereich der Synthese von Oxylipinen und Oxylipin-derivaten und ihrer biologischen Aktivität.



Joel Niklas Bayer studierte Biologie (B. Sc.) mit den Schwerpunkten Genetik, Physiologie und Zellbiologie an der Universität Bielefeld und beendet dort derzeit seinen Masterstudiengang Molecular Cell Biology.



Karl-Josef Dietz studierte Biologie an der Universität Würzburg mit den Schwerpunkten Pflanzenphysiologie, Physiologische Chemie, Pharmazeutische Biologie und Mikrobiologie. Nach der Promotion 1985 war er Postdoc an der Harvard University, erhielt 1997 den Ruf auf die C4-Professur für Biochemie und Physiologie der Pflanzen der Universität Bielefeld. Schwerpunkte seiner Forschung sind die Photosynthese und retrogrades Signalling, abiotische Stressanpassung bei Pflanzen und das Redox-regulatorische Netzwerk der Zelle.



Andrea Viehhauser studierte Biologie und Chemie für das Lehramt an Gymnasien an der Universität Würzburg und promovierte 1999 am Lehrstuhl Botanik I. Nach einem Postdoc-Aufenthalt an der University of Arizona kam sie 2000 an den Lehrstuhl für Biochemie und Physiologie der Pflanzen der Universität Bielefeld. Neben der abiotischen Stressanpassung bei Pflanzen interessiert sie sich für das Redox-regulatorische Netzwerk der Zelle, v. a. die Funktion von Cyclophilinen.

Korrespondenz

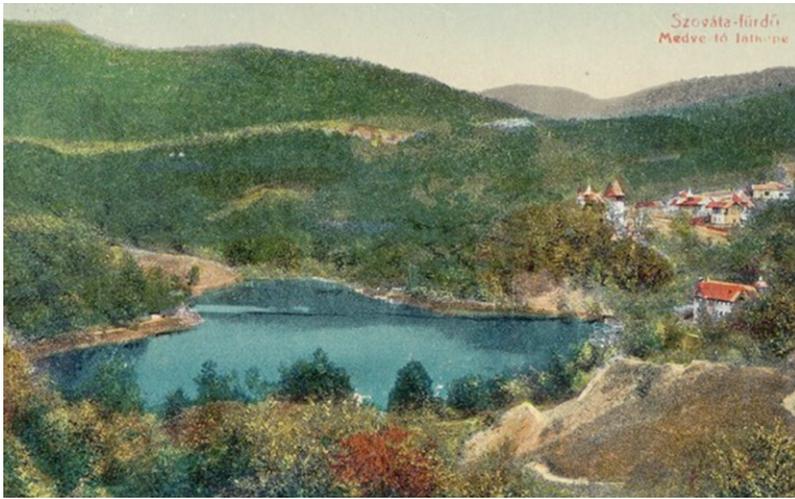
Dr. Andrea Viehhauser
Biochemie und Physiologie der Pflanzen
Universität Bielefeld
Universitätsstraße 25
33615 Bielefeld
Email: andrea.viehhauser@uni-bielefeld.de

Bezaubernde Halokline, gemusterte Biofilme

Der Bärensee in Siebenbürgen

PETER HANTZ | MINA BIZIC

mit István MÁTHÉ, Hans-Peter GROSSART, Kathryn FIXEN, Krisztina KOVÁCS, Bánk BESZTERI, Henk BOLHUIS, Tomas HAUER, Niels-Ulrik FRIGAARD, Michelle M. GEHRINGER, Hugo MOORS, Lujza KERESZTES, Zoltán KRISTÓF, Tom CLARKE, Bertalan BICSAK, Michael HOPPERT, Scott MILLER, Alfred WÜEST



Handkolorierte Postkarte mit Blick auf den Bärensee im heutigen Rumänien.

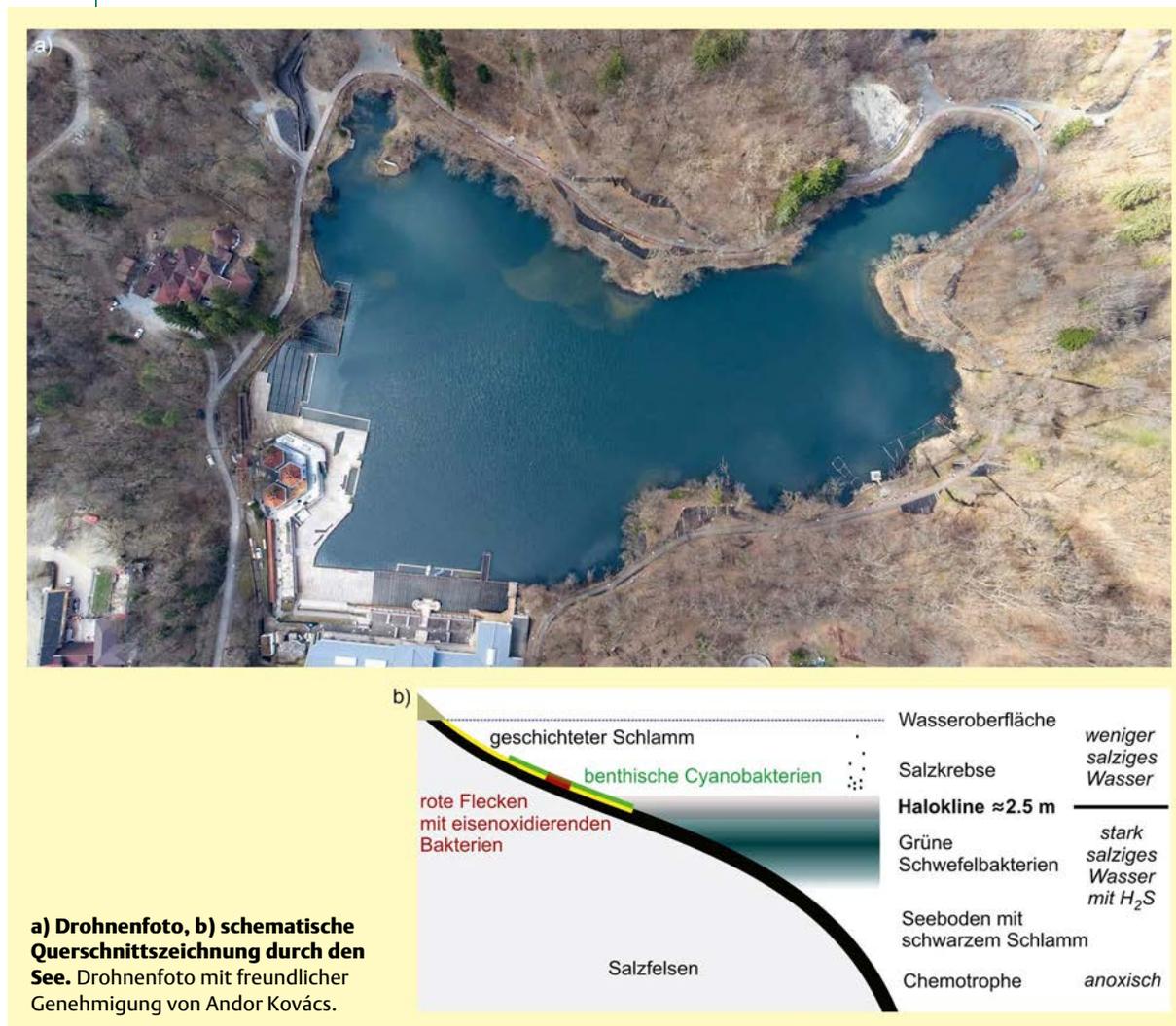
Der Bärensee in Sowata (Siebenbürgen) ist einer der größten heliothermischen Seen der Welt mit einem einzigartigen Unterwasserökosystem und „therapeutischem“ Schlamm. Der See hat eine sehr stabile Dichteschichtung mit fast gesättigtem Salzwasser in der Tiefe und weniger salzhaltigem Wasser in seiner 2,5 Meter mächtigen Oberflächenschicht. In der Übergangsschicht (Halokline), in der die Salzkonzentration mit der Tiefe rasch zunimmt, ändern sich auch Temperatur und Lichtstärke sprunghaft, wodurch mehrere ökologische Lebensräume entstehen. Cyanobakterien, die in Biofilmen auf dem Schlamm des Seebodens oberhalb der Halokline leben, haben einen komplexen Jahreszyklus und zeigen im Spätherbst die Bildung von Netzmustern. In der warmen Halokline schwimmen riesige Mengen an Salzkrebschen, während der Schlamm über der Halokline mit Larven von Zuckmücken und Salzfliegen besiedelt und mit roten Flecken von mikrobiologisch oxidierten Eisenverbindungen übersät ist.

Der Bärensee (ungarisch: *Medve-tó*, rumänisch: *Lacul Ursu*, Abbildung 1), einer der ganz besonderen Salzseen der Welt, entstand auf spezielle Weise: Neben der Stadt Sowata (ung.: Szováta, rum.: Sovata) in einer Region bekannt als „Salzgebiet“ des Szeklerlands in Siebenbürgen verstopfte im Jahre 1875 die Sinkhöhle einer Salzdoline. Bäche füllten das Tal um die Doline langsam auf und führten zum Einsturz zusätzlicher Salzfelsen [1]. Neben dem See, der von einem Wald mit meist Eichen und Buchen umgeben ist, finden wir derzeit auch aus dem Boden herausragende Salzformationen [2]. Der Bärensee ist ein ▶ meromiktischer See, d. h. er zeigt eine permanente Dichteschichtung (Abbildung 2). In den tiefen Schichten erreicht die Konzentration gelöster Salze fast die Sättigung (hauptsächlich NaCl mit Salzkonzentrationen von ~300 g/L). Der See hat eine Oberfläche von 40.100 m², während seine maximale Tiefe 18 m und die durchschnittliche Tiefe etwa 11 m beträgt. Die Oberflächenschicht, die neben einem Salzwasserbach auch von zwei Süßwasserbächen gespeist wird, ist dagegen deutlich weniger salzhaltig (~35 bis ~70 g/L). Diese Schichtung führt letztlich zum berühmten heliothermischen Effekt, bei dem Sonnenwärme in der Salzschiicht gespeichert wird.

Die Oberflächentemperatur des Sees korreliert mit der Außentemperatur (im Winter kann sie unter den Gefrierpunkt fallen, im Sommer bis zu 25 °C erreichen), während die Temperatur in der Tiefe ständig um ca. 20 °C liegt. Die Temperatur der Halokline in etwa 2,5 m [3, 4] kann durch den heliothermischen Effekt allerdings höher sein als an der Oberfläche. Zu Beginn des 20. Jahrhunderts erreichte die Spitztemperatur der Halokline im Sommer sogar 63 °C [3]. Diese Temperatur nahm im Laufe der Jahre allmählich ab und liegt heute bei etwa 40–45 °C. Ein Grund dafür ist eine Störung der Halokline durch das im Sommer für begrenzte Stunden zugelassene Baden in etwa einem Drittel des Sees. Wahrscheinlich kommen aber noch andere, unbekannte Faktoren hinzu, welche die Sommer-temperatur der Halokline senken.

In einer ausgeprägten Halokline wie im Bärensee verhindert die starke Dichteschichtung jegliche turbulente Durchmischung. Zwar gibt es immer noch einen geringen Transport von Wärme und von Salz vom Tiefenwasser in Richtung Oberflächenschicht, doch bleibt

ABB. 1 | TOPOGRAFIE DER BÄRENSEES



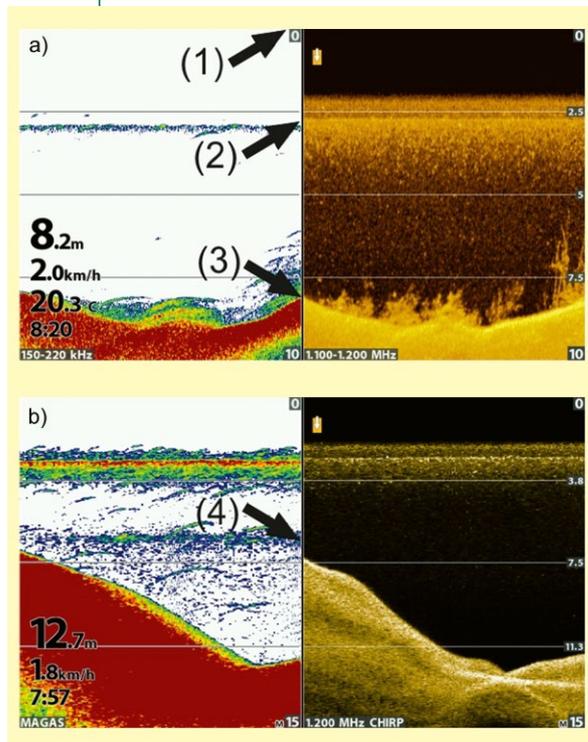
Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 377 erklärt.

dieser auf die stets vorhandene molekulare Diffusion beschränkt. Da die Wärme 70-mal rascher als Salz diffundiert und weil die Wasserdichte sowohl von der Temperatur als auch von der Salzkonzentration abhängt, verändert diese molekulare Diffusion auch das Dichteprofil der Wasserschichtung. Unter besonders günstigen Verhältnissen der Schichtung von Temperatur und Salz kann diese Diffusion spontan zu einer Dichteinstabilität führen, welche lokal eine dünne vermischte Wasserschicht erzeugen kann. Dieses Phänomen, welches als „Doppeldiffusion“ bezeichnet wird, manifestiert sich meistens in perfekt homogen-gemischten Schichten. Diese Schichten sind durch extrem stabile Übergänge voneinander getrennt, wie dies beispielsweise beim Kivusee in Ostafrika sehr ausgeprägt der Fall ist. Unsere Forschungsgruppe verwendete unter anderem ein Sonar, um den See zu untersuchen (Abbildung 2). In der Tat zeigte das Gerät bei einer Messung im Oktober eine zweite Schichtung in etwa 10 m Tiefe, unterhalb der bekannten Halokline (Abbildung 2b).

IN KÜRZE

- Der Bärensee in Siebenbürgen ist ein meromiktischer See mit **permanenter Dichteschichtung**. Das salzige Tiefenwasser speichert die Sonnenwärme, ein Phänomen, das als Heliothermie bekannt ist.
- An der **haloklinen Grenzschicht** mit ihrem starken Dichtegradienten können eindrucksvolle Experimente durchgeführt werden. So bleiben hier viele Partikel wie Pflanzenreste oder Samen in der Schwebe.
- Der **Jahreszyklus der Cyanobakterienmatten** beinhaltet eine musterbildende Phase im Spätherbst, während der sich retikuläre (netzartige) Strukturen bilden.
- Rote Flecken auf dem Schlamm werden wahrscheinlich von **eisenoxidierenden Bakterien** erzeugt, die Eisen(II)-Sulfid-Verbindungen zu Eisen(III)-Oxid oxidieren.
- Eine große Zahl von **Salzkrebsen der Gattung Artemia** kann im See beobachtet werden, welche hauptsächlich in der warmen Halokline vorhanden sind.
- Im Mai bildet sich eine „Wiese“ der **Grünalge Entemorphia sp.** im See aus.

ABB. 2 | SONARAUFNAHMEN DES BÄRENSEES



Die Aufnahmen stammen von September (a) und Oktober 2020 (b) und zeigen vertikale Schnitte aus den Tiefen des Sees in zwei Frequenzbereichen. Der monochrome Teil von Bild (a) zeigt abgestorbene Vegetation am Grund des Sees (höhere Frequenz). Im Farbbild vom Oktober (b, niedrigere Frequenz) erscheinen Spuren einer zweiten Dichteschicht im See. Pfeile: (1) Wasseroberfläche, (2) Halokline, (3) Seeboden mit Schlamm (4), zweite Dichteschicht im Oktober.

Heliothermie – stabile Heißwasserschicht in der Tiefe

Heliothermie ist ein Charakteristikum einiger meromiktischer Seen [3, 4]. Dieses Phänomen beruht darauf, dass die tieferen Schichten des Sees durch die Sonneneinstrahlung stark erwärmt werden. Heliotherme Seen sind an der Oberfläche kühler, weil sie – besonders nachts – Wärme an die Atmosphäre abstrahlen, während die Wärme in den tieferen Schichten wie in einer Batterie „gespeichert“ bleibt. Mit zunehmender Temperatur nimmt die Dichte von Wasser zwar ab, da aber das warme Wasser in den tieferen Schichten durch seine hohe Salzkonzentration eine viel höhere Dichte als das Wasser in den flacheren Schichten aufweist, verbleibt es dauerhaft in der Tiefe. Daher können im Bärensee wärmere Schichten (die Halokline, die sich im Sommer bis auf 40–45 °C aufheizt) trotzdem unterhalb der kühlen Oberflächenschicht liegen bleiben und zu einer permanenten meromiktischen Schichtung führen. Andere eindruckliche Beispiele für dieses Phänomen sind die Salzseen in der libyschen Sahara-Wüste oder auch der Hot Lake in Washington (USA).

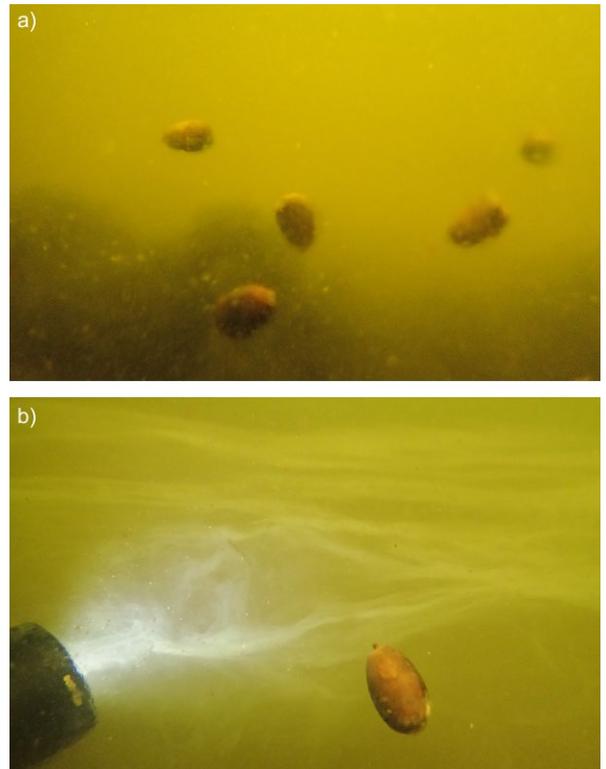


ABB. 3 In der Halokline schwimmen verstreute Eicheln. a) Die dunkle Wolke besteht aus grünen Schwefelbakterien, die direkt unterhalb der Halokline leben. b) Die in einem Experiment in die Halokline gegossene Milch breitet sich in einem Schleier entlang der Dichtesprungschicht aus.

Die Halokline – schweben wie im Weltraum

In der permanenten Halokline können spektakuläre Experimente durchgeführt werden. Blätter, Eicheln und einige Früchte, die dichter als Oberflächenwasser sind, aber weniger dicht als das unterhalb der Halokline liegende, dichte Salzwasser, können in der Grenzschicht „schweben“ (Abbildung 3a). Auch Milch (mit gut unterscheidbaren optischen Eigenschaften unter Wasser) kann man so in der Halokline ausbreiten (Abbildung 3b). Die Wasserschicht unter der Halokline ist eine Art zweiter „See im See“, in der sogar (interne) Wellen schwingen. Die Grenze zwischen Ober- und Tiefenschicht ist jedoch deutlich zu erkennen, da sie von einer Gemeinschaft grüner Schwefelbakterien reichlich besiedelt wird, die in einer Tiefe von rund 2,5 bis 3 m leben und dort das Sonnenlicht nutzen können (Abbildung 4). Viele der in den See gefallen Pflanzenreste sammeln sich in dieser Dichtesprungschicht an und werden durch die horizontalen Strömungen kontinuierlich zerkleinert und durch Mikroorganismen abgebaut.

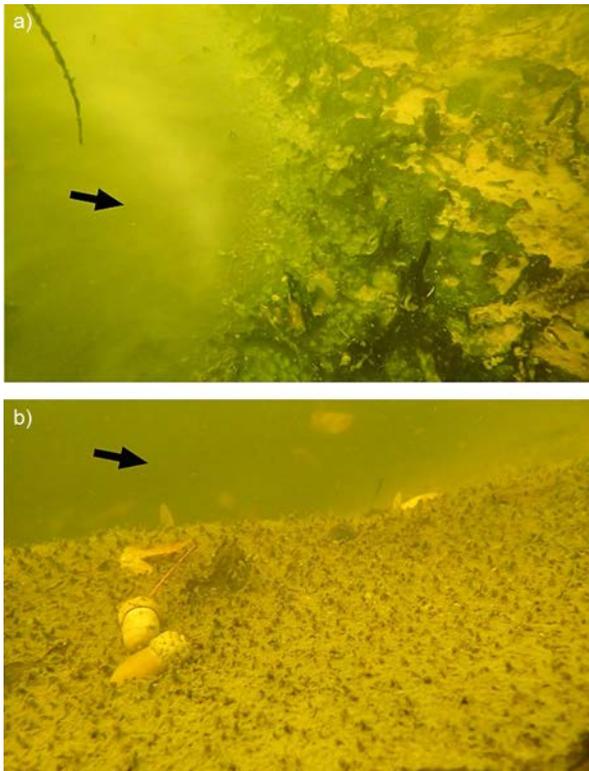


ABB. 4 a) Grüne Schwefelbakterien beschatten die Halokline. In der Schlammregion oberhalb der Halokline (rechter Bildrand) können Blaualgen (Cyanobakterien) beobachtet werden. b) Das grüne Feld im Bildhintergrund im stark salzhaltigen Wasser unterhalb der Halokline (~2,5 m Tiefe) wird von grünen Schwefelbakterien gebildet. Pfeile: Wasser unter der Halokline, deren Farbe von grünen Schwefelbakterien stammt.

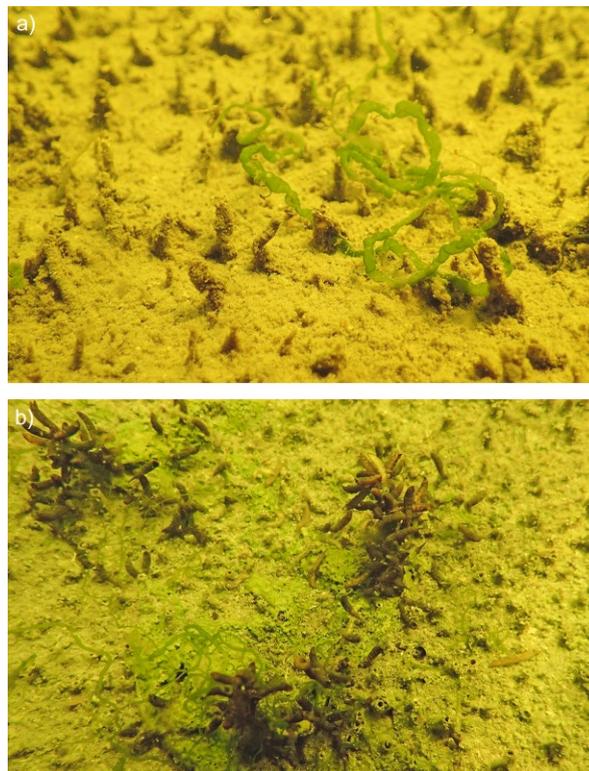


ABB. 5 Der sauerstofffreie Schlamm unterhalb der Halokline wird nur von Bakterien und Archaeen bewohnt, jedoch ist er oberhalb der Halokline voller Leben. Neben den Röhren mit *Chironomus* sp. Mückenlarven (a) und den „Knospen“ von Salzfliegenlarven (b) sind die Fäden der Grünalge *Enteromorpha intestinalis* (früher bekannt als *Ulva intestinalis*) sichtbar.

Große Anzahl von ökologischen Lebensräumen

Unterhalb der Halokline leben grüne Schwefelbakterien (meist *Prosthecochloris* sp.), die bei ihrer Photosynthese nicht die Wasserspaltung nutzen, um Sauerstoff freizusetzen, sondern Schwefelwasserstoff. Bei diesem Prozess der anoxygenen Photosynthese wird der Schwefelwasserstoff zu elementarem Schwefel oxidiert. Darunter – wo kein Licht ankommt, weil es bereits weitgehend von den grünen Schwefelbakterien in der darüberliegenden Schicht absorbiert worden ist – überleben nur ► chemotrophe und ► heterotrophe Bakterien und Archaeen. Am tiefen Grund des Sees leben verschiedene sulfatreduzierende Bakterien, die oxidierte Schwefelverbindungen zu Schwefelwasserstoff (H_2S) reduzieren [5–8]. Dieser Prozess wird als anaerobe Atmung bezeichnet und versorgt die Bakterien in Abwesenheit von Sauerstoff mit Energie. Dabei oxidieren die Bakterien die organischen Verbindungen im See und verwenden Sulfat als Elektronenakzeptor [9]. In den tieferen Regionen des Sees kann die Konzentration des Schwefelwasserstoffs sogar 250 mg/L erreichen.

Im Schlammboden oberhalb der Halokline, wo es noch Sauerstoff gibt, leben auch tierische Gemeinschaften. Hier findet man Unmengen von Larvenröhren einer halotoleranten (salztoleranten) Mücke (*Chironomus* sp.) und knospenförmige Larven der halophilen (salzliebenden) Salzfliege (Ephydridae; Abbildung 5). Salzhaltige Seen sind aufgrund der ► osmotischen Dehydratation sehr selektive Ökosysteme für spezielle halotolerante Insektenlarven, was sich in einer geringen Artenanzahl widerspiegelt. In einigen Teilen der Welt werden Salzinsekten auch als wichtige Proteinquellen verwendet: So sind in Nordamerika die Paiute-Indianer rund um den salzhaltigen Monoosee auch als Kutzedika-Indianer bekannt, was Fliegenesser bedeutet.

Forschungstauchgänge im Bärensee zeigten eine Reihe roter Flecken auf dem Schlammboden oberhalb der Halokline (Abbildung 6a). Sequenzanalysen der 16S rRNA-Gene (Metabarcoding) zeigten, dass diese Flecken aus Bakteriengemeinschaften bestehen, die sich zum signifikanten Teil aus Mitgliedern der Familie der Rhodobacteraceae zusammensetzen. Zu ihnen gehört eine Reihe von

Eisen(II)-Oxidierern, die z. B. schwarzes Eisen(II)-Sulfid in rötliches Eisen(III)-Oxid umwandeln, wenn die Sauerstoffkonzentration niedrig ist. Daher werden diese Flecken auf dem Schlamm wahrscheinlich von eisenoxidierenden Bakterien erzeugt. Diese können die aus dem Fe(II)-haltigen Schwarzschlamm stammenden Eisen(II)-Ionen zu rotem Eisen(III)-Oxid oxidieren [10]. Die Organismen gewinnen – wenn auch nur wenig – Energie durch diese sauer-

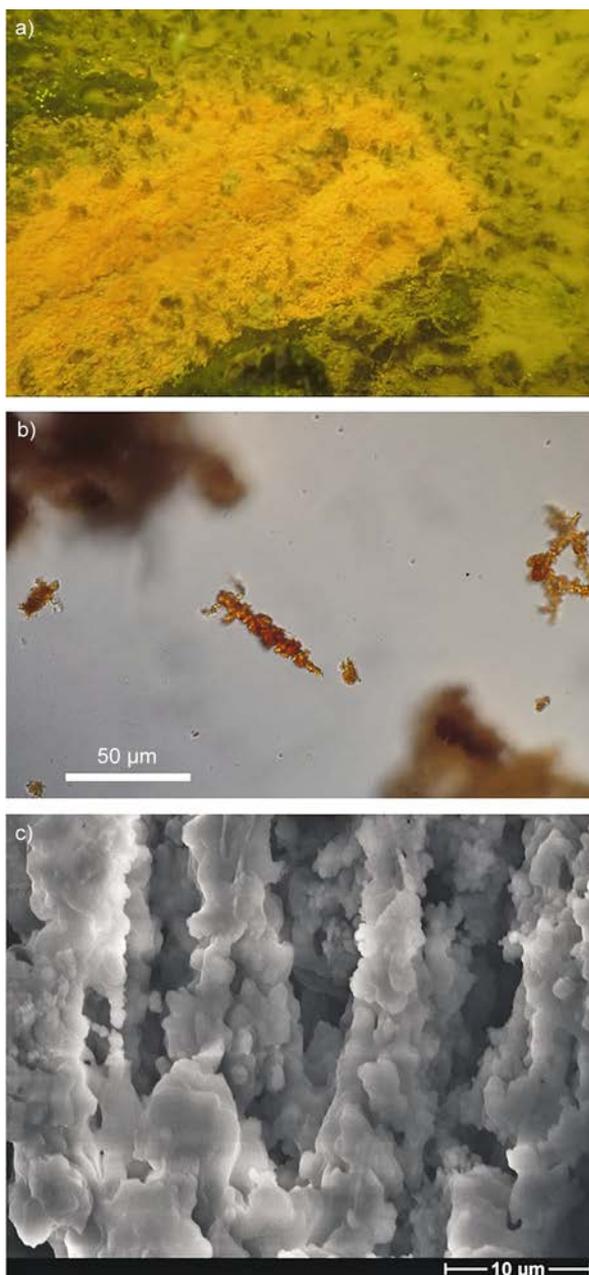


ABB. 6 Aktivität eisenoxidierender Mikroorganismen. Rote Eisen(III)-Oxide auf dem Schlamm am Seegrund (a). Optische (b) und rasterelektronenmikroskopische (c) Aufnahmen von Strukturen, die von eisenoxidierenden Bakterien gebildet werden, sowie dem darauf abgeschiedenen Eisenoxid. Abbildung (b) mit freundlicher Genehmigung von Nicolae Dragoş.

stoffabhängige Eisenoxidation. Das dabei entstehende Fe^{3+} -Ion ist schwer löslich und würde sich sofort an der Bakterienzelle anlagern. Um dies zu verhindern, produzieren die Eisenoxidierer große Mengen an extrazellulären Polymeren. Eisenoxid/-hydroxid lagert sich sofort an diesen Strukturen ab. Sie sehen unter dem Licht- und Elektronenmikroskop wie raue Fäden aus (Abbildung 6b und 6c) [11, 12].

Bei unseren Forschungen entdeckten wir sehr ausgeprägte Schichtstrukturen auf dem Schlamm oberhalb der Halokline: Über der tieferen, schwarzen (reduzierten) Masse befindet sich eine gelbe (oxidierte) Schicht (Abbildung 7). Die verschiedenen Farben stammen von unterschiedlichen Oxidationsstufen, vor allem von eisen- und schwefelhaltigen Substanzen.

Ende Mai sieht die Oberfläche des Sees wie eine grüne Wiese aus: Sie besteht größtenteils aus Grünalgen (*Enteromorpha* sp., Abbildung 8). Diese Röhrenalge ist in einigen Meeren weit verbreitet. Nach ein paar Wochen sinken die Algen ab und die Oberfläche wird wieder „sauber“.

Gemusterte Biofilme von Cyanobakterien

Beim Forschungstauchen entdeckten wir auch Biofilme von Cyanobakterien – umgangssprachlich als Blaualgenteppeiche bekannt – auf dem gelben Schlamm oberhalb der Halokline. Diese sind in Abhängigkeit von Tiefe und Jahreszeit, in der sie auftreten, sehr unterschiedlich. Der obere (flachere) Teil des Biofilms bildet im Herbst in der Nähe der Halokline eine netzartige Struktur aus [13]. Im Frühsommer bildet sich auch in den flacheren Bereichen eine dicke grüne Schicht. Diese wird im Juli fragmentiert und „zerknittert“, während im August die Struktur größtenteils verschwunden ist (Abbildung 9). In diesem Biofilm fanden wir mehrere Cyanobakterienarten, z. B. aus den Gattungen *Limnospira*, *Geitlerinema*, *Kamptonema* oder *Synechococcus*, die an die extremen Umweltbedin-



ABB. 7 Der Schlamm über der Halokline ist geschichtet. Sein Inneres ist schwarz, was auf das Vorhandensein von reduzierten Eisensulfiden hinweist. Seine Oberfläche ist dagegen gelb (oxidiert).

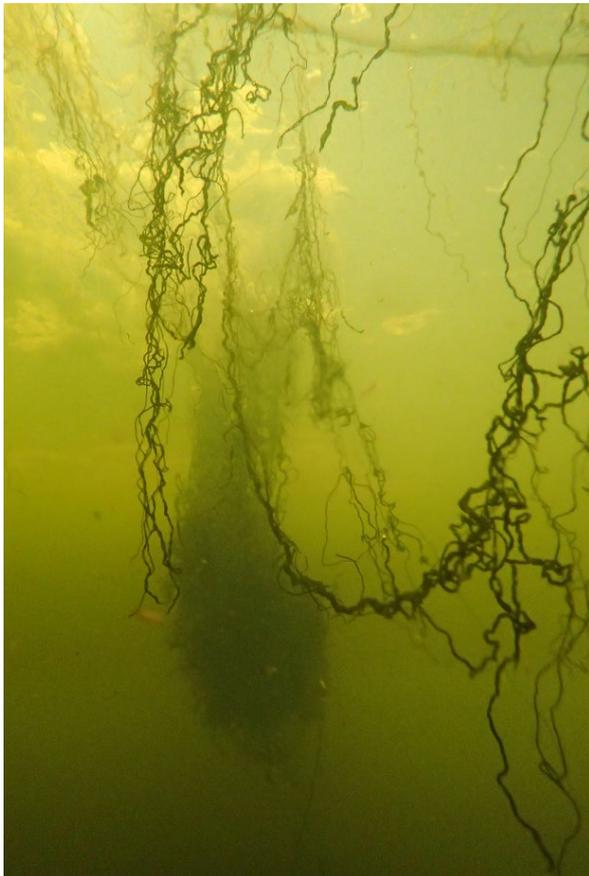


ABB. 8 Wucherung von *Enteromorpha* sp. Anfang Juni.

gungen im Bärensee gut angepasst sind. Einige dieser Cyanobakterien enthalten das spezialisierte Chlorophyll *d*, das es ihnen ermöglicht, Infrarotlicht (> 700 nm) zu nutzen. Wir arbeiten daran, die Veränderungen in der Artenzusammensetzung mit ihrer Funktion im Ökosystem in Verbindung zu bringen wie z. B. in [14].

Cyanobakterien, die dicht über der Halokline leben, müssen mit hohen Salzkonzentrationen und einer Wassertemperatur von 40 bis 45 °C im Sommer zurecht kommen. Diese Cyanobakterien, die in extremen Umgebungen anwachsen, sind sehr widerstandsfähig und deshalb gute Kandidaten, um robuste ▶ Photobioreaktoren zu bauen, möglicherweise auch für Weltraumanwendungen [15-16]. Cyanobakterien, ob thermophil oder halophil, sind aus geothermischen bzw. hypersalinen Umgebungen gut bekannt. Arten, welche die doppelte Belastung durch hohen Salzgehalt und hohe Temperaturen tolerieren können, sind zwar bekannt, wurden aber bisher noch nicht umfassend untersucht [17]. Der Bärensee bietet hierzu eine ideale Möglichkeit.

Zusätzlich wurden einige Kieselalgen beobachtet, die an den Biofilmen anhaften. Zwar sind die Kieselalgengemeinschaften im Vergleich zu denen in typischen Seen recht artenarm, allerdings ist das Vorkommen der eukaryotischen Arten unter den extremen Bedingungen im See

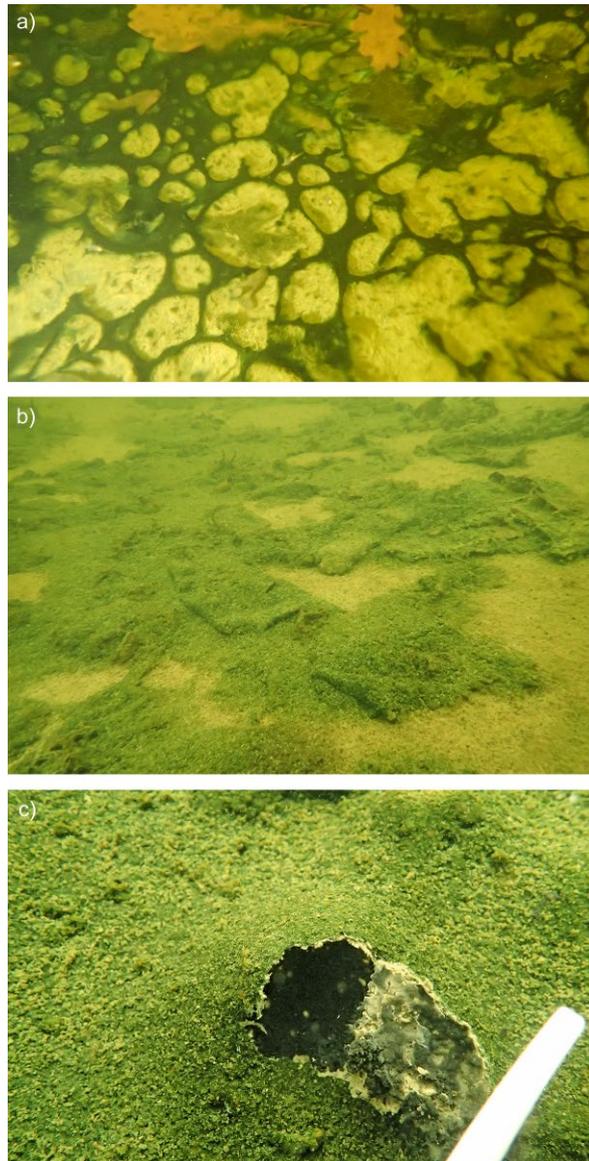


ABB. 9 Muster im photosynthetischen Cyanobakterien-teppich auf dem Schlamm mit gelber Oberfläche im Dezember (a) und Anfang Juli (b, c). Das Netzmuster (a) bildet sich spontan im Spätherbst. Im Juni erzeugen die unter dem Biofilm von Cyanobakterien gebildeten Gase eine Art „glockenförmige Erhebung“ in der Matte. Zum Größenvergleich ist der Griff eines Plastiklöffels (weißer Teil) abgebildet (c).

und damit das Vorhandensein physiologischer Anpassungen bei ihnen nicht weniger interessant als bei den Cyanobakterien [18]. Neben den von uns beobachteten Kieselalgen wurde in einer früheren molekularen Studie auch eine Art der Grünalgenart *Picochlorum* gefunden, deren Mitglieder an die unterschiedlichsten Salzkonzentrationen angepasst sind.

In der warmen Wasserschicht direkt über der Halokline sind große Mengen an Salzkrebsen (*Artemia salina*) zu finden (Abbildung 10). Die Salzkrebse stellen eine der



ABB. 10 Das Salzkrebschen *Artemia salina* an seinem Lieblingsplatz, in der Nähe der Halokline, deren Umgebung aufgrund des heliothermischen Effekts erwärmt wird.

wenigen mehrzelligen Extremophilen dar, die so hohe Salzkonzentrationen tolerieren bzw. benötigen. Die Krebstiere ernähren sich von Mikroorganismen und Algen. Da sie keine Konkurrenten und Fressfeinde haben, können sie in enormer Zahl auftreten.

Die exotische Umgebung des Sees

Ein benachbarter See mit konzentrierter Salzlösung, dessen Ablauf in den Bärensee mündet, wird wegen seiner roten Farbe im Sommer Purpurner See genannt. Dort stammt die rote Farbe von salztoleranten Archaea, die Bac-

ANALYSE MIKROBIELLER PHOTOPIGMENTE

Für die Analyse und Quantifizierung von Pigmenten photosynthetischer Organismen wie Chlorophyllen und Carotinoiden kann unter anderem die Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (HPLC) verwendet werden. Die Pigmente werden dafür mit einem organischen Lösungsmittel wie Aceton aus einer Probe extrahiert und auf eine Chromatographiesäule aufgetragen. Die Säule wird kontinuierlich mit einem Lösungsmittel gespült, was zu einer Trennung der Moleküle in der Probe nach Größe und Polarität führt. Der Fotodioden-Array-Detektor, der kontinuierlich das gesamte Absorptionsspektrum (200 bis 1000 nm) des Säulen-Eluats aufzeichnet, erlaubt eine sehr gute Unterscheidung und Quantifizierung der verschiedenen Photopigmente. Die Komponenten der Proben werden anhand ihrer Retentionszeit (die Zeit vom Eintritt in die Säule bis zum Verlassen der Säule) und ihres Absorptionsspektrums identifiziert. Opsin-ähnliche Proteine (wie Bacteriorhodopsin) mit assoziierten Chromophoren, die von Retinal abgeleitet sind, zeigen sich nicht in der HPLC-Analyse, weil die Chromophore kovalent an das Proteinrückgrat gebunden sind. Daher werden sie nicht in die organischen Lösungsmittel extrahiert, sondern fallen mit dem Protein aus.

teriorhodopsin enthalten. Die HPLC-(*high performance liquid chromatography*)-Analyse von photosynthetischen Pigmenten von Mikroorganismen (siehe auch Kasten „Analyse mikrobieller Photopigmente“) in rot gefärbten, salzhaltigen Tümpeln in der Nähe des Bärensees (Abbildung 11) ergab einen hohen Gehalt an Scytonemin. Dies wird in Cyanobakterien gefunden, die starkem Sonnenlicht ausgesetzt sind, da Scytonemin als ein Sonnenschutzpigment wirkt, das die schädliche UV-Strahlung der Sonne absorbiert.

Die Erforschung der Mikrobiologie und Ökologie exotischer Umgebungen hat einen hohen Nutzen für die Menschheit gebracht – beispielsweise durch den Einsatz von Extremoenzymen in der PCR-Reaktion oder in Reinigungsmitteln, Mikroben für die Biokraftstoffproduktion oder für die Abwasserreinigung. Ein weiteres Beispiel ist Halorhodopsin, das lichtgesteuerte Transmembranprotein bestimmter halophiler Mikroorganismen, das als erstes Instrument in der Optogenetik (eine biologische Technik zur Kontrolle der Aktivität von Neuronen oder anderen Zelltypen mit Licht) zum Herunterregeln der Aktivität von Neuronen verwendet wurde. Isolierte Umgebungen mit großen physikalisch-chemischen Gradienten wie der Bärensee bieten hervorragende Bedingungen für die Evolution neuer, potenziell für den Menschen nützlichen Mikroorganismen.

Zusammenfassung

Heliotherme Salzwasserseen wie der Bärensee in Siebenbürgen haben eine stabile Dichteschichtung mit einer konzentrierten Salzlösung in der Tiefe und einer weniger salzhaltigen (und deshalb weniger dichten) Oberflächen-



ABB. 11 Mit Salz bedeckter Boden in der Nähe des Bärensees. Die rote Farbe des kleinen Baches stammt von den Cyanobakterien, die rote lichtschützende Pigmente enthalten.

schicht. Durch die Sonneneinstrahlung wird die Übergangsschicht (die Halokline) auf Temperaturen bis 40–45 °C aufgeheizt. Aufgrund der starken physikalisch-chemischen Gradienten existiert eine Reihe von biologischen Nischen. Mithilfe von Forschungstauchgängen wurde dieses einzigartige Ökosystem genauer untersucht. Besonders interessant sind die Biofilme von Cyanobakterien, die einen komplexen Jahreszyklus mit der Bildung von Netzmustern im Spätherbst zeigen sowie das Vorhandensein roter Fe₂O₃-haltigen Flecken auf dem Schlamm, die wahrscheinlich aus dem schwarzen FeS-haltigen Schlamm durch eisenoxidierende Bakterien gebildet werden. In den Biofilmen wurden auch Kieselalgentaxa gefunden, deren Verwandte aus salinen Habitaten bekannt sind.

Summary

The Bear Lake in Sovata – fascinating haloclines, patterned biofilms

Heliothermic lakes, like the Bear Lake in Transylvania, have a stable stratification with a concentrated saline layer at the bottom and a less saline (thus lower density) surface layer. Due to solar radiation, the transition layer (the halocline) is heated up to 40–45 °C. The pronounced physico-chemical gradients result in a series of biological niches. Scientific diving was used to investigate this unique ecosystem. Biofilms of cyanobacteria are especially interesting. They follow a complex annual cycle by forming reticulated patterns in late autumn presenting characteristic red Fe₂O₃ spots on the mud, probably formed from the black FeS-containing mud by iron-oxidizing bacteria. Diatom taxa, whose relatives are known for inhabiting saline habitats, have also been found in the biofilms.

Schlagworte

Heliothermie, Halokline, cyanobakterielle Biofilme, eisenoxidierende Bakterien, Chlorophyll *d*

Danksagung

Wir danken Eörs Szathmáry, András Perczel, András Málnási-Csizmadia, Mária Bálint, Ágnes Szegedi, István Jalsovszky, Nicolae Dragoş, János Fülöp-Nagy, Ha Phuong Le Thi, Péter Somogyi, Adorjan Cristea, István Csíki, László Jeremiás, Attila Ungvári, László Luka, Gergely Balázs, Tamás Felföldi und Lajos Vörös für ihre große Hilfe während unserer Arbeiten. Wir sind Ensana Health Spa Hotels Sowata, Transylvania Dive Center, My Lake Dive Center, ALT Technologies Ltd., Hajósparadicsom Lc., Octogon Lc., Dive Adventures Association, Biomi Lc. und Kolla Lc. für ihre logistische Unterstützung, und Bálint Analitika Kft. für die Durchführung chemisch-analytischer Arbeiten sehr dankbar. Die Probenahme wurde gemäß der Genehmigung ANANP 1988/17.06.2021 durchgeführt.

Literatur

- [1] A. Józsa (2009). Szovátfüredő [Bad Sowata]. Korunk 20, 8. <https://epa.oszk.hu/00400/00458/00152/index6e6b.html>
- [2] J. P. Frink et al. (2013). Floristic surveys in the Lake Ursu Nature Reserve and adjacent areas (Sovata, Transylvania, Romania), Bruckenthal Acta Musei VIII. 3, 531–546.
- [3] S. Kalecsinszky (1901). [I. Über die warmen und heißen Salzseen in Sovata als natürliche Wärmespeicher II. Über die Herstellung

GLOSSAR

Chemotroph: Chemotrophe Organismen gewinnen ihre Energie durch die Oxidation organischer oder anorganischer Moleküle, nutzen also chemische Energie, um ihre organischen Moleküle herzustellen.

Heterotroph: Heterotrophe Organismen nutzen von anderen Lebewesen erzeugte organische Moleküle als Energie- und Kohlenstoffquelle zum Aufbau ihrer organischen Verbindungen. Im Unterschied dazu können autotrophe Organismen CO₂ als Kohlenstoffquelle nutzen und daraus mithilfe von Lichtenergie (Photoautotrophe) oder aus chemischer Energie (Chemolithoautotrophe) ihre Biomasse aufbauen.

Holomiktische Seen: Das Wasser holomiktischer Seen wird saisonal ein- bis zweimal im Jahr vollständig gemischt. Flache Seen in den gemäßigten Breiten gefrieren im Winter an der Oberfläche, während das tiefere Wasser wärmer bleibt (~4 °C). Im Sommer hingegen ist die Oberflächenschicht wärmer, hat eine geringere Dichte und der ganze Seewasserkörper ist stabil geschichtet. Am Anfang und am Ende des Winters kehren sich die beiden Dichteschichtungen um, so dass es zu einer Durchmischung des Wasserkörpers kommt. Die meisten Süßwasserseen sind holomiktisch.

Meromiktische Seen: Im Gegensatz zu holomiktischen Seen haben meromiktische Seen mindestens zwei Schichten, die sich kaum miteinander vermischen. Die Tiefenschicht mit höherer Dichte enthält normalerweise wasserlösliche Salze in hoher Konzentration. Die tiefere Schicht ist sauerstoffarm, da sie nicht mit Luft in Kontakt kommt. Die obere Schicht verhält sich dagegen wie ein holomiktischer See und wird mindestens ein- oder zweimal im Jahr durchmischt. Zwischen den beiden Schichten befindet sich eine Zone mit abrupter Veränderung der Konzentration gelöster Salze und der Dichte. Diese wird oft als Chemokline oder in Salzseen als Halokline bezeichnet.

Osmotische Dehydrierung: Bei der Osmose wandern Wassermoleküle durch eine halbdurchlässige Membran (z. B. die Zellmembran) aus einer verdünnten Lösung (im Inneren einer Zelle) in eine konzentriertere Lösung (das konzentrierte Salzwasser eines Salzsees). Dadurch kann es zur osmotischen Dehydrierung kommen: Ein nicht angepasster Organismus verliert in einer salzhaltigen Umgebung Wasser und stirbt. Das Salzkrebschen *Artemia* kann dagegen die osmotische Dehydrierung verhindern. Sein Darm verfügt über einen Mechanismus für die aktive Aufnahme von Wasser und kann somit den Wasserhaushalt in einer salzhaltigen Umgebung kontrollieren.

Photobioreaktoren: Bioreaktor, der eine Lichtquelle nutzt, um Cyanobakterien oder Algen zu kultivieren, welche Photosynthese verwenden, um (für Menschen verwertbare) Biomasse zu erzeugen. Dabei wird Kohlendioxid verbraucht und Sauerstoff produziert.

- heißer Salzseen und Wärmespeicher], Földtani közlöny XXXI. 10–12, 329–353. http://epa.oszk.hu/01600/01635/00046/pdf/Foldtani_kozlony_EPA01635_1901_10-12_329-353.pdf
- [4] M. Alexe, G. Şerban (2014). The evolution of heliotherm phenomenon in the karstosaline Lake Ursu from Sovata, Romania Carp. J. Earth and Env. Sci. 9, 103–111. <http://www.cjees.ro/viewTopic.php?topicId=424>

- [5] I. Máthé et al. (2014). Vertical physico-chemical gradients with distinct microbial communities in the hypersaline and heliothermal Lake Ursu (Sovata, Romania). *Extremophiles* 18, 501–514. <https://doi.org/10.1007/s00792-014-0633-1>
- [6] A. Baricz et al. (2021). Spatio-temporal insights into microbiology of the freshwater-to-hypersaline, oxic-hypoxic-euxinic waters of Ursu Lake. *Environ Microbiol.* 23, 3523–3540. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.14909>
- [7] A. Ş. Andrei et al. (2017). Hypersaline sapropels act as hotspots for microbial dark matter. *Sci Rep.* 7, 6150. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-06232-w>
- [8] A. M. Şuteu et al. (2021). Diversity and distribution of phototrophic primary producers in saline lakes from Transylvania, Romania. *Plant Syst. Evol.* 307, 12. <https://doi.org/10.1007/s00606-020-01733-0>
- [9] K. Olson and K. Straub (2017). The Role of Hydrogen Sulfide in Evolution and the Evolution of Hydrogen Sulfide in Metabolism and Signaling. *Physiology* 31, 60–72. <https://doi.org/10.1152/physiol.00024.2015>
- [10] S. Zappa, C. E. Bauer (2013). Iron homeostasis in the *Rhodobacter* genus. *Adv. Bot. Res.* 66, 289–326. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-397923-0.00010-2>
- [11] C. S. Chan et al. (2016). The Architecture of Iron Microbial Mats Reflects the Adaptation of Chemolithotrophic Iron Oxidation in Freshwater and Marine Environments. *Front. Microbiol.* 7, 796. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00796>
- [12] T. Bouchal et al. (2012). Primary research of mine waters from the Chrutenice iron-ore deposit. *GeoSci. Eng.* LVIII 23–27, <https://doi.org/10.2478/gse-2014-0041>
- [13] R. N. Shepard, D. Y. Sumner (2010). Undirected motility of filamentous cyanobacteria produces reticulate mats. *Geobiology*, 8, 179–190. <https://doi.org/10.1111/j.1472-4669.2010.00235.x>
- [14] A. A. Voorhies et al. (2012). Cyanobacterial life at low O₂: community genomics and function reveal metabolic versatility and extremely low diversity in a Great Lakes sinkhole mat. *Geobiology* 10, 250–67. <https://doi.org/10.1111/j.1472-4669.2012.00322.x>
- [15] C. Lasseur et al. (2010). MELISSA: The European Project of Closed Life Support System. *Gravity Space Biol.* 23, 3–12.
- [16] T. Li et al. (2017). Biofilm-based photobioreactors: their design and improving productivity through efficient supply of dissolved inorganic carbon, *FEMS Microbiol. Lett.* 364:fnx218, <https://doi.org/10.1093/femsle/fnx218>
- [17] M. Banerjee et al. (2009). An unusual cyanobacterium from saline thermal waters with relatives from unexpected habitats. *Extremophiles* 13, 707–716. <https://doi.org/10.1007/s00792-009-0258-y>
- [18] S. Häusler et al. (2014). Spatial distribution of diatom and cyanobacterial mats in the Dead Sea is determined by response to rapid salinity fluctuations. *Extremophiles* 18, 1085–1094. <https://doi.org/10.1007/s00792-014-0686-1>

Verfasst von:



Dr. Peter Hantz graduierte als Biophysiker an der Eötvös Universität Budapest, Ungarn. Er promovierte in Theoretischer Physik an der Universität Genf, Schweiz. Danach arbeitete er als Postdoc am Europäischen Laboratorium für Molekularbiologie (EMBL) Heidelberg und am Friedrich-Miescher-Institut (FMI) in Basel. Derzeit ist er der Eötvös-Universität Budapest, Abt. Organische Chemie angegliedert und leitet ein Startup-Unternehmen, Fibervar Llc. in Siebenbürgen. Er forscht zur Physiologie und Musterbildung bakterieller Gemeinschaften in extremen Umgebungen und arbeitet auf den Bau von neuartigen (Photo)bioreaktoren hin.



Foto: Duan Ionescu

Dr. Mina Bizic studierte Biologie an der Universität Belgrad, Serbien. Im Anschluss arbeitete sie als Forschungsassistentin am Institut für Ozeanographie und Limnologie (IOLR) in Israel und promovierte am Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie in Bremen, Deutschland. Jetzt forscht sie am Leibniz-Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei (IGB), Berlin und Stechlin, Deutschland, im Bereich der aquatischen mikrobiellen Ökologie. Ihre Forschungsinteressen umfassen den globalen Kohlenstoffkreislauf im Hinblick auf die Methanbildung und die Kohlendioxidbindung durch Phytoplanktonblüten.

Korrespondenz

Dr. Peter Hantz
Fibervar SRL
Str. Bolintineanu Nr. 20
RO-400062 Cluj
Rumänien

oder

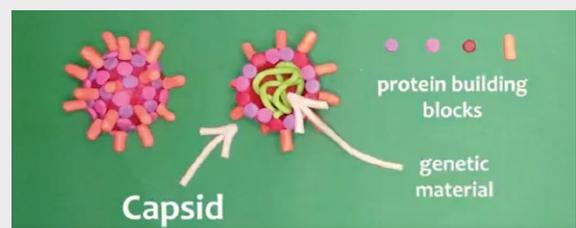
Eötvös Loránd Universität
Abt. Organische Chemie
Pázmány sétány 1/A
H-1117 Budapest
Ungarn

Email: hantz@general.elte.hu

NETZEMPFEHLUNG



BioWissKomm hat kürzlich einen Blog begonnen, in dem Themen aus verschiedenen Bereichen der Biologie einmal aus anderer Sicht und teilweise auch etwas kritisch beleuchtet werden. Für die Schule können die kurzen Artikel auch als Anregung für Diskussionen genutzt werden: <https://www.biowisskomm.de/blog/>



Gebietsfremde Pflanzen – schön und gefährlich?

Invasive Neophyten in Deutschland

SUSANNE BICKEL



Blühendes Exemplar von *Heracleum mantegazzianum* (Riesen-Bärenklau). Alle Fotos, soweit nicht anders vermerkt, von S. Bickel.

Das Wort „Invasion“ wurde in der wissenschaftlichen Literatur schon im 19. Jahrhundert verwendet, allerdings fehlte noch die negative Besetzung des Begriffs. Bereits 1895 wurde die Invasion (Einwanderung und Verbreitung) nichteinheimischer Pflanzenarten durch Eisenbahnen und Schiffe untersucht, aber ohne die aggressive Verbreitung auf Kosten der einheimischen Flora zu beachten [1]. „Invasion“ wurde damals noch wertfrei verwendet, während der Begriff in heute gebräuchlicher Weise

Was sind eigentlich biologische Invasionen? Im Grunde genommen kommen sie in der Natur alltäglich vor. Schon immer haben Pflanzen und Tiere neue Areale besiedelt und dabei andere verdrängt. Gesteuert wurden Invasionen von klimatischen Veränderungen, z. B. nach dem Ende der letzten Eiszeit vor etwa 11.000 Jahren, als große Areale vom Eis befreit waren und Raum für neues Leben entstand. Die meisten unserer heutigen „einheimischen“ Pflanzen stammen aus südlicheren Gebieten, von denen aus sie die vom Eis befreiten Landmassen besiedelt haben. Im Unterschied zu diesen „natürlichen“ Invasionen übertreffen die heutigen, vom Menschen gemachten, also anthropogenen Invasionen die damaligen um ein Vielfaches in der Geschwindigkeit und im Ausmaß. Die Globalisierung und der damit einhergehende Verkehr und Austausch von Waren machen die Invasion gebietsfremder Pflanzen und Tiere in großer Geschwindigkeit möglich.

mit der Veränderung der einheimischen Biodiversität verbunden ist [2]. Die Invasionsbiologie beschäftigt sich mit den Voraussetzungen und Folgen der Ausbreitung von gebietsfremden Pflanzen in einem neuen Gebiet. Grund für die heutige schnelle Ausbreitung von gebietsfremden Pflanzen ist häufig die absichtliche Einführung zu bestimmten, dem Menschen dienlichen Zwecken.

Die meisten nichteinheimischen Pflanzen sind Blütenpflanzen; es gibt allerdings auch Neophyten unter den

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 388 erklärt.

Algen in der Nordsee, den Moosen in den Niederlanden und den deutschen Heidelandschaften sowie den Farnen in Nordwestdeutschland [2]. Man kann die Art der Einschleppung bzw. Einwanderung von gebietsfremden Pflanzen grob unterteilen:

1. Pflanzen, die unbeabsichtigt in die einheimische Flora eingebracht werden, weil sie beispielsweise dem Saatgut in Form und Größe ähnlich sind oder zusammen mit Vogel- oder Hühnerfutter in die neue Umgebung gelangen konnten: Hierzu gehören Saatgutbegleiter wie *Solanum carolinense* (Carolina-Nachtschatten), der zusammen mit amerikanischem Sojasamen eingeschleppt wurde und – ganz bekannt wegen seiner allergenen Wirkung – *Ambrosia artemisiifolia*, die



ABB. 1 Indisches Springkraut bzw. Drüsiges Springkraut oder Bauernorchidee (*Impatiens glandulifera*) aus der Familie Balsaminaceae (Balsaminengewächse). In Großbritannien ist die Pflanze unter den Bezeichnungen **Himalayan Balsam** oder **Policeman's Helmet** bekannt.

Beifuß-Ambrosie, die mit Vogelfutter sehr erfolgreich eingeschleppt wurde und immer noch wird. Auch *Artemisia annua*, der einjährige Beifuß, kam aus seinem ursprünglichen Verbreitungsgebiet in Russland und Osteuropa wahrscheinlich über Geflügelfutter nach Ostdeutschland mit Häufung an Elbe und unterer Saale. Von hier aus konnte die Pflanze sich allmählich nach Westen hin ausbreiten.

2. Pflanzen, die über unbekannte Wege bei uns einwandern und dann unbeabsichtigt durch menschliche Aktivitäten verbreitet werden: Menschliche Aktivitäten, die natürliche Barrieren abbauen, wie Kanalbauten, Bahntrassen, Erdtransporte und anderes mehr, ermöglichen das Einwandern von Pflanzen in neue Gebiete. Der Transport von Diasporen durch Fahrzeuge entlang von Autobahnen und Bahntrassen wurde schon in den 1990er Jahren untersucht [3]. In der Schweiz wurde 2019 ein neues Verfahren erprobt, die Bestände des Götterbaumes entlang der Autobahnen zu kartieren [4]. Um die Verbreitung invasiver Neophyten zu erfassen, wurden über 4000 Kilometer Grünstreifen entlang von Schweizer Autobahnen gefilmt. Mit künstlicher Intelligenz wurden anschließend Millionen von Bildern ausgewertet. Der Götterbaum (*Alianthus altissima*), ein Neophyt aus Nordchina, entwickelt starke Wurzel- und Sprossausläufer, mit deren Hilfe er sich entlang der Straßen weiter verbreitet. Er verursacht vermehrt Schäden an Straßen und Wegen.
3. Die dritte Möglichkeit betrifft die so genannten Kulturflüchtlinge – ausgewilderte Pflanzen, die von absichtlich eingeführten Arten abstammen. Bestes Beispiel ist die als Zier- und Bienenpflanze eingeführte „Bauernorchidee“ *Impatiens glandulifera*, die sich in der Folge unkontrolliert verbreiten konnte. Heute kommt sie im gesamten Mittel- und Westeuropa vor. Auch der Riesen-Bärenklau (*Heracleum mantegazzianum*) wurde zunächst als Zierpflanze in Parks und Gärten angepflanzt, aber auch als Bienenpflanze in die freie Natur eingebracht, bevor er auswilderte und sich zunächst entlang von Flüssen verbreitete. Alle Staudenknöterich-Arten (*Fallopia spec.*) waren zunächst von England her kommend beliebte Gebüschpflanzen in Parks. Sie wurden beispielsweise auch zur Uferbefestigung an Böschungen angepflanzt, wobei aber bald festgestellt werden musste, dass sie dazu nicht taugen (s. u.).

IN KÜRZE

- In den meisten Fällen ist **der Mensch Wegbereiter biologischer Invasionen**, weil exotische Pflanzen unbeabsichtigt, beispielsweise zusammen mit Saatgut, oder beabsichtigt zum menschlichen Nutzen eingeführt werden.
- Am auffälligsten und **in Deutschland am weitesten verbreitet** sind das Indische Springkraut, auch Bauernorchidee genannt (*Impatiens glandulifera*), die asiatischen Knöterichgewächse (*Fallopia spec.*) sowie der Riesen-Bärenklau (*Heracleum mantegazzianum*).
- Die Herkulesstaude ist problematisch wegen der **hohen Konzentration photo-toxischer Furanocumarine**, aber sonst eine reichhaltige Futterquelle für Bienen, die auf Ruderalflächen ansiedelt und gefährdete Arten kaum bedroht.
- Die Knöterich-Arten haben ein **hohes Verbreitungspotenzial** und neigen dazu, Flussufer zu erodieren und Gebäude zu beschädigen. Sie sind nur sehr schwer zu bekämpfen.
- Das Indische Springkraut hat durch seine große Anzahl von Samen und dem Schleudermechanismus der Samenkapseln eine sehr hohe Ausbreitungsrate, ist aber auch **eine gute Bienenpflanze**.
- Die Sinnhaftigkeit der Bekämpfung von Neophyten sollte in jedem Einzelfall geprüft werden, denn laut Naturschutzgesetz sind **auch die etablierten Neobiota schützenswert** und ist eine besiedelte, durch Menschen gestörte Fläche allemal besser als Brachland ohne Pflanzen.

Heimisch, einheimisch oder nichteinheimisch?

Der Begriff „heimisch“ wird im Bundesnaturschutzgesetz verwendet [5]. Er ist aber nicht zu verwechseln mit dem in der Vegetationskunde gebräuchlichen „einheimisch“. Mit „heimisch“ sind im Gesetz alle Pflanzen gemeint, die sich in unseren Vegetationszonen wohlfühlen und sich etabliert haben, also auch alle, die eingewandert sind. Diese Interpretation führt häufig zu Irritationen. Vegetationskundlich einheimische Pflanzen sind Arten, die das eisfrei

werdende Land in Mitteleuropa nach der letzten Eiszeit vor ca. 11.000 Jahren nach und nach erobert haben und sich verbreiten konnten, und zwar ohne menschliche Hilfe. Diese Pflanzen werden in der Literatur auch als „indigene“ Pflanzen bezeichnet [2]. Nichteinheimisch sind dagegen Pflanzen, die nach der letzten Eiszeit nur durch menschliches Zutun hier anwachsen und sich vermehren konnten, diese werden in der biologischen Literatur als „Neobiota“ den Indigenen gegenüber gestellt.

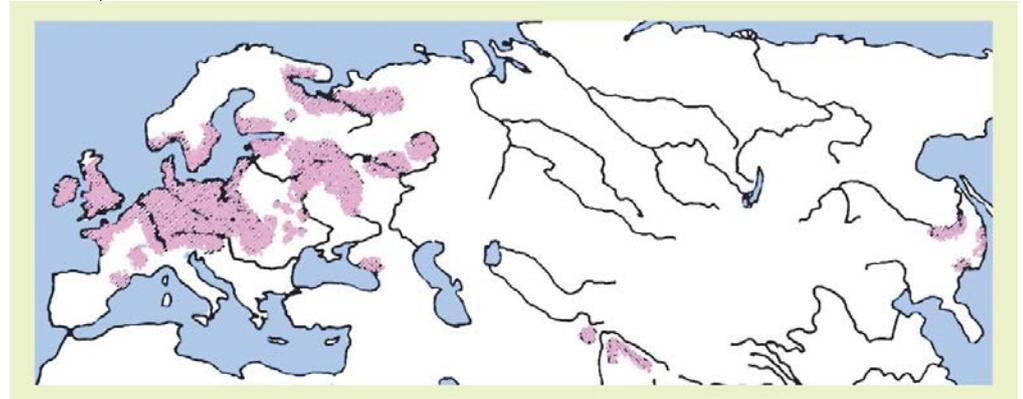
Die pflanzlichen Neobiota unterteilt man weiter in Archaeophyta, die sich bereits vor dem Jahr der Entdeckung Amerikas (1492) etabliert hatten, und in Neophyta, die nach dem Jahr der Entdeckung Amerikas eingebürgert wurden [6]. Handel und vor allem Verkehr spielen für die Einführung von Neobiota eine sehr wichtige Rolle. Nach der Entdeckung Amerikas begann sehr bald der transkontinentale Handel und verstärkte sich rasant. Daher wurde das Jahr der Entdeckung Amerikas als Stichtag für die Einführung von Neozoen („Neu-Tiere“) und Neophyten („Neu-Pflanzen“) festgelegt.

Vorsätzlich eingeführt: das Indische Springkraut

Das indische Springkraut (*Impatiens glandulifera* Royle, Abbildung 1) wird nicht ohne Grund auch Bauernorchidee genannt. Die duftenden, 25–40 mm großen purpurroten, rosa oder weißen Blüten mit dem bis zu 7 mm langen Sporn sind nicht nur attraktiv für Bienen, sondern auch für die Menschen. *Impatiens glandulifera* ist mit einer Wuchshöhe von 1 bis 2 m das höchste einjährige, krautige Gewächs in Europa [2]. Das Indische Springkraut stammt aus dem westlichen Himalaya von Kaschmir bis Nepal, wo es in Höhen von 1800 m bis 3000 m wächst. Die Pflanze kam 1839 zunächst als Gartenpflanze nach Europa und wurde dann durch Gartenliebhaber und vor allem durch Imker verbreitet. Die großflächige Ausbreitung von *Impatiens glandulifera* geschah erst in der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts [7].

Erstnachweise für *Impatiens glandulifera* als Neophyt wurden 1880 auf der Pfaueninsel in Berlin-Wannsee, 1897 in Hamburg, 1912 in der Pfalz und in Tirol und 1917 in Garmisch geführt [8]. Schon damals wurde für den Fall einer Klimaerwärmung ein rapider Anstieg der Ausbreitung angenommen [9]. Heute ist die Pflanze in ganz Europa von den Britischen Inseln bis nach Russland verbreitet (Abbildung 2). Auch in der Schweiz gab es bereits 1904 Berichte über verwilderte Pflanzen; von dort wanderten sie rheinabwärts nach Baden-Württemberg, wo sie 1920 schon in größeren Populationen vorkamen. Ein Vergleich

ABB. 2 | VERBREITUNG VON *IMPATIENS GLANDULIFERA*



I. glandulifera ist heute in Europa, im Fernen Osten Russlands sowie seinem Herkunftsgebiet, dem westlichen Himalaya, verbreitet. Abbildung verändert nach [12].

der Ausbreitungsgeschichte in verschiedenen europäischen Ländern – soweit Daten verfügbar waren – zeigte, dass *Impatiens glandulifera* immer nach einer initialen Verzögerungsphase der Eingewöhnung in exponentieller Weise neue Lokalitäten besetzte [10]. Die größten Dominanzbestände findet man entlang von Fließgewässern und in Auengebieten, denn *Impatiens* braucht feuchte Böden. Austrocknung vertragen weder die ausgewachsenen Pflanzen noch die ausgestreuten Samen. Von den flussnahen Gebieten dringt die Pflanze auch in Auenwälder ein, sofern das Kronendach nicht zu dicht ist (Abbildung 3) [11].

Welche Faktoren fördern die invasive Ausbreitung von *Impatiens glandulifera*?

Vergleicht man das ursprüngliche Verbreitungsgebiet im Himalaya mit der Ausbreitungskarte in Europa (Abbildung 2), so fällt auf, dass das Indische Springkraut sich in seinem Heimatgebiet weniger verbreiten konnte [12]. Dort wächst *Impatiens* in feuchten, nährstoffreichen Arealen wie bei uns auch, allerdings in einer Höhe von 1800 bis 3000 m. Das geringe Ausbreitungspotenzial hat zum einen mit der typischen Landschaftsformation im Heimatgebiet zu tun, zum anderen mit der Vorliebe der Pflanze, sich auf gestörten Flächen anzusiedeln. Im europäischen Verbreitungsgebiet ist die einheimische Vegetation sehr häufig gestört durch Wege- und Straßenbauten sowie verbaute und kanalisierte Flüsse, an denen entlang sich *Impatiens* ansiedelt. Auch die Nährstoffanreicherung im Boden und Umweltverschmutzung im Zusammenspiel mit dem geringeren Druck durch Fressfeinde und Parasiten (Pilze) wird zur Erklärung für die rasche Verbreitung herangezogen [12]. Die Samen benötigen zum Auskeimen einen Kältereiz, der durch hohe Nitratkonzentrationen im Boden verkürzt wird. [13]. Ausschlaggebend ist letztendlich die große Anpassungsfähigkeit des Indischen Springkrauts an veränderte Umweltbedingungen sowie seine generative und vegetative Reproduktionsfähigkeit.



ABB. 3 Blühender *Impatiens glandulifera*-Bestand im Auwald (Urdenbacher Kämpe).



ABB. 4 *Impatiens glandulifera* mit Früchten und aufgesprungener Frucht. Vergrößert: aufgesprungene Frucht mit uhrfederartig eingerollten Karpellen (Fruchtblättern).

Unter optimalen Bedingungen kann eine Pflanze von *Impatiens glandulifera* 2000 bis 4000 Samen produzieren; schon allein das ermöglicht eine hohe Ausbreitungsrate. Blüten und Fruchtkapseln befinden sich gleichzeitig an einem Blütenstängel. Die Fruchtkapseln werden 1,5 bis 3 cm lang und enthalten 4–16 Samen. Die Samenkapseln sind elastisch und springen bei Berührung auf. Unterschiedliche Druckverhältnisse in den Geweben der Fruchtwand bewirken einen Spannungszustand, der dazu führt, dass die einzelnen Karpelle am Fruchtsiel abreißen und sich uhrfederartig einrollen (Abbildung 4). Dadurch werden die Samen bis zu 5 m weit geschleudert [14]. Die von Beerling und Perrins ermittelte mittlere Ausbreitungsgeschwindigkeit der Bestände beträgt im ebenen Gelände 2,47 Meter pro Jahr.

Die Bauernorchidee – gefährlich oder nützlich?

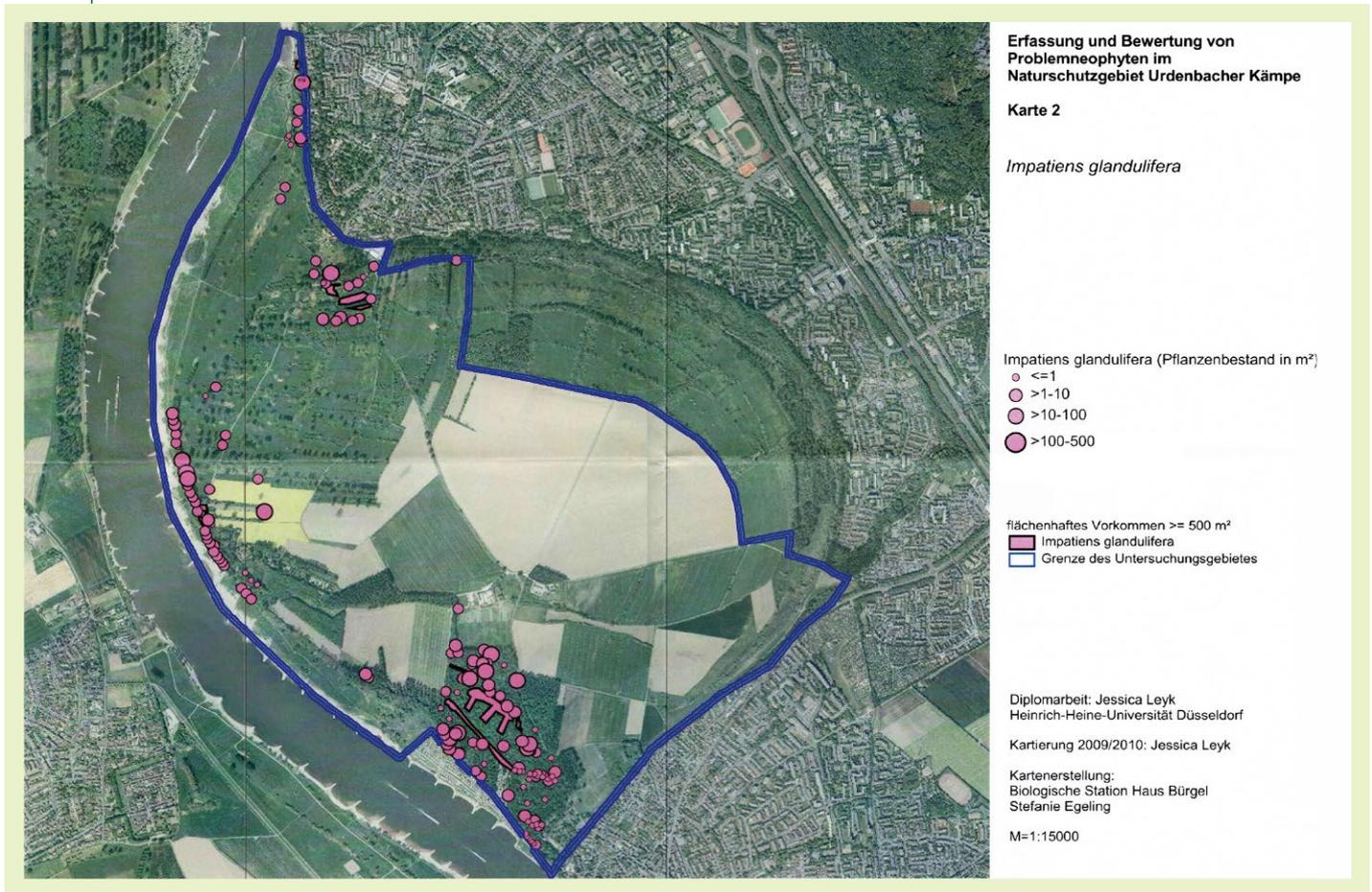
In ganz Deutschland gibt es entlang von Flussufern und in Feuchtgebieten (Auen und lichte Auwälder) Dominanzbestände mit einer Deckung von 75–100 Prozent [2]. Das andere ► annuelle Pflanzen überragende Längenwachstum zusammen mit der Schattentoleranz führt dazu, dass *Impatiens* sich auch in dichter Hochstaudenvegetation etablieren kann. Bereits im Juli können Brennnesseln und andere Stauden der Convolvuletalia (Uferstaudengesellschaft) überwachsen sein. In den 1990er Jahren des letzten Jahrhunderts hat man deshalb auf nachhaltige ökologische Folgen geschlossen.

Durch Untersuchungen zum Wettbewerb mit heimischen Arten der Auengesellschaften am Beispiel der Urdenbacher Kämpe, einem Auengebiet zwischen Rhein und einem Altrheinarm südlich von Düsseldorf (Abbildung 5), konnte gezeigt werden, dass ein Teil der heimischen Pflanzen ihren Vegetationszyklus bereits abgeschlossen hat, wenn *Impatiens* zu sprießen beginnt. Konkurrerende Arten können zumindest im Frühjahr noch ohne Probleme wachsen, Blüten ausbilden und ihren Vegetationszyklus beenden, da die Keimung von *Impatiens glandulifera* je nach den klimatischen Bedingungen erst etwa Ende April erfolgt (Abbildung 6) [11]. Der Massenaufwuchs von *I. glandulifera* ist also zeitlich begrenzt auf eine Zeit nach Abschluss der Hauptblühperiode einheimischer Frühjahrsblüher und dem ersten Frost im Spätherbst. So bleibt der ökologische Schaden wahrscheinlich doch überschaubar. Um dies zu verifizieren, müssten allerdings am gleichen Ort mehrere Jahre lang vergleichende Untersuchungen durchgeführt werden.

Ob man die Pflanze bekämpft oder duldet, ist häufig Gegenstand hitziger Diskussionen und sollte für jeden Einzelfall betrachtet werden. Auf stark gestörten Flächen ist eine erste Ansiedlung von *Impatiens* als ► Ruderalpflanze mancherorts gern gesehen. Die Besiedlung durch einheimische Pflanzen würde in der Regel längere Zeit in Anspruch nehmen. Als Nahrungspflanze für Hummeln und andere Bienenarten hat sich die Pflanze ebenfalls bewährt. Da der Neophyt annuell ist und sich über Samen ausbreitet, kann man sich zum Ziel setzen, die Samenbildung zu verhindern. Durch Mahd zum richtigen Zeitpunkt, also kurz nach Ausbildung der ersten Blüten, oder durch manuelles Ausreißen bei kleinen Beständen oder Auftreten von Einzelpflanzen kann eine neuerliche Samenbildung verhindert werden. Ein Renaturierungsverfahren bei Dominanzbeständen erfordert allerdings sehr großen Aufwand, denn ohne Entfernung der oberen Bodenschichten, in denen sich zahlreiche Samen befinden, gibt es keinen nachhaltigen Erfolg.

Weder optimal als Futterpflanze noch als Deckung: die *Fallopia*-Sippe

Sehr viel schwieriger zu bekämpfen als das einjährige Indische Springkraut sind die Knöterichgewächse aus

ABB. 5 | BESTÄNDE VON *IMPATIENS GLANDULIFERA* IM UNTERSUCHUNGSGEBIET DER URDENBACHER KÄMPE


Japan (*Fallopia japonica*, Japanischer Staudenknöterich), Russland (*F. sacchalinensis*, Sacchalin-Knöterich) und die in Böhmen zuerst entdeckte Hybride aus beiden, *Fallopia x bobemica* (Bastard-Staudenknöterich), die sich in Europa offensichtlich noch schneller verbreitet als ihre Elternpflanzen (Abbildung 7). Allen gemein ist, dass sie unterirdisch mit kräftigen, teils armdicken ▶ Rhizomen wachsen und sich verzweigen. Die unterirdischen Organe machen etwa zwei Drittel der Biomasse einer Pflanze aus (▶ Rhizomgeophyt).

F. japonica stammt aus den ozeanischen Gebieten Chinas, Koreas und Japans und dort aus der warm-gemäßigten Zone, während *F. sacchalinensis* in Ostasien auf die temperate (kalt-gemäßigte) Zone beschränkt ist. Die Pflanze kommt auch auf der russischen Insel Sacchalin vor, daher der Name. Beide Arten hätten sich in ihren Heimatgebieten niemals kreuzen können, weil sie in sehr unterschiedlichen Habitaten vorkommen. *F. japonica* wurde 1823 als Zierpflanze nach Europa eingeführt, *F. sacchalinensis* erst 1863, also 40 Jahre später. Die intermediären Hybriden (*Fallopia x bobemica*) wurden 1863 in der Tschechoslowakei erstmals beschrieben und 1995 in einem deutschen Bestimmungsschlüssel von *F. japonica* unterschieden [15]. Die hybride Pflanze ist



ABB. 6 Begleitvegetation eines *Impatiens*-Bestandes im Auwald. *Glechoma hederacea* (Gundermann, blühend), *Urtica dioica* (Große Brennnessel), *Ranunculus ficaria* (Scharbockskraut, links gelb blühend), *Galium aparine* (Klettenlabkraut), *Geranium robertianum* (Stinkender Storchschnabel, im Zentrum) im April. Im oberen rechten Drittel des Bildes sind schon einige Keimpflanzen von *Impatiens glandulifera* erkennbar.



ABB. 7 Staudenknöterich, Flügelknöterich (*Fallopia* spp., syn *Reynoutria* spp.) aus der Familie Polygonaceae (Knöterichgewächse). In Großbritannien ist die Pflanze unter der Bezeichnung *giant knotweed* bekannt. Im Vordergrund *Impatiens glandulifera*. Im Bildausschnitt ist die typische Blattform vergrößert zu sehen.

mit ziemlicher Sicherheit erst im neophytischen Areal entstanden. Mittlerweile wird der Bastard-Knöterich häufiger angetroffen als beide Elternpflanzen. Schon 1998 wurde von B. Alberternst durch Untersuchungen der *Fallopia*-Sippen in Baden-Württemberg [16] angenommen, dass die Hybride einen Konkurrenzvorteil vor ihren Elternpflanzen hat. Im Untersuchungsgebiet der Urdenbacher Kämpfe südlich von Düsseldorf waren 41,5 Prozent der Bestandsfläche von *F. japonica* bedeckt und 58,5 Prozent von *F. x bohemica*, während *F. sachalinensis* im gesamten untersuchten Gebiet nicht vorkam [11]. Dieses Ergebnis bestätigt die Theorie von Alberternst. Durch Einführung von gebietsfremden, verwandten Pflanzen aus ganz unterschiedlichen geographischen Arealen können also Pflanzen mit neuen Eigenschaften entstehen, die sich in ihrem

ABB. 8 *Fallopia*-Triebe im April, umgeben von jungen Pflanzen von *Urtica dioica*.



ABB. 9 Links: typische durchschnittliche Blattform von *Fallopia x bohemica*. Rechts: Blatt von *Fallopia japonica*. Das hier gezeigte Blatt von *Fallopia x bohemica* ist etwas klein; im Durchschnitt sind die Blätter größer als die von *F. japonica*.

neophytischen Gebiet besser verbreiten können als die Elternpflanzen.

Biologische Merkmale der *Fallopia*-Sippen

Die *Fallopia*-Sippen sind mehrjährige Stauden, deren oberirdische Teile im Winter absterben. Die Überdauerungsorgane, unterirdische Rhizome, wachsen horizontal im Boden weiter, verzweigen sich und bilden dichte, ausgedehnte Bestände mit einem Zuwachs von bis zu einem Meter pro Jahr. Im Frühling treiben aus den Rhizomen neue Triebe aus (Abbildung 8), die unter günstigen Bedingungen innerhalb weniger Wochen eine Wuchshöhe von 3 bis 4 Metern erreichen. Die Laubblätter sind wechselständig angeordnet und werden 5 bis 20 cm lang. *F. sachalinensis* besitzt einen deutlich herzförmigen Blattgrund, *F. japonica* einen geraden und *F. x bohemica* liegt in der Form zwischen den beiden Elternpflanzen (Abbildung 9). Die phänotypischen Merkmale des Bastard-Knöterichs können allerdings sehr unterschiedlich sein, so dass er nicht immer leicht zu identifizieren ist. Ein gutes Unterscheidungsmerkmal zwischen Sachalin-Knöterich und Japan-Knöterich ist die Unterseite der Blätter: Der Sachalin-Knöterich besitzt weiß behaarte Blattunterseiten, während der Japanknöterich und die Hybridpflanze fast kahl sind. Die Pflanzen sind getrenntgeschlechtlich zweihäusig, das heißt, weibliche und männliche Blütenstände befinden sich auf verschiedenen Pflanzen. Die Blütenstände sind Rispen, die bei den männlichen Pflanzen aufrecht stehen und bei den weiblichen eher bogig überhängen. Die kleinen, fünfzähligen Blüten sind weiß. Da sich die Pflanzen in Europa fast ausschließlich vegetativ vermehren, ist die Samenbildung nicht relevant für die Verbreitung. In Großbritannien wurde beispielsweise nur ein weiblicher Klon eingeführt, von dem offensichtlich alle anderen abstammen. Ob die in Deutschland gefundenen Keimlinge von *F. japonica* stammen oder von *F. x bohemica* ist nicht geklärt [6].

Fallopia-Pflanzen bilden in relativ kurzer Zeit sehr hohe und dichte Bestände aus. Das dichte Blätterdach bewirkt, dass kaum eine Pflanze darunter existieren kann. Da die oberirdischen Teile jedoch im Winter absterben und erst im April wieder austreiben, sind die zeitigen Frühjahrsblüher nicht so stark gefährdet. Dennoch erscheint die Bodendeckung unter einem Dominanzbestand auch im zeitigen Frühjahr gegenüber der Umgebung stark reduziert (Abbildung 8).

Wirtschaftliche Schäden durch die Verbreitung der *Fallopia*-Arten

Die *Fallopia*-Sippen haben ihre Verbreitungsschwerpunkte ebenfalls entlang von Fließgewässern, auf feuchten, gelegentlich überschwemmten Böden [2, 17]. Das hohe Verbreitungspotenzial der Knöterich-Arten ist auf ihre ganz außerordentliche Regenerationskraft zurückzuführen. Selbst kleinste Sprosssteile, die abgerissen werden und mit dem Hochwasser verdriften oder mit dem Erdaushub

verteilt werden, können an anderer Stelle wieder anwachsen und einen neuen Bestand bilden. In den meisten Fällen wurde die massive Ausbreitung allerdings durch menschliches Zutun verursacht (s. o.). Zur Uferbefestigung erwies sich der Knöterich als Fehlbesetzung: Die wenigen Seitenwurzeln halten das Erdreich nicht; die Bestände können durch die Strömung unterspült werden, da andere Vegetation in ihrem Areal weitgehend fehlt (Abbildung 10). Stauden-Knöteriche wachsen wie das Springkraut mit Vorliebe auf so genannten gestörten Flächen. Das heißt, sie wachsen überall dort, wo Erdarbeiten stattfinden und auch nur geringste Teile der Pflanze verschleppt werden. Die Pflanzen wachsen selbst aus Bodenschichten von bis zu 2 m Tiefe nach [18].

Fallopia ssp. ist heute in ganz Deutschland von der Küste bis in den Alpen verbreitet (siehe Karte in Floraweb, [19]). Auch in anderen Ländern Europas sind die Knöterich-Arten stark verbreitet und werden als Problemneophyten bezeichnet. Die Rhizome der Pflanzen können in kleinste Mauerritzen eindringen und durch ihr Dickenwachstum Gebäude, Straßen, Parkplätze und Fundamente von Häusern beschädigen. Ein wesentlicher Teil der wirtschaftlichen Auswirkungen sind die Bekämpfungskosten. Am teuersten ist dabei die nachhaltige Entfernung der *Fallopia*-Arten von Bahndämmen, Gleisanlagen, Deichen, Schleusen und Hochwasserschutzbauten, weil sie dort gefährliche Schäden anrichten können [17].

Die Bekämpfung der *Fallopia*-Arten durch Mahd ist nur langfristig erfolgreich. Empfohlen werden mindestens acht Mahden pro Jahr, damit die Pflanze zurückgedrängt wird. Dadurch werden allerdings auch alle anderen Pflanzen gemäht, und es entsteht eine dichter Grasbewuchs, der für den Naturschutz nicht vorteilhaft ist. In England vernichtet man die Pflanzen häufig durch Einsatz eines Totalherbizids wie Glyphosat, aber auch das ist für den Naturschutz keine gute Lösung. Es gilt auch hier, dass Bekämpfung oder Duldung für jeden Einzelfall betrachtet und entschieden werden sollte.

Segen für die Honigbienen oder Albraum? Der Riesen-Bärenklau

Der Riesen-Bärenklau (Abbildung 11) ist eine sehr auffällige Pflanze in unserer Landschaft. Ausgewachsene Pflanzen erreichen eine Höhe von 3 bis 5 m und überragen damit alle einheimischen Pflanzen der gleichen Familie (Doldenblütler), zu denen unter anderen der einheimische Wiesen-Bärenklau und die wilde Möhre gehören. Die Pflanze ist zweijährig, das heißt, sie bildet im Anschluss an die Keimung Mitte Februar eine Blattrosette und eine kräftige Speicherwurzel aus. Unter günstigen Bedingungen kommt die Pflanze im zweiten Jahr (Juni/Juli) mit sehr großen Doppeldolden (30–50 cm Durchmesser) zur Blüte (Abbildung 12). Die Dolden bestehen aus bis zu 150 gestielten Döldchen. Die Randblüten der Döldchen sind stark vergrößert. Die Herkulesstaude blüht von Juni bis Juli mit weißen Blüten. Die kräftigen Speicherwurzeln bewirken, dass die Pflanze unter ungünstigen Bedingungen mehrere Jahre rein vegetativ leben kann. Der Stängel einer ausgewachsenen Pflanze hat einen Durchmesser von ca. 10 cm, ist innen hohl und außen gefurcht. Die Laubblätter erreichen eine Länge von 1 m und sind 3–5fach fiederschnittig. Die Blattränder sind unregelmäßig gezähnt, die Blattspitzen spitz zulaufend.

H. mantegazzianum stammt aus dem westlichen Kaukasus, wo die Pflanze in ► Hochstaudenfluren wächst. Besonders häufig findet man sie entlang von Wasserläufen und an Waldrändern [20]. Sie wurde 1890 ursprünglich als Zierpflanze eingeführt und als besondere Attraktion in Gärten und Parks angepflanzt. Neben ihrer Eigenschaft als Imkerpflanze wurde sie zur Böschungssicherung und als Deckungspflanze eingesetzt. Das Anpflanzen von *H. mantegazzianum* an Uferböschungen führte leider zu weiterer Erosion, da die relativ wenigen Seitenwurzeln an der Speicherrübe das Erdreich nicht halten [7, 21].

Der Saft der Herkulesstaude enthält mehrere phototoxische organische Verbindungen aus der Gruppe der Cumarinderivate, die starke Hautreizungen hervorrufen. Der höchste Gehalt an ► photosensibilisierenden Stoffen



ABB. 10 Links: *Fallopia*-Bestand an einem Altrheinarm im Sommer. Rechts: derselbe Bestand im Winter; hier hat eine Unterspülung der Böschung stattgefunden. Foto: Jessica Leyk.



ABB. 11 Riesen-Bärenklau, Herkulesstaude (*Heracleum mantegazzianum* Sommier & Levier) aus der Familie Apiaceae (Doldenblütler). In Großbritannien ist die Pflanze unter der Bezeichnung *giant hogweed* bekannt.

befindet sich im Frühjahr in den Blättern der Pflanzen. Bei Berührungen der Haut mit dem Saft im Sonnenlicht entwickeln sich schmerzhafte Photodermatosen. Schon das bloße Berühren der Blätter kann Hautausschläge bewirken. Die Furanocumarine (siehe Kasten Phototoxische Furanocumarine) treten nicht nur bei Verletzung der Pflanze aus, sondern befinden sich auch auf den Blattoberflächen [22]. Aus diesem Grund sollten Arbeiten an der Pflanze nur mit geeigneter Schutzkleidung und nicht im prallen Sonnenlicht ausgeführt werden.

Wegen ihrer zahlreichen Blüten wird die Herkulesstaude von Imkern geschätzt und in der freien Natur als Bienenfutterpflanze ▶ angesalbt. Eine einzelne Pflanze kann bis zu 80.000 Blüten ausbilden. Die Früchte sind Doppelachänen mit je zwei Samen. Durch seine zahlreiche Auskeimung im zeitigen Frühjahr im Vergleich zu anderen Pflanzen desselben Habitats verschafft sich der Riesen-Bärenklau einen Konkurrenzvorteil. Der beinahe

horizontale Blattwuchs bewirkt eine gute Lichtaufnahme für die Pflanze selbst, deckt andererseits darunter wachsende Konkurrenten nahezu völlig ab. Im Untersuchungsgebiet der Rheinaue (Urdenbacher Kämme) wuchsen zum Zeitpunkt der Bestandsaufnahme 63 Prozent der Riesenbärenklau-Vorkommen in der Gesellschaft von Brenneseln (*Urtica dioica*), Knoblauchsrauke (*Alliaria petiolata*), Kletten-Labkraut (*Galium aparine*) und weiteren Ruderalpflanzen [11], deren Anzahl sich in der Nähe der Dominanzbestände verringerten. Da *H. mantegazzianum* bevorzugt vom Menschen stark beeinflusste Standorte besiedelt, sind in der Regel gefährdete Arten kaum bedroht, da sich letztere an diesen Standorten nicht ansiedeln können. Die hohen Lichtansprüche der Stauden begrenzen zudem ihre Ausbreitung. Dominanzbestände treten daher weniger regelmäßig auf als beispielsweise bei *Fallopia japonica*.

Positive Aspekte

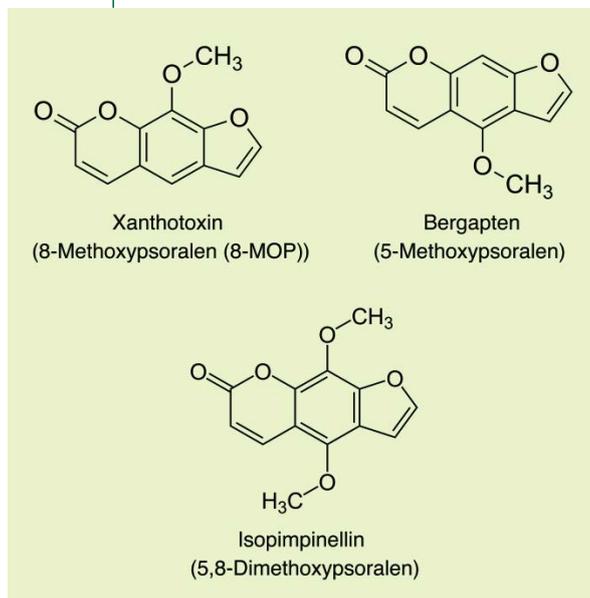
Je naturferner, also gestörter die Standorte sind, desto eher dringen invasive, gebietsfremde Arten in einen neuen Lebensraum ein. Aus Naturschutzgründen ist das nicht negativ, denn eine Besiedlung mit Pflanzen, welcher Art auch immer, ist einer leeren, durch menschliche Aktivitäten stark gestörten, brachliegenden Fläche immer vorzuziehen. Neophyten, die Stickstoff liebend sind oder Schwermetalle binden, können den Boden für die nachfolgende ▶ Sukzession vorbereiten. Das gilt beispielsweise für überspülte Flächen und Abraumhalden und ähnliche gestörte Areale. Ohne die Neophyten käme die Erstbesiedlung mit Pflanzen meist viel schleppender in Gang.

Für manche Tiere bieten die Neophyten Nahrung und Unterschlupf. *Impatiens glandulifera* blüht bis weit in den Herbst hinein, wenn einheimische Arten längst verblüht sind. Für Hummeln und andere Bienenarten ist diese zusätzliche Nahrungsquelle sehr willkommen. Zwar ist wahr, dass die Bauernorchidee beträchtliche Veränderun-



ABB. 12 *Heracleum mantegazzianum*; links: Dolde mit Döldchen und vergrößerten Randblüten, rechts noch unreife Achänen. Fotos: links: Appaloosa, <https://commons.wikimedia.org/w/index.php?curid=193926>, rechts: Tobias Mercer, <https://commons.wikimedia.org/w/index.php?curid=1018447>.

ABB. 13 | FURANOCUMARINE VOM PSORALENTYP.



Die hier gezeigten Furanocumarine haben Absorptionsmaxima im UV-A-Bereich und sind in der Lage, DNA-Stränge miteinander zu vernetzen.

gen im Erscheinungsbild der Landschaft verursacht, aber diese Veränderungen werden durch die Blütenpracht der Art oft als positiv wahrgenommen. Dass gefährdete Arten vermehrt aussterben, wenn sich Neophyten breit machen, hat sich in vielen Fällen nicht bewahrheitet. Daher sollte für jeden Einzelfall überlegt werden, ob sich das Entfernen aus der Landschaft rentiert oder ob man doch lieber der Natur freien Lauf lässt. Laut Naturschutzgesetz [5] gehören etablierte Neobiota übrigens genauso zu den schützenswerten Organismen wie einheimische.

Zusammenfassung

Unter den absichtlich eingeführten gebietsfremden Pflanzen befinden sich drei sehr auffällige invasive Pflanzen, die

in den letzten 15 bis 20 Jahren große Flächen besetzt haben. Dies sind die „Bauernorchidee“ *Impatiens glandulifera* und die Herkulesstaude (*Heracleum mantegazzianum*), die einst als Bienenpflanzen angesalbt wurden, sowie zwei Knöterich-Arten: der Japanknöterich und der Sacchalinknöterich (*Fallopia spec.*). Von diesen beiden Knötericharten, die aus sehr unterschiedlichen Habitaten stammen, gibt es bereits Hybridpflanzen, die sich in ihrer neuen Heimat noch besser verbreiten als die Elternpflanzen. *Impatiens* und die *Fallopia*-Arten wachsen bevorzugt auf so genannten gestörten Flächen, also vom Menschen durch Wegebau, Kanalbau und Erdbewegungen jeder Art gerodeten Flächen, und sind daher für die sekundäre Sukzession wichtige Wegbereiter. Die Herkulesstaude ist wegen ihrer photosensibilisierenden Inhaltsstoffe, die schwerwiegende Hautentzündungen hervorrufen können, gefährlich und sollte in der Nähe von Schulen, Kindergärten und Spielplätzen nicht geduldet werden. Andererseits ist sie mit ihren riesigen zigtausend Blüten enthaltenden Dolden eine zusätzliche Nahrungsquelle für Bienen und andere Insekten. Die Sinnhaftigkeit der Bekämpfung von Neophyten sollte in jedem Einzelfall geprüft werden.

Summary

Invasive neophytes in Germany

Among the intentionally introduced alien plants there are three very conspicuous invasive species that have occupied large areas for the last 15 to 20 years. These are the Himalayan Balsam (*Impatiens glandulifera*) and the giant hogweed (*Heracleum mantegazzianum*), which were once planted into nature as bee plants, as well as two knotweed species: (*Fallopia japonica* and *F. sacchalinensis*). These knotweed species – originating from very different habitats – have already developed hybrid plants that spread even better in their new environment than their parent plants. *Impatiens* and the *Fallopia* species prefer growing on so-called disturbed areas – areas cleared by humans for road building, canal construction and earthmoving of all kinds. That is why they are important pioneer plants in secondary succession. Hogweed is dangerous because of its photosensitizing ingredients and

PHOTOTOXISCHE FURANOCUMARINE

In Apiaceen (Doldengewächse) und Rutaceen (Rautengewächse) findet man Hydroxycumarinderivate mit ankondensiertem Furanring. Diese Furanocumarine oder Furocumarine wirken photosensibilisierend auf die Haut und/oder sind mutagen und cancerogen. Unter dem Einfluss von UV-Licht bewirken sie stark juckende Hautentzündungen, die mit starker Blasenbildung einhergehen. Die Verletzungen gleichen Verbrennungen dritten Grades und heilen oft nur langsam und unter Pigmentstörungen ab [22].

Cumarin ist ein Zimtsäurederivat und entsteht im Phenylpropan-Stoffwechsel der Pflanzen. Die Furanocumarine entstehen durch Ankondensation eines Furanrings (C-5) an das CumarinGrundgerüst. Je nachdem, wo der Furanring ange-

hängt wird, entsteht ein lineares Ringsystem (Psoralentyp) oder ein „geknicktes“ (Angelicintyp).

Heracleum mantegazzianum enthält unter anderem in allen Pflanzenteilen variierende Konzentrationen von Bergapten, Isopimpinellin und Xanthotoxin, alles Furocumarine vom linearen Psoralentyp (Abbildung 13), deren Absorptionsmaximum bei 310 bis 320 nm liegt. Furanocumarine können durch Absorption dieses Wellenlängenbereichs (UV-A) leicht angeregt werden und reagieren dann mit Thymin oder Cytosinresten der DNA in den Hautzellen. Bei weiterer Bestrahlung (Sonnenlicht!) werden die DNA-Stränge miteinander vernetzt (crosslinking). Dadurch werden Hautzellen nachhaltig geschädigt. Furanocumarine fördern auch die Bildung von Hautkrebs, der durch UV-Strahlung verursacht wird (Photokarzinogenese).

GLOSSAR

ansalben: das bewusste Ausbringen von gebietsfremden Pflanzen in die Natur. Ansalbungen sind in Deutschland nach § 40 des Bundesnaturschutzgesetzes genehmigungspflichtig.

annuelle Pflanzen: einjährige Pflanzen, bei denen sich der gesamte Lebenslauf von der Keimung bis zur Fruchtreife und zum Absterben innerhalb von zwölf Monaten vollzieht.

Diasporen: Bezeichnung für die Ausbreitungseinheiten einer Pflanze, beispielsweise Samen, Früchte, Brutkörper, Sporen etc.

Geophyten: Erdpflanzen, mehrjährige krautige Pflanzen, die ungünstige Lebensbedingungen mit Hilfe unterirdischer Organe überdauern.

Hochstaudenflure: von hochwachsenden, mehrjährigen krautigen Pflanzen bestandene Flächen.

Karpell: das Fruchtblatt, weibliches Blattorgan der Blüte, welches die Samenanlagen trägt.

Photosensibilisierung: (med.) eine Erhöhung der Lichtempfindlichkeit, die zu unerwünschten Hautreaktionen führt.

Rhizom: Erdspross, ausdauernde, meist unterirdisch wachsende Sprossachse.

Ruderalpflanze: Pflanzen, die vorzugsweise auf gestörten Flächen, in der Nähe von Siedlungen und an Wegrändern wachsen. Diese Standorte sind meist reich an anorganischen Stickstoffverbindungen und anderen Mineralsalzen.

Sukzession: Erstbesiedlung und Besiedlungsfolge eines neuen oder durch natürliche oder menschliche Eingriffe gestörten Lebensraums.

therefore, it should not be tolerated close to schools, kindergartens and playgrounds. Contact with the plant can cause severe skin inflammation. On the other hand, these umbellifers – with their huge umbels containing tens of thousands of flowers – are an additional source of food for honey bees and other insects. The usefulness of removing neophytes should be examined in each individual case.

Literatur

- [1] E. Lehmann (1895). Flora von Polnisch-Livland. Die adventen Florenelemente (Synanthropen) und ihre Verbreitung durch den Menschen und seine Transportmittel (Schiffe und Eisenbahnen). Arch. F. Naturkunde Liv-, Est- und Kurlands. Ser. Biol. 11, 100–119.
- [2] I. Kowarik (2003). Biologische Invasionen: Neophyten und Neozoen in Mitteleuropa, Verlag Eugen Ulmer GmbH & Co, Stuttgart.
- [3] D. Griese (1996). Die viatische Migration einiger neophytischer Pflanzensippen am Beispiel norddeutscher Autobahnen. Braunschweiger Geobotanische Arbeiten, Bd. 5, 263–270.
- [4] Erfassung invasiver Neophyten an Autobahnen, <https://www.wsl.ch/de/projekte/automatisierte-erfassung-invasiver-neophyten-autobahnen.html> (abgerufen am 10.03.2022).
- [5] Bundesnaturschutzgesetz (BNatSchG) v. 29. Juli 2009, Herausgeber Bundesministerium der Justiz und Bundesamt für Justiz.
- [6] BfN, Bundesamt für Naturschutz: <https://neobiota.bfn.de/grundlagen/neobiota-und-invasive-arten.html> (abgerufen am 10.03.2022).
- [7] E. Hartmann et al. (1995). Neophyten. Biologie, Verbreitung und Kontrolle ausgewählter Arten. ecomed, Landsberg.
- [8] W. Dietrich (2006). Pflanzliche Neubürger (Neophyten) im Raum Düsseldorf/Neuss (Deutschland, NRW) Acta Biologica Benrodis 13, 51–89.
- [9] D. J. Beerling (1994). Predicting the Response of the introduced species *Fallopia japonica* and *Impatiens glandulifera* to global climatic change. In: De Waal, L.C. et al.: Ecology and management of invasive river side plants. Wiley, 135–140.
- [10] P. Pyšek, K. Prach (1995). Invasion dynamics of *Impatiens glandulifera* – a century of spreading reconstructed. Biol. Conserv. 74, 41–48.
- [11] S. Bickel, J. Leyk (2015). Erfassung und Bewertung von invasiven Neophyten in der Urdenbacher Kämpe, einem Naturschutzgebiet von überregionaler Bedeutung. Acta Biologica Benrodis 17, 133–150
- [12] A. Drescher, B. Prots (2000). Warum breitet sich das Drüsen-Springkraut (*Impatiens glandulifera* Royle) in den Alpen aus? Wulfenia 7, 6–25.
- [13] M. Andrews et al. (2009). Seed dormancy, nitrogen nutrition and shade acclimation of *Impatiens glandulifera*: implications for successful invasion of deciduous woodland. Plant Ecology & Diversity, 2(2), 145–153.
- [14] D. J. Beerling, J. M. Perrins (1993). *Impatiens glandulifera* Royle (*Impatiens roylei* Walp.). Journal of Ecology 81, 367–382.
- [15] B. Alberternst et al. (1995). Reynoutria-Arten in Baden-Württemberg – Schlüssel zur Bestimmung und ihre Verbreitung entlang von Fließgewässern. Flor. Rundbr. 29, 113–124.
- [16] B. Alberternst (1998). Biologie, Ökologie, Verbreitung und Kontrolle von Reynoutria-Sippen in Baden-Württemberg, Culterra 23, 198 S.
- [17] BfN, Bundesamt für Naturschutz, *Fallopia japonica*, <https://neobiota.bfn.de/handbuch/gefaesspflanzen/fallopia-japonica.html> (abgerufen am 10.03.2022).
- [18] M. Kretz (1995). Praktische Bekämpfungsversuche des Japanknöterichs (*Reynoutria japonica*) in der Ortenau. In: R. Böcker et al. Gebietsfremde Pflanzen. ecomed, Landsberg, 151–160.
- [19] BfN, Bundesamt für Naturschutz, Floraweb, <https://www.floraweb.de/webkarten/karte.html?taxnr=4792>, abgerufen am 10.03.2022.
- [20] P. Pyšek, A. Pyšek (1995). Invasion by *Heracleum mantegazzianum* in different habitats in the Czech Republic, Journal of Vegetation Science 6, 711–718.
- [21] P. Pyšek (1991). *Heracleum mantegazzianum* in the Czech Republic: dynamics of spreading from the historical perspective. Folia Geobot. Phytotax, 26, 439–454.
- [22] D. Frohne, H. J. Pfänder (1997). Giftpflanzen, ein Handbuch für Apotheker, 4. Auflage, Wissenschaftliche Verlagsgesellschaft mbH, Stuttgart. Diesem Artikel liegen u. a. Daten aus der Diplomarbeit von Jessica Leyk, Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf (2010), zugrunde.

Verfasst von:



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

Korrespondenz

Prof. Dr. Susanne Bickel
Eichenwand 5
40627 Düsseldorf

TAXONOMIE



Systematik im Wandel

Menschen haben wohl immer schon versucht, die belebte und unbelebte Umwelt zu identifizieren und zu kategorisieren. Anfänge der Naturwissenschaften gehen auf die Antike zurück. Hier war Aristoteles einer der ersten Naturforscher, der systematisch Tiere seziiert und klassifiziert hat. Fortschritte der Zoologie wurden durch die Erfindung des Buchdrucks durch Johannes Gutenberg im 15. Jahrhundert gefördert. Illustrierte Tierbücher wie z. B. von C. Gessner, J. Johnston und J. Ray im 16. und 17. Jahrhundert belegen dies sehr gut. Taxonomie und Systematik erreichen einen ersten wissenschaftlichen Höhepunkt mit den Werken von Carl von Linné, G.-L. Buffon, J.-B. Lamarck und J. Cuvier im 18. Jahrhundert. Mit Charles Darwin ändert sich die Betrachtungsweise der Taxonomie und Systematik durch eine evolutionäre Interpretation. Ab Mitte des 19. Jahrhunderts kommen Stammbäume auf, die insbesondere von Ernst Haeckel etabliert wurden. War die Basis für die Stammbäume zunächst die Ähnlichkeit der Tiere in ihrer Morphologie und Anatomie, kommen im 20. Jahrhundert biochemische Merkmale und ab 1980 DNA-Analysen hinzu. Im 21. Jahrhundert sind es zunehmend Genomsequenzierungen, die helfen, den Stammbaum des Lebens zu rekonstruieren.

In diesem *Coffee-Table-Book* hat David Bainbridge, der als Biologe an der Universität von Cambridge und als Wissenschaftsjournalist arbeitet, versucht, den Weg der Klassifikation von Tieren von der Antike bis heute aufzuarbeiten. Wichtige Meilensteine in der Geschichte der Zoologie werden durch oft künstlerische Abbildungen aus den Originalwerken der verschiedensten Biologen illustriert. Sie belegen deutlich, wie schnell sich Vorstellungen und Interpretationen in der Wissenschaft in nur 500 Jah-

ren ändern können. Bei der Fülle der Informationen kann eine solche Auswahl nicht umfassend sein, sondern muss Schwerpunkte setzen. Dies ist dem Autor sehr gut gelungen.

Wer sich für die Klassifikation von Tieren und die Wissenschaftsgeschichte interessiert, wird in diesem hervorragend illustrierten Sachbuch fündig werden. Es lädt zum Schmökern ein und zum tieferen Studium der Werke von Autoren der vergangenen Jahrhunderte wie Linné, Buffon, Lamarck, Darwin oder Haeckel. Viele ihrer Ideen wurden vergessen oder sind überholt, andere haben bis heute überlebt oder unsere heutige Weltansicht stark geprägt.

Michael Wink, Heidelberg

Tiere ordnen.

Eine illustrierte Geschichte der Zoologie. David Bainbridge. Haupt Verlag, Bern, 2021. 256 S., 32,00 Euro. ISBN 978-3-258-08229-5.

NATURSCHUTZ

Alle Perspektiven im Blick

In gut verständlichen, informationsdicht verfassten Kapiteln bietet K.-D. Hupke viel Sachwissen rund um das vielschichtige Thema „Naturschutz“ – beispielsweise Definitionen von Flächenkategorien schutzwürdiger Areale bzw. Ökosysteme oder Naturschutz außerhalb Europas – jedoch auch mit (scheinbaren) Widersprüchen behaftete Aspekte, die vielleicht dem einen oder anderen Naturschützer mit den entsprechenden Hintergrundinformationen nun greifbarer werden. Dazu gehören zum Beispiel konfliktreiche Themen wie die häufig untergeordnete Bedeutung des Naturschutzes gegenüber der von Umwelt- und Tierschutz oder wenn es um die Frage geht, welche Flächen wirklich schützenswert sind. Auch der Alibifunktion von Naturschutz und der Tatsache, dass (gut

gemeinter) Naturschutz manchmal kontraproduktiv sein kann, stellt sich der Autor. Eine gewisse Brisanz birgt das Kapitel zu Naturschutzmaßnahmen auf nicht dem „ökologischen Status quo“ entsprechenden Arealen (Spontanvegetation, Ruderalflächen, Neuansiedler). Alleine schon die mit Fragezeichen endenden Kapitelüberschriften machen Hupkes Anliegen deutlich: eine kritische, nicht schönredende Bestandsaufnahme zu den Möglichkeiten und Grenzen von in der Vergangenheit erfolgten und zukünftig anzuregenden Naturschutzmaßnahmen. Selbstredend ist hier der Klimawandel präsent, der sogar den weltweiten Kaffeeanbau negativ beeinflussen könnte. Zudem wird der Naturschutz im Nachbarland Österreich in dieser aktualisierten zweiten Auflage des Buches einbezogen. Treffende Farbfotos veranschaulichen Hupkes „Statements“. In Infoboxen geht es um spezielle Beispiele für Naturschutzbestrebungen, wie etwa die Absage des Heidelberger Weihnachtsmarktes zum Fledermaus-schutz oder die ungewöhnliche Geschichte des Gelben Enzians. In diesem Buch werden viele kleine Spannungsbögen aufgebaut, die zeigen, dass es sich keineswegs um eine „trockene Lektüre“ zu einem für manche schon „abgedroschenen“ Thema handelt. Die gelungene Verknüpfung von Sachwissen, kontroversen Meinungen und Vorgehensweisen im Umwelt- und Naturschutz ohne polarisierende Beeinflussung der Leser sowie die klare Gliederung, die auch das selektive Lesen ermöglicht, drücken diesem Werk seinen besonderen Stempel auf. Die angeführten Beispiele dürften dafür schon ein kleiner Vorgesmack sein.

Christiane Högermann, Osnabrück

Naturschutz.

Eine kritische Einführung. Klaus-Dieter Hupke, Springer Spektrum, Berlin, Heidelberg, 2020, 429 S., 79,99 Euro, ISBN 978-3-662-62131-8.



ZOOLOGIE

To the roots: back to Jena

Kurze Einführungen müssen genügen, um sich diesen beiden Wälzern zu nähern. Aber dann wird vor dem Auge des Betrachters ein Feuerwerk entfacht. Carl Gegenbaur und Ernst Haeckel, den Vätern der Vergleichenden Anatomie, sind wir noch nie so innig begegnet wie in den von Uwe Hoßfeld und seinen Kollegen editierten Vorlesungsmitschriften des späteren Ethnologen Miklucho-Maclay. Dieser hatte im Wintersemester 1865/66 in Jena Gegenbaurs Vorlesungen zur menschlichen und vergleichenden Anatomie und Haeckels Vorlesungen zur Zoologie gehört. Die Mitschriften wurden kürzlich in einem St. Petersburger Archiv entdeckt, von den Herausgebern aufwändig transkribiert, die zahlreichen enthaltenen Skizzen umgezeichnet und dem Original gegenübergestellt: eine Fleißarbeit, die Hingabe und Faszination für die Geschichte der Biologie und für die Vergleichende Anatomie dokumentiert. Hier beginnt die Morphologie!

Die Einführungen in beide Bücher bieten eine Kontextualisierung in die Historie der anatomischen Lehre und Forschung in Jena, das das Zentrum des frühen Darwinismus gilt. Nur wenige Jahre nach Darwins „The Origin of Species“ spürt man in den Mitschriften bereits den Geist eines neuen Zeitalters der Vergleichenden Anatomie, die über die reine Deskription hinausgeht. Und gewiss inspirierte die in Jena erlernte Methode des Strukturvergleichs auf einer natürlichen, generisch gewachsenen Grundlage den Studenten Miklucho-Maclay auch zu seinen späteren Forschungen über die sozialen Zusammenhänge ursprünglicher menschlicher Kulturen, so in Papua-Neuguinea, die ihn berühmt machten.

Die Mitschriften von Gegenbaurs Vorlesungen dokumentieren zum

einen seine didaktischen Konzeptionen zur Anatomie – vor allem des Menschen und der Wirbeltiere, die schon früh gereift waren und in seinen späteren Lehrbüchern Niederschlag fanden. Zum anderen verfolgen wir anhand der Mitschrift die Loslösung Gegenbaurs aus der Medizin und die Emanzipation der Zoologie als eigenständige Wissenschaft: Die Gewebelehre stellt im Vorlesungsmanuskript den strukturell vereinenden Übergang zwischen menschlicher und „tierischer“ Anatomie dar.

Über die Vorlesungen Haeckels war bisher nur relativ wenig bekannt und die Mitschrift zur „Zoologie“ eröffnet zahlreiche Möglichkeiten für zukünftige wissenschaftshistorische Analysen: Welche Erkenntnisse der Anatomie waren beispielsweise bis in die 1860er Jahre hinein bereits Allgemeingut und somit Teil der universitären Lehre geworden? Die Mitschrift erlaubt Einblicke in die Inhalte, Ansichten und die Visualisierungsmethoden des frühen Haeckels. Sie dokumentiert seine Berufung auf frühere Forscher und seine Distanzierung von anderen. Mit Haeckel beginnt – durch die Mitschrift dokumentiert – die historische Eröffnung eines Spektakels der Vergleichenden Anatomie, das die Embryologie als Dreh- und Angelpunkt in den Fokus nimmt und auch die Paläontologie (und selbst die Botanik) nicht unbeachtet lässt. So erhält der Leser der zwei editierten Bände, die nicht voneinander getrennt betrachtet (und erworben) werden sollten, durch Carl Gegenbaur einen eher „kulturgeschichtlichen“, durch Ernst Haeckel einen natürlich-holistischen Zugang unserer menschlichen Einbettung in die Welt der Organismen.

Das Beispiel Miklucho-Maclays, dessen bewegtes Leben in einem der Bände umfangreich skizziert wird, kann nur andeuten, worin die eingehende Beschäftigung mit einer vergleichenden Strukturenlehre kulminieren kann.

Die Herausgeber der Mitschriften umreißen in den Einführungen der Bücher auch die bedeutende Rolle Jenas in der Geschichte der Vergleichenden Anatomie: Aber ihr Abriss endet abrupt mit der einflussreichen Uschmann'schen Schrift zur „Geschichte der Zoologie und der zoologischen Anstalten in Jena“ von 1959. Dadurch verhehlen sie jedoch, dass jener morphologische Geist, der in den durchaus ästhetischen Zeichnungen der Mitschriften hervorbricht, in Jena nie ausgehaucht wurde und neue Generationen an Morphologen – auch unter neuen wissenschaftspolitischen Vorzeichen – fortwährend zum geschäftigen Forschen inspiriert.

Die Bücher übermitteln nicht zuletzt auch die hohen didaktischen Werte einer scheinbar verblassten Zeit: ein gutes Tafelbild mit Zeichnungen und wenig Text sagt mehr als tausend Worte – und mehr als einhundert Powerpoint-Folien mit verwirrenden Bildchen aus dem Internet und aus Spezialpublikationen.

*Ingmar Werneburg, Senckenberg
und Universität Tübingen*

Vorlesungen über Menschliche Anatomie von Carl Gegenbaur.

Die Vorlesungsmitschrift von Nikolai Nikolajewitsch Miklucho-Maclay aus dem Wintersemester 1865/66. Uwe Hoßfeld, Rosemarie Fröber, Teresa Thieme, Georgy S. Levit, Maria Matveeva, Martin S. Fischer, THK-Verlag Arnstadt, 2022, 272 S., 24,90 Euro, ISBN: 978-3-945068-56-4.

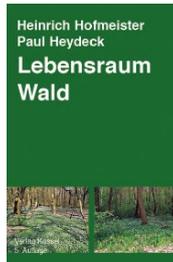


Vorlesungen über Zoologie von Ernst Haeckel.

Die Vorlesungsmitschrift von Nikolai Nikolajewitsch Miklucho-Maclay aus dem Wintersemester 1865/66. Uwe Hoßfeld, Georgy S. Levit, Martin S. Fischer, Maria Matveeva, Gerta Puchert, Achim Blankenburg & Teresa Thieme, THK-Verlag Arnstadt, 2022, 180 S., 24,90 Euro, ISBN: 978-3-945068-55-7.



FORSTWISSENSCHAFT

Spannungsfeld
Wald

Es handelt sich um die 5. Auflage eines Buches, das ursprünglich im Jahr 1977 im Lehmann Verlag in München erschienen ist. Die 4. Auflage wurde

bereits in *BiUZ* 5/98 referiert. Der Inhalt des Buches wurde durch ein Kapitel über die Pilze bereichert. Somit gliedert sich das Werk in einen Bestimmungsschlüssel für Bäume und Sträucher, eine Darstellung von ökologischen Gruppen von Waldbodenpflanzen, einer Darstellung der Waldgesellschaften nach pflanzensoziologischen Kriterien, das Kapitel über Pilze und ein Abschlusskapitel über Wald und Umwelt. Das Buch ist anschaulich illustriert und verständlich geschrieben; insofern für eine breite Öffentlichkeit gedacht. Einige Punkte möchte ich allerdings zu bedenken geben: Vielleicht wäre es nötig, nach mehr als 40 Jahren alle Kapitel grundlegend zu überarbeiten. Die pflanzensoziologische Gliederung der Waldgesellschaften perpetuiert eine Klassifizierung aus dem letzten Jahrhundert, basierend auf einer subjektiven Auswahl der Probestellen. In der Tat gibt es mittlerweile eine schier unübersichtliche Fülle von Klassifizierungen, die alle über die hier dargestellte Klassifizierung hinausgehen: die FFH-Lebensraumtypen, die Waldbiotopkartierung oder die „Wälder mit natürlicher Entwicklung (WNE)“ des BfN. Es gibt dem Prozessschutz dienende Flächen. Bei der Fülle der Klassifizierungen wäre eine objektive Stichprobenin-

ventur zu besprechen, denn wir wissen aus der Populationsbiologie, dass Arten nicht als Gesellschaften wandern.

Es gibt ausführliche Kartierungsanleitungen, um Lebensraumbeschreibungen auch dem Laien zu ermöglichen. Die Autoren versäumen es aber, die Eigentumsverteilung im deutschen Wald zu vermitteln. Etwa 50 Prozent des Waldes in Deutschland sind Privatwald, und das müsste man bei Kartierungen je nach Bundesland berücksichtigen. Die Waldeigentümer müssen das Betreten zum Zwecke der Erholung dulden. Wer im Wald andere Ziele verfolgt, benötigt hierzu die Zustimmung des Waldeigentümers.

Dies bringt mich zu einem viel diskutierten Punkt, der leider in dem Buch nicht behandelt wird: Mehr als 90 Prozent des Waldes in Deutschland sind bewirtschaftete Wälder und nicht „Natur-“ sondern „Kulturlandschaft“. Der Leser erfährt nicht, dass hinter vielen Waldtypen ein Bewirtschafter steht, der mit viel Wissen – oft über Jahrhunderte – diese Waldtypen erschaffen und erhalten hat. Der Tenor in dem Buch ist eher: „Die böse Forstwirtschaft“, ohne zu sagen, welcher Aufwand nötig ist, um nachhaltig zu wirtschaften. Das Kapitel über Wald und Umwelt klassifiziert bestimmte Waldtypen als schützenswert. Eine Unterschutzstellung im Sinne von Stilllegung würde die meisten der hier genannten Waldtypen zerstören. „Erhaltenswert“ anstelle von „schützenswert“ wäre wohl eine angemessenere Kennzeichnung.

Entsprechend folgen allgemeine Definitionen eher dem Klischee des klassischen Umweltschutzes: „Naturnah“ und „naturfern“ (Seite 296) seien hier nur stellvertretend genannt. „Naturnah“ sind ursprüngliche Wälder (hier im Sinne von Laubwald) und „natur-

fern“ standortfremde Gehölze, „insbesondere die Kiefer und die Fichte“. Diese Argumentation greift zu kurz: Die Fichte und die Kiefer waren laut Pollenanalyse fester Bestandteil der Vegetation Mitteldeutschlands. Beide Arten werden im Thüringer Becken eher nachgewiesen als die frühe Landwirtschaft und blieben stetig nachweisbar bis zur Neuzeit, d. h. sie sind durchaus auch „naturnah“. Es wäre wünschenswert, wenn so ein Buch, das sich an eine breite Öffentlichkeit wendet, etwas vorsichtiger/differenzierter mit solchen anthropogenen Begriffen umginge oder diese vermeiden würde.

In diesem Sinne wäre auch ein Rückblick auf die historische Entstehung der Lebensraumtypen wünschenswert, die durch Migration und die wirtschaftliche Entwicklung Deutschlands geprägt ist. So folgten in Mitteldeutschland die Buche und die Hainbuche den bronzezeitlichen Bauern (und können somit durchaus auch als „artfremd“ bezeichnet werden); gleichzeitig wurde nach dem Weltkrieg der Anbau der Nadelhölzer gefördert, um dem enormen Holzbedarf des Wirtschaftswunders gerecht zu werden. Die Waldnutzung wird vom Holzbedarf der Gesellschaft bestimmt.

Zusammenfassend: Das Buch ist von der Beschreibung der Vegetationstypen sehr anschaulich und informativ, die Kapitel über Wald und Umwelt sind leider wenig differenziert und könnten ohne Zusatzkenntnisse falsch verstanden werden.

Ernst-Detlef Schulze, Jena

Lebensraum Wald.

Heinrich Hofmeister, Paul Heydeck, Kessel Verlag, Remagen-Oberwinter, 2021, 354 S., 24,00 Euro, ISBN 978-3-935638-52-4.

AUSSERSCHULISCHE LERNORTE

VirtualBrainLab – Digitale Forschungsexperimente für den neurobiologischen Unterricht

Die Neurowissenschaften werden in wissenschaftlichen Studien immer wieder als eines der schwierigsten Teilgebiete der Biologie für Schüler/-innen und Studierende angeführt. Als eine der möglichen Ursachen gilt der seltene praktische Zugang für die Lernenden aufgrund limitierter Ressourcen. So stellt sich die Frage, wie ein praktisch-experimenteller Unterricht zu Inhalten der Neurobiologie gelingen kann?

Die experimentell-analytischen Vorgehensweisen der neurowissenschaftlichen Forschung sind in der Schule aufgrund vielfältiger Hürden schwierig zu vermitteln und umzusetzen. Angebote in Schülerlaboren können eine Möglichkeit sein, diese Lücke teilweise zu schließen. Allerdings sind diese Angebote zeitlich und örtlich begrenzt. Um Schüler/-innen die Möglichkeit zu geben, sich ortsunabhängig praktisch-experimentell mit den Themenfeldern der Neurobiologie auseinanderzusetzen, wurde in der Abteilung für Didaktik der Biowissenschaften der Goethe-Universität Frankfurt am Main in Kooperation mit der Gemeinnützigen Hertie-Stiftung ein Onlineangebot konzipiert. Das entstandene VirtualBrainLab ist ein unentgeltliches virtuelles Labor, das schülerorientierte Konzepte rund um neurobiologische Fragestellungen digital verfügbar macht. Dazu stellt es Lehrpersonen didaktisch ausgearbeitete Unterrichtskonzepte zur Verfügung. Durch den digitalen Ansatz ist eine Durchführung der Unterrichtsmodule im Präsenz- oder Distanzunterricht möglich (Abbildung 1).

Aufbau der Unterrichtsmodule

Jedes Unterrichtsmodul ist in 1- bis 2-stündigen Konzepten ausgearbeitet, die durch vielfältige Begleitmaterialien ergänzt werden. Jedes Modul umfasst vorbereitendes Schülerwissen, ein Arbeitskript sowie ein virtuell durchführbares

Experiment in einer benutzerfreundlichen Anwendung. Das Schülerwissen dient der Vorbereitung auf das Experiment und vermittelt modulspezifische Inhalte. Dabei wird in didaktisch aufbereiteten Sachtexten sowohl auf die jeweilige Forschungsmethode als auch im Speziellen auf fachliches Detailwissen eingegangen. Das Arbeitskript ist als interaktives PDF-Formular angelegt und kann parallel zur Durchführung der Experimente am Computer ausgefüllt werden. So können Lernende Zwischenstände speichern, Antworten korrigieren und die Skripte bei Bedarf direkt digital an eine Lehrperson senden.

Letztere erhalten zusätzlich Zugriff auf ein Lösungsskript sowie vorbereitendes Lehrwissen. Dieses umfasst grundsätzliche Anregungen

für die Unterrichtsvorbereitungen, einen Unterrichtsverlaufsplan mit didaktischen Hinweisen sowie zusätzliches Hintergrundwissen. Dadurch erhalten Lehrpersonen eine optimale didaktische und fachliche Vorbereitung auf die Durchführung, die Nachbesprechung und aufkommende Fragen von Seiten der Lernenden. Weiterhin werden ihnen Lösungsvorschläge zu den Arbeitskripten der Lernenden in Form eines ausgefüllten Arbeitskripts angeboten.

Die virtuellen Experimente

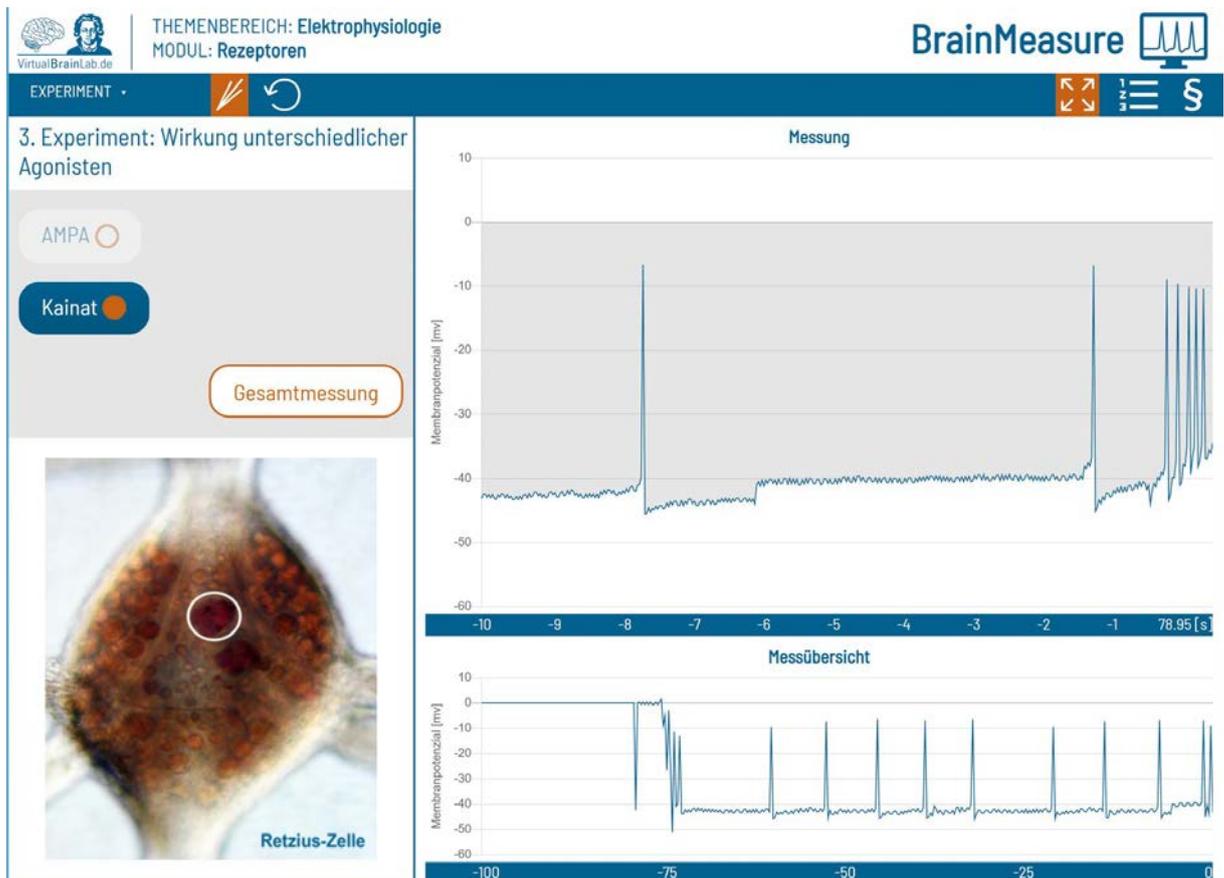
Die Lernenden profitieren innerhalb der Unterrichtsmodule im Besonderen von den virtuellen Experimenten, die eine aktive Auseinandersetzung mit den Inhalten fördern. Diese sind mit innovativen Anwendungen umgesetzt und bieten durch Einbindung originaler wissenschaftlicher Forschungsdaten, Messungen oder Präparate eine authentische Vermittlung der Neurowissenschaften.

Die Unterrichtsmodule umfassen die Themenbereiche Elektrophysiologie, Mikroskopie, Eyetracking und Verhaltensbiologie. Der Themenbereich „Elektrophysiologie“ bietet virtuelle elektrophysiologische Experimente in der BrainMeasure-Anwendung (Abbildung 2). Dort arbeiten die Schüler/-innen mit originalen Messungen und können u. a. unter-



ABB. 1 Schülerinnen bei der Durchführung virtueller Experimente auf VirtualBrainLab.

ABB. 2 Die Brain-Measure-Anwendung mit ausgewählter Messung einer Kainat-Applikation an einer Retzius-Zelle des Blutegelganglions.



schiedliche Substanzapplikationen durchführen sowie die Reaktion der Zelle live verfolgen. Somit kann z. B. die Funktionsweise von Rezeptoren erarbeitet werden.

Der Themenbereich „Mikroskopie“ bietet vielfältige neurobiologische Präparate, die im Original eingescannt wurden und mit der BrainObserve-Anwendung betrachtet werden können (Abbildung 3). Dabei lernen die Schüler/-innen vielfältige histologische Methoden kennen und erarbeiten sich u. a. einen mikroskopischen Überblick über die Organisation des Nervensystems.

Der Themenbereich „Eye-tracking“ bietet einen Zugang zur Wahrnehmungspsychologie. Die Schüler/-innen werten in der BrainTrack-Anwendung original aufgezeichnete Eyetracking-Daten aus (Abbildung 4). Dabei lernen sie unterschiedlichste Forschungsfelder kennen und analysieren beispielsweise, wie der Mensch Gesichtsausdrücke wahrnimmt.

Der Themenbereich „Verhaltensbiologie“ veranschaulicht die Auswirkungen von neurobiologischen Prozessen auf Verhaltensweisen. Die Schüler/-innen können dazu in der BrainControl-Anwendung videobasierte Verhaltensbeobachtungen unterschiedlicher Organismen durchführen. Dabei lernen sie unter anderem, wie durch optogenetische Veränderungen der Nervenzellen das Verhalten von Tieren beeinflusst werden kann.

Technische Umsetzung

VirtualBrainLab und alle Anwendungen funktionieren browserbasiert, so dass keine weiteren Downloads oder externe Anwendungsinstallationen notwendig sind. Lediglich die Arbeitskripte müssen heruntergeladen werden und mit einem entsprechenden Programm für PDF-Dokumente geöffnet werden. Die Anwendungen sind so angelegt, dass sie möglichst auch mit kleinem Datenvolumen

gut funktionieren. Zur Nutzung des Angebots registrieren sich Lehrpersonen auf VirtualBrainLab, um vollumfänglichen Zugriff auf die Materialien zu erhalten. Die Registrierung wird dazu vom VirtualBrainLab-Team geprüft und freigeschaltet. Lernende erhalten unkompliziert ein Nutzerprofil, dessen E-Mail-Adresse sie lediglich selbst bestätigen müssen. Alle Inhalte sind nach erfolgreicher Anlegung eines Nutzeraccounts jederzeit frei zugänglich und autark durchführbar.

Qualitätssicherung

Alle Angebote werden mittels wissenschaftlicher Qualitätsprüfungen begleitet und praktisch erprobt. Weiterhin werden Forschungsstudien zur Vermittlung der Neurobiologie durchgeführt. Mit den Datenanalysen können gleichermaßen die Benutzerfreundlichkeit des Angebots verbessert, die Unterrichtskonzepte optimiert sowie ein Beitrag

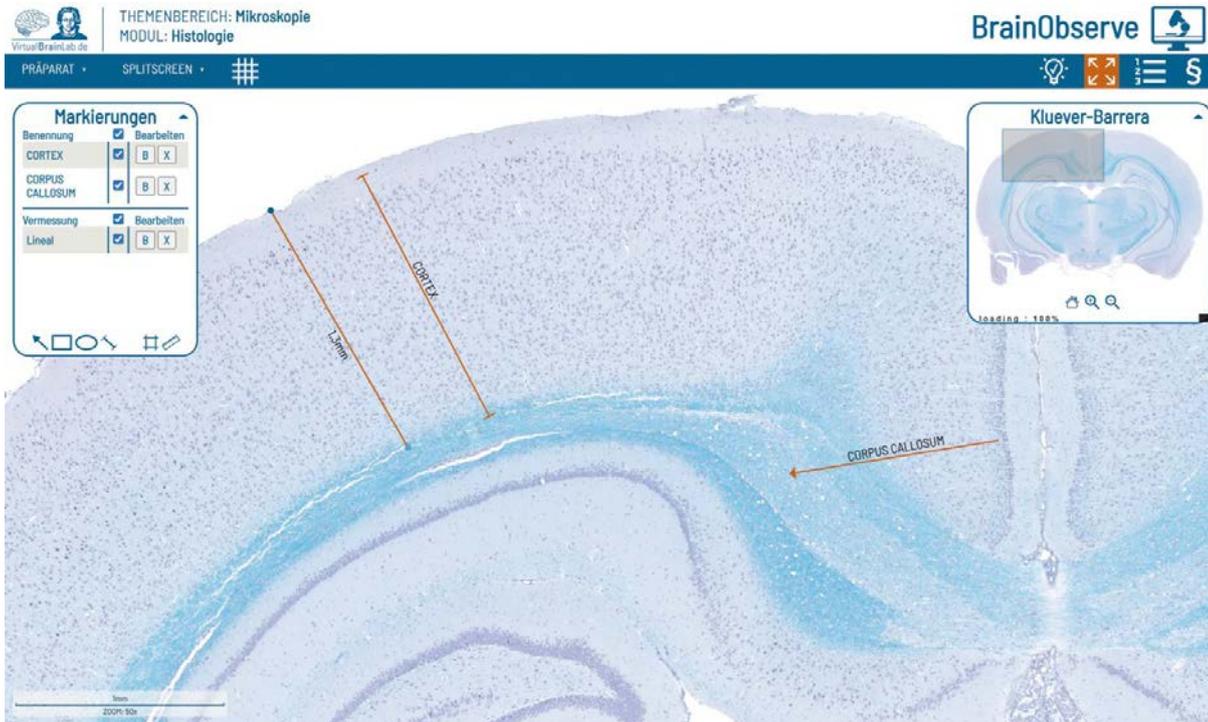


ABB. 3 Die BrainObserve-Anwendung mit gesetzten Markierungen innerhalb des Cortex-Präparats einer Ratte mit Klüever-Barrera-Färbung.

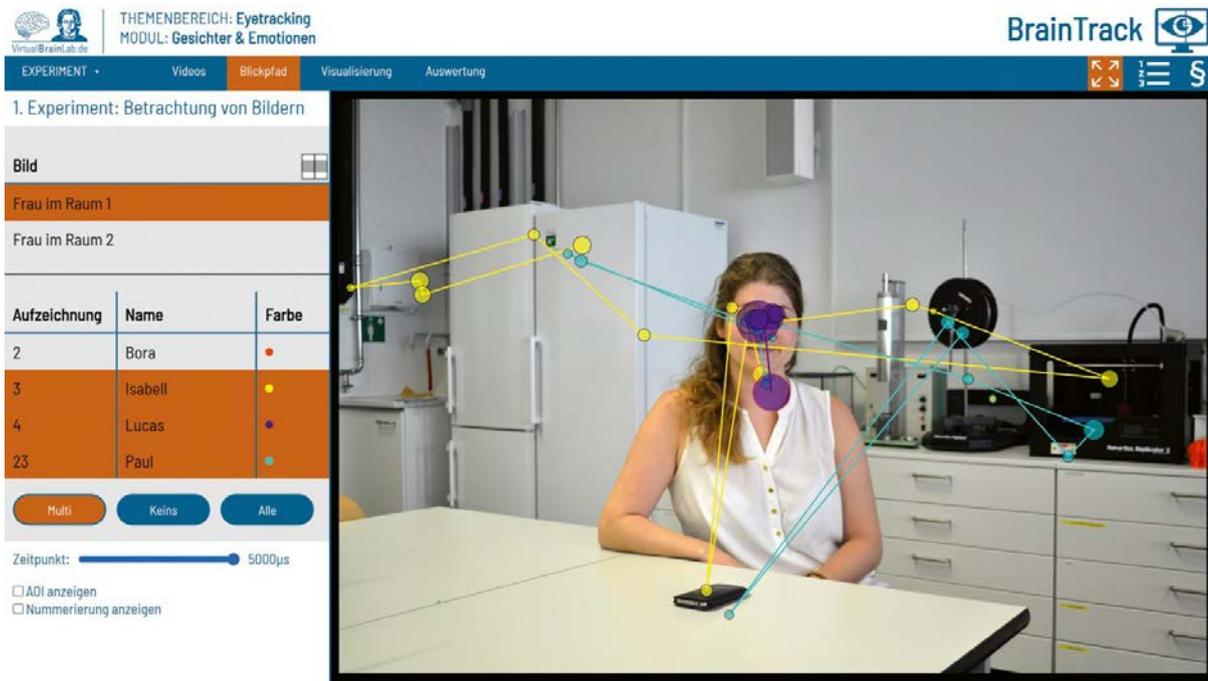


ABB. 4 BrainTrack-Anwendung mit Anzeige der Blickpfade von ausgewählten Proband/-innen über einem Foto.

zur Didaktik der Neurobiologie geleistet werden, indem z. B. Fehlvorstellungen bei Lernenden besser verstanden werden oder das Potenzial von technischen Vermittlungsmethoden aufgezeigt wird [1]. Studien zeigen bereits, dass experimentelle Ansätze in der Neurobiologie den Verständnisproblemen entgegenwirken können. Dabei ist die

genaue Art der praktischen Arbeit weniger wichtig. Virtuelle Experimente können als wirksames Instrument angesehen werden, das den Lernenden hilft, die grundlegenden Konzepte der Neurobiologie zu verstehen. Sie bieten oft Lernergebnisse, die mit denen traditioneller Labortorien vergleichbar sind oder sie sogar übertreffen [2].

Literatur

- [1] S. Formella-Zimmermann et al. (2022). *Frontiers in Education*, <https://doi.org/10.3389/feduc.2022.817598>
- [2] J. R. Brinson (2015). *Computers & Education*, <https://doi.org/10.1016/j.compedu.2015.07.003>

*Sandra Formella-Zimmermann,
Goethe-Universität Frankfurt*

PARTNER DES MENSCHEN

Kakao – von der Bohne in die Tasse

8,7 Kilogramm Schokolade, das entspricht etwa 87 handelsüblichen Schokoladentafeln – so viel verzehrt der Bundesbürger im Jahr. Schokolade gilt als Seelenröster. Der süß, zart schmelzende Geschmack beruhigt, spendet Trost und ein wohliges Gefühl (Abbildung 1). Alles Einbildung oder lässt sich das wissenschaftlich belegen?



ABB. 1 Belgische Schokoladenspezialitäten.

Am Anfang steht der Kakaobaum (*Theobroma cacao*), der schon sehr früh von den Indianern genutzt und kultiviert wurde. Kakaosamen dienten als Münzen und spielten im Mythos sowie im Wirtschaftswesen zur Zeit der Entdeckung Amerikas eine große Rolle. Die Spanier waren es, die die Kakaobohnen nach Europa brachten, wo sie zunächst privilegierten Schichten vorbehalten waren. Erst im 17. Jahrhundert wurden der Kakaotrunk sowie die von Nonnen in Guanaco mit Hilfe des in Kuba eingeführten Zuckers hergestellte

Schokolade in Europa bekannter. Beide traten ähnlich dem Kaffee einen Siegeszug an und führten zur Entstehung einer umfangreichen Industrie. Mit steigendem Kakaoverbrauch wurden nicht nur in Mittel- und Südamerika, sondern auch auf Ceylon, Indonesien, Neuguinea und den Philippinen große Pflanzungen angelegt. In Afrika kam Kakao erst Ende des 19. Jahrhunderts in Kultur, entwickelte sich aber in Zentral- und Westafrika so stark, dass dort heute weit mehr als die Hälfte der Weltproduktion erzeugt wird.

Als streng tropisches Gewächs liebt der Kakaobaum eine mittlere Jahrestemperatur von 24 bis 28 Grad Celsius, hohe Luftfeuchtigkeit und ca. 2000 mm Niederschlag – Bedingungen, die vor allem in der engeren Tropenzone zwischen den 15. Breitengraden Süd und Nord anzutreffen sind. Die Früchte des Kakaobaumes (Abbildung 2) reifen in fünf bis acht Monaten und werden mit Hakenmessern abgeschnitten. Um ein Keimen der Samen in der Frucht zu verhindern, müssen die Früchte noch am Sammelplatz geöffnet, die Samen entnommen und, auf Haufen geschichtet, zur Gärung gebracht werden. Während dieser sogenannten Fermentation zersetzen sich die schleimigen Pulpateile, werden Bitterstoffe abgebaut, entstehen durch Oxidation die braunen Farbstoffe und bildet sich das Aroma heraus. In modernen Plantagen führt man die unter Hitzeentwicklung (ca. 45 °C) ablaufende Fermentation in Gärkisten durch und setzt besondere Hefen zur Vermeidung von Fehlgärungen zu. Nach ca. sechs Tagen bricht man

die Gärung ab, wäscht und trocknet die Bohnen, bis der Wassergehalt auf fünf bis acht Prozent gesunken ist. Anschließend werden sie sortiert, verpackt und verfrachtet.

Von den Rückständen dienen die Fruchtschalen als Dünger, Viehfutter oder Heizmaterial, das Fruchtmus zur Herstellung von Gelee oder zur Vergärung zu Alkohol und Essig. Die Bohnen selbst werden im Verbraucherland geröstet (Abbildung 3) – wobei sich die Samenschalen lösen – und dann gemahlen. Dank des hohen Fettgehalts von ca. 53 Prozent entsteht ein zähflüssiger Brei, der zur Schokoladengewinnung nach Zugabe von Zucker, gegebenenfalls Trockenmilchpulver und Gewürzen, sowie nach mehrfacher Walzen in Formen gegossen wird und darin erstarrt. Für die Herstellung von Kakaopulver muss etwa die Hälfte des „Kakaobutter“ genannten Fettes abgepresst werden, da sich die Kakaomasse mit 50 Prozent Fett nicht trocknen lässt. Zur Erhöhung der Suspensionsfähigkeit der Kakaoteilchen im Getränk wird die Masse durch ein Alkaliverfahren nach von Houten aufgearbeitet, getrocknet und gemahlen.

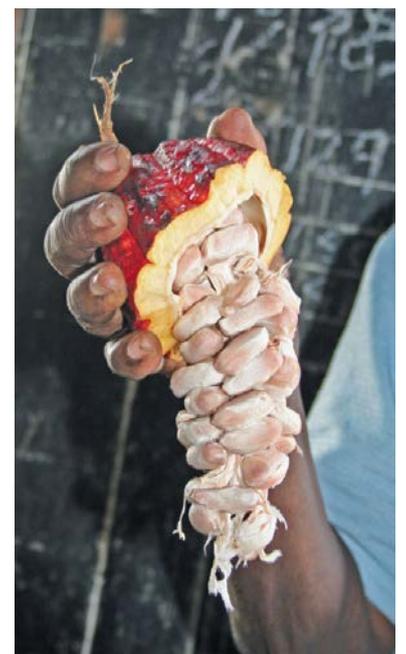


ABB. 2 Im Innern der Beerenfrucht kommen die Samen zum Vorschein.



ABB. 3 Die Bohnen werden im Verbraucherland geröstet.

Mit etwa 20 Prozent Eiweiß, 38 Prozent Kohlenhydraten und 24,5 Prozent Fett besitzt Kakaopulver einen hohen Nährwert. Für die anregende Wirkung sorgt das Theobromin, ein mit Koffein nahe verwandtes Alkaloid. In luftgetrockneten Bohnen macht es 1,2 Prozent aus, im Kakaopulver 2,3 Prozent. Daneben enthalten trockene Bohnen etwa 0,2 Prozent Koffein. Auch die Samenschalen, die für Teeaufgüsse genutzt werden, weisen ein wenig Theobromin auf. Die Ernteerträge

schwanken zwischen 200 und 500 Kilogramm trockener Bohnen pro Hektar. Durch vegetative Vermehrung selektierter, fein ausgewählter Mutterbäume gelingt es, Erträge bis zu 2500 Kilogramm pro Hektar zu erzielen. Die Weltproduktion hat sich seit den fünfziger Jahren mehr als verdoppelt.

Stimmungsaufheller und Glücksbringer

Die eigentlichen Substanzen, die unser Gehirn beeinflussen, sind vor

allem Phenylethylamin, eine aus der Gruppe der Amphetamine stammende Substanz, und Tryptophan. Tryptophan wirkt in unserem Organismus als Vorstufe von Serotonin, einem Botenstoff, der vor allem als Antidepressivum eingesetzt wird. Gerade Tryptophan wird nachgesagt, in bestimmten Gehirnbereichen auf den Gemütszustand einen positiven Effekt auszuüben und das Glücksgefühl zu fördern. Dies ist möglicherweise nicht der einzige Weg der Stimmungsaufhellung durch Schokolade. Über die Geschmackswahrnehmung der Schokolade entsteht auch ein besonderes Geschmackserlebnis. 600 flüchtige Aromen enthält die Kakaobohne – für Genießer werden sie zu einem Festival der Sinne. Sie machen den typischen Schokoladengeschmack aus, wenn sie im Mund freigesetzt werden. Bakterien im Mundraum spielen dabei eine wesentliche Rolle, indem sie die Moleküle, die sich in der Kakaobutter befinden, in kürzester Zeit in flüchtige Aromen umsetzen. Zusätzlich werden die in der Kakaobutter enthaltenen Aromen beim Schmelzen auf der Zunge frei und gelangen durch den Rachen in den Nasenraum, wo sie von Rezeptoren erkannt werden. Diese wiederum senden daraufhin Signale zum limbischen System des Gehirns, welches unseren Gemütszustand steuert. Die Kombination aus Botenstoffen, Aromen und der Süße der Schokolade ist es, die das Gehirn vornehmlich im limbischen System in einen Glückszustand versetzt. Schokolade kann also durchaus zur Stimmungsaufhellung führen und einen glücksähnlichen Zustand hervorrufen.

Literatur

- J. Koolman, H. Moeller, K.-H. Röhm (Hrsg.), Kaffee, Käse, Karies ... Biochemie im Alltag, Wiley-VCH Weinheim 1989. ISBN 3-527-29530-5
 W. Franke, Nutzpflanzenkunde, Georg Thieme Verlag Stuttgart 1981. ISBN 3 13 530402 7

Wilhelm Irsch,
Rebblingen-Siersburg

STICHWORT SCHOKOLADE

Für den Lebensmittelchemiker besteht Schokolade aus dem Pulver fermentierter Kakaobohnen und Butter. Eine Vollmilchschokolade besteht aus ungefähr 12 Prozent Kakaopulver, 18 Prozent Kakaobutter und 46 Prozent Zucker. Bei einer Zartbitterschokolade ist der Anteil an Kakaopulver höher, er liegt hier bei circa 48 Prozent. Dafür ist weniger Kakaobutter vorhanden. In der Kakaobohne befindet sich ferner eine Reihe weiterer natürlicher Substanzen. Neben Mineralien ist auch Theobromin in der Bohne zu finden, eine dem Koffein ähnelnde Substanz, die anregend auf unseren Körper wirkt. Besonders edel für Auge und Gaumenfreuden wird Schokolade als Praline. Schon früh entwickelte man dazu spezielle Maschinen (Abbildung 4).



ABB. 4 Maschine zur Herstellung von Pralinenüberzügen.



MANAGEMENT-FALLSTRICKE, TEIL 14

Der Halo-Effekt

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?

Zebra Branni begutachtete die fein säuberlich sortierten Papierbögen, die seine fleißigen Helfer aus feinsten Blütenblättern geschöpft hatten. Zufrieden strich er über das frisch hergestellte Material. „Das wird unser Durchbruch!“, lobte er das ganze Team. Die Riesenschildkröten nickten eifrig mit den Köpfen. Dank ihnen waren die Bögen wunderbar glatt gepresst. „Und alles löst sich in Nullkommanichts von selbst wieder auf, sobald es mit Flüssigkeit in Berührung kommt“, verkündete Willi Weberknecht stolz. „Dem Ingenieur ist nichts zu schwer, was?“, schmunzelte Zebra Branni und klopfte dem Weberknecht anerkennend auf die Schulter. Ingeheim sah er sich schon auf der großen Bühne französischen Champagner aus dem goldenen Pokal trinken. Den Umweltpreis hatten sie so gut wie sicher!

Das Wetter war nun ausschlaggebend für ihren Erfolg. Für das optimale Ergebnis mussten die Bögen noch 20 Tage bei voller Sonneneinstrahlung bleichen; dabei durften sie keinesfalls nass werden. Zebra Branni hatte zur Überwachung dieser äußerst wichtigen Aufgabe eine eigene Leitungsfunktion geschaffen. Zwei Bewerber hatte er zur Auswahl. Der unscheinbare, blasse Frosch trug einen Stapel an Referenzen unter dem Arm als Zebra Branni ihn bat Platz zu nehmen. Sein Blick wurde jedoch magisch von der bunten Gestalt abgelenkt, die direkt hinter dem Frosch den Raum betrat. Diese rote Brille kannte er doch! Hatte die nicht auch der berühmte Fußballstar Karlos Kakadu? Total aus dem Häuschen begrüßte er den zweiten Bewerber überschwänglich und erfuhr, dass er tatsächlich auch Fußballspieler war, aber weiter nichts mit dem berühmten Kakadu zu tun hatte. „Dann würden mich einmal Ihre Wetterprognosen für die nächsten Tage interessieren“, stellte Zebra Branni die beiden Bewerber auf die Probe. Der Kakadu zeichnete eine beeindruckende Kurve auf das Flipchart. „Es geht steil bergauf“, endete er seine Ausführungen. Zebra Branni war beeindruckt. Der blasse Frosch drückte etwas herum, ließ aber dann doch eine weitaus pessimistischere Sicht der Dinge verlauten. Ob man auch seine Referenzen sehen wolle, fragte der Frosch, als die Reaktion von Zebra Branni auf seinen Vortrag eher verhalten ausfiel. „Nicht nötig“, erwiderte Branni. „Ich habe mich bereits entschieden.“ Zebra Branni glaubte dem Wetterbericht des Kakadus mit der modi-

schen roten Brille mehr als dem pessimistischen Report des blassen Frosches. „Der bunte Kakadu ist definitiv kompetenter als der Frosch, das zeigt schon seine Brille. Außerdem ist er ein super Stürmer im Fußball. Wenn also einem Führungskompetenz unterstellt werden kann, dann sicherlich ihm“, fasste das Zebra in Gedanken zusammen. Überzeugt, die richtige Wahl getroffen zu haben, reichte er dem Kakadu den unterschriebenen Arbeitsvertrag. Freudig stellte er dem Team die neue Leitung vor.

Der Kakadu machte gleich Nägel mit Köpfen. „Hey, alle mal herhören!“, wandte er sich an die fleißigen Helfer. „Ihr könnt die Bögen nun zum Trocknen ausbreiten. Wir erwarten herrlichsten Sonnenschein“. Gesagt, getan. Als sich kurz darauf der Himmel verdunkelte, zuckte der Kakadu mit den Schultern. „Was es nicht alles gibt? Dunkle Wolken am helllichten Tag“, trällerte er vor sich hin. „Sollen wir abbauen?“, fragte eine der Schildkröten vorsichtig nach. Doch der Kakadu überhörte die Einwände des Teams. Also machten sie weiter wie geplant. Leider verwässerte der Starkregen der nächsten Tage die komplette Produktion. Die Sache mit dem Umweltpreis war damit erledigt; den würde ein anderes Team gewinnen. Traurig und frustriert verließen die Mitarbeiter die Arbeitsstelle. „Das mit dem Wetter war wirklich Pech“, verabschiedete Zebra Branni das Team und hoffte, dass niemand seine Schamesröte wahrnahm. Ingeheim wusste er nämlich, dass er doch auf den Frosch hätte hören sollen und bereute seine Personalentscheidung sehr. Er nahm sich für die Zukunft fest vor, Kompetenz und rote Brillen nicht mehr durcheinanderzubringen.

Und die Moral von der Geschicht': Verwechsle Kompetenz mit roten Brillen nicht.

Ihre Andrea Hauk,
andrea@biuz.de

FAKTENBOX

Haben Sie auch schon einmal Wein aufgrund eines schönen Etiketts gekauft oder ein Buch wegen dem ansprechenden Einband? Fies, aber wahr: Attraktiv zu sein lohnt sich. Wussten Sie, dass attraktive Kellner/-innen im Durchschnitt mehr Trinkgeld bekommen als unattraktive? Dass attraktive Menschen in Bewerbungsgesprächen mit hoher Wahrscheinlichkeit als intelligenter, kompetenter und qualifizierter als unattraktive Mitbewerber/-innen eingestuft werden? Oder dass selbst Geschworene attraktiven Menschen weniger oft zutrauen, sich kriminell verhalten zu haben? Immer dann, wenn wir etwas bewerten, wird unsere Urteilskraft durch den sogenannten Halo-Effekt ausgetrickst. Wie ein Heiligenschein erhellt eine einzige stark ausgeprägte Eigenschaft auch andere, uns unbekannte (und zudem davon völlig unabhängige) Eigenschaften. Nur weil jemand freundlich ist, ist er nicht auch ehrlich. Enthusiasmus bedeutet nicht Fachwissen, und ein guter Redner ist nicht automatisch klug. Hand aufs Herz. Beruhen Ihre Personalentscheidungen wirklich auf dem Gesamteindruck, oder lassen Sie sich auch von einer einzelnen hervorstechenden Eigenschaft blenden, die blind für andere Eigenschaften macht?

RÜCKBLICK

- 2/22 *Bakterien als Plastikmüllabfuhr*
 2/22 *Mit Röntgen in die dritte Dimension*
 2/22 *„Wahre Treue“ bei Kupferroten Springaffen?*
 2/22 *Rund, spitz, gespalten*
 2/22 *Der Steinschmätzer*
 2/22 *Mit Staubsaugern und Handschuhen gegen Viren*
- 3/22 *Chemische Diversität bei Pflanzen – wozu?*
 3/22 *Fleisch(r)evolution*
 3/22 *Hornmilben – die unscheinbare Vielfalt aus dem Boden*
 3/22 *Lebensbedrohliche Pilzinfektionen*
 3/22 *Nichtgenetische Vererbung*
 3/22 *Per Vogel, Wind und Seilschaft*

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

BiuZ 1/2023 erscheint im Februar 2023

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

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

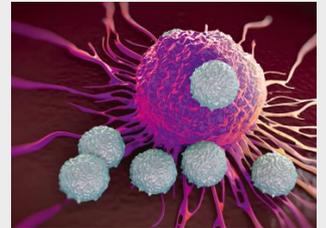
Die BiuZ gibt es exklusiv für VBIO-Mitglieder. Einfach beitreten unter www.vbio.de/beitritt und viermal im Jahr die Lektüre genießen!



IM NÄCHSTEN HEFT

Mit Hilfe der körpereigenen Abwehr gegen Krebs

Krebszellen nutzen verschiedene Mechanismen, um der körpereigenen Abwehr zu entgehen. Mit Hilfe von immunologischen Therapien lässt sich das Immunsystem jedoch so unterstützen, dass es Krebszellen erfolgreich bekämpfen kann. Wie sie funktionieren, erfahren Sie in unserem Artikel.



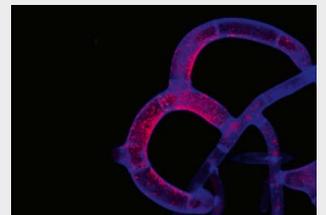
Letzte Chance für die Albatrosse

Zwischen Südafrika und der Antarktis bieten die ozeanischen Inseln Marion und Prince Edward Heimat für einen unglaublichen Reichtum an Seevögeln und Meeressäugern. Doch die Bestände der hier brütenden Albatrosse werden von eingeschleppten Mäusen massiv bedroht. Das Mouse-Free Marion Project setzt sich für die Ausrottung des Räubers ein.



Räuberische Pilze

Pilze sind als Destruenten, Symbionten oder Pathogene bekannt. Es gibt unter ihnen aber auch Räuber, die bei Nahrungsmangel lebende Nematoden fangen. Da viele Nematoden pflanzen- oder tierpathogen sind, haben Nematoden-fangende Pilze ein großes Potenzial für die pestizidfreie Schädlingsbekämpfung.



Moderne Aquaristik

Aquarien üben seit jeher eine große Faszination aus und spielen zunehmend eine Rolle im Artenschutz. Inzwischen hat sich die Aquaristik zu einer Bürgerwissenschaft mit vielfältigen Beziehungen zu den benachbarten Naturwissenschaften entwickelt. Unser Artikel stellt Initiativen und engagierte Organisationen vor.



Die Struktur von Termitenstaaten

Termiten sind die älteste bekannte – und darüber hinaus eine ökologisch wichtige – Gruppe von eusozialen Insekten. Ihre Staaten unterscheiden sich von denen der bei uns heimischen Hautflügler in wesentlichen Punkten. Einen Überblick über die Besonderheiten von Termitenstaaten bietet unser Artikel.



Foto: Wikimedia.



Verband | Biologie, Biowissenschaften
& Biomedizin in Deutschland

**GEMEINSAM
FÜR DIE**

BIEWISSENSCHAFTEN

Gute Gründe, dem VBIO beizutreten:

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



www.vbio.de

Jetzt beitreten!

▶ erst 2023 zahlen!

