



Das Ceylonpapageichen (*Loriculus beryllinus*) lebt nur in Sri Lanka. Es ist eine sehr seltene Art, d. h. es gibt nur wenige Individuen. Foto: Corey Callaghan

FORSCHUNG & ENTWICKLUNG

„Wer kann erklären, warum eine Art weit verbreitet und sehr häufig ist und warum eine andere, verwandte Art nur eine geringe Verbreitung hat und selten ist?“ Diese Frage stellte Charles Darwin vor über 150 Jahren in seinem Buch *The Origin of Species*. Eng verknüpft ist die Frage, wie viele Arten häufig und wie viele selten sind – die sogenannte globale Artenhäufigkeitsverteilung (*global species abundance distribution*, gSAD). Wissenschaftler haben im vergangenen Jahrhundert zwei bedeutende gSAD-Modelle vorgeschlagen: Laut dem Log-Serien-Modell sind sehr seltene Arten am häufigsten, und die Zahl der Arten nimmt ab, je mehr Individuen es von ihnen gibt. Das Log-Normal-Modell besagt stattdessen, dass nur wenige Arten sehr selten sind und die meisten Arten eine mittlere Häufigkeit (an Individuen) aufweisen. Klar war, dass sich dieses Problem nur mit sehr vielen Daten lösen lässt. Die Autoren einer Studie um Erstautor Dr. Corey Callaghan nutzten dazu die *Global Biodiversity Information Facility* (GBIF) mit über einer Milliarde Artenbeobachtungen zwischen 1900 und 2019. Sie unterteilten die Daten in 39 Artengruppen, z. B. Vögel, Insekten oder Säugetiere, und erstellten für jede Gruppe die globale Artenhäufigkeitsverteilung. Dabei fanden sie ein potenziell universelles Muster, das erkennbar wird, sobald die Artenhäufigkeitsverteilung vollständig enthüllt ist: **Die meisten Tier- und Pflanzenarten sind selten, aber nicht sehr selten, und nur wenige Arten sind sehr häufig** – so wie es das Log-Normal-Modell vorher sagt. Die Forscher stellten auch fest, dass dieses Muster erst für wenige Artengruppen wie Vögel oder Palmfarne vollständig enthüllt worden ist. Die Forscher glauben, dass ihre Ergebnisse dazu beitragen könnten zu beantworten, warum manche Arten selten und andere häufig sind.

Dies wird allerdings dadurch erschwert, dass unser Handeln die Häufigkeit von Arten verändert. Bis zur endgültigen Beantwortung von Darwins Frage ist es deshalb vielleicht noch ein weiter Weg.
www.idiv.de

Um den genetischen Ursachen von Krankheiten auf die Spur zu kommen, hat es sich bewährt, in Tieren ein einzelnes Gen auszuschalten und die Folgen davon zu untersuchen. Allerdings tragen bei vielen Krankheiten mehrere Gene zum Krankheitsbild bei. In diesem Fall müssten viele Tierversuche durchgeführt werden, um die beteiligten Gene zu untersuchen. Forschende unter der Leitung von Randall Platt, Professor für Biologisches Engineering am Departement für Biosysteme der Eidgenössischen Technischen Hochschule (ETH) Zürich in Basel, haben nun eine Methode entwickelt, um mit Hilfe der Genschere CRISPR/Cas **in einem einzigen Tier mosaikartig mehrere Dutzend Genveränderungen gleichzeitig vorzunehmen**: In jeder Zelle ist höchstens ein Gen verändert, die verschiedenen Zellen eines Organs sind aber auf unterschiedliche Weise verändert. Einzelne Zellen lassen sich anschließend präzise analysieren. Die ETH-Forschenden haben diesen Ansatz nun zum ersten Mal erfolgreich in lebenden Tieren angewandt. Um die Information darüber, welche Gene die Genschere zerstören soll, in die Körperzellen von Mäusen zu bringen, verwendeten die Forschenden eine Mischung von Adeno-assoziierten Viren, die unterschiedliche Anleitungen zur Genzerstörung trugen. Auf diese Weise konnten sie in den Zellen eines Organs – in der Studie wählten sie das Gehirn – unterschiedliche Gene ausschalten. Die ETH Zürich hat die Technologie zum Patent angemeldet. Die Forschenden möchten sie nun im Rahmen eines Spinoffs nutzen, das sie noch gründen werden.
www.ethz.ch



Mit der neuen Methode lassen sich die Zellen in einzelnen Organen von Tieren mosaikartig genetisch verändern.
Abb.: Midjourney, ETH Zürich.

Pflanzen werden vielfach Fähigkeiten zugeschrieben, wie sie von Tieren bekannt sind. In einem Beitrag für das Review-Journal *Trends in Plant Science* sind nun 32 internationale Pflanzen- und Forstwissenschaftler solchen Zuschreibungen nachgegangen. Gegenstand des Artikels waren die Aussagen in zwei breit rezipierten Büchern, die sich mit dem verborgenen Leben der Bäume und der Suche nach dem sogenannten „Mutterbaum“ beschäftigen. Darin werden Bäumen menschliche Eigenschaften zugeschrieben wie die Fähigkeit, Schmerz oder Glück zu empfinden, miteinander zu kommunizieren oder altruistisch zu handeln. Für beide Veröffentlichungen wies das Team um Prof. David Robinson vom *Centre for Organismal Studies* (COS) der Universität Heidelberg detailliert nach, **dass zentrale Aussagen wissenschaftlich nicht haltbar sind**. Danach wird beispielsweise die Behauptung, wonach Bäume einer Art sich gegenseitig unterstützen und am Leben halten, durch zahlreiche Forschungsarbeiten zur Bedeutung innerartlicher Konkurrenz klar widerlegt, wie Robinson erläutert. Auch das Konzept des „Mutterbaums“ sei nicht haltbar, da zugrundeliegende Publikationen, die vermeintlich einen gezielten Transfer von Kohlenstoff von älteren zu jüngeren Bäumen mittels vernetzender Pilze – den sogenannten Mykorrhizzen – belegen können, unter anderem wegen fehlender



Waldbäume konkurrieren untereinander um Licht und Nahrung. Foto: jplenio über www.pixabay.com.

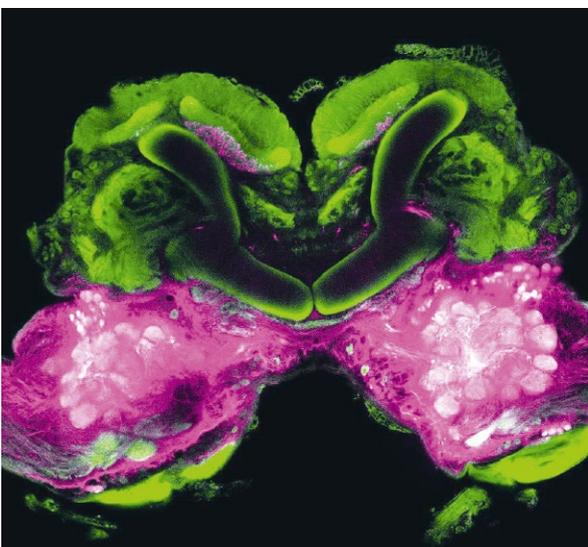
Kontrollvarianten inkorrekt seien. „Und dort, wo die Daten einen solchen Transfer tatsächlich nahelegen, ist die ausgetauschte Kohlenstoffmenge so gering, dass sie für den empfangenden Baum physiologisch völlig irrelevant ist“, sagt Robinson. In ihrem Beitrag zeigen die Autoren schließlich auf, welche fatalen Folgen es für die Anpassung der Wälder an den Klimawandel haben könnte, wenn politische Weichenstellungen dafür nicht auf der Basis wissenschaftlicher Erkenntnisse, sondern auf „der Grundlage wohlklingender,

aber falscher Botschaften“ getroffen werden, so Robinson. www.uni-beidelberg.de

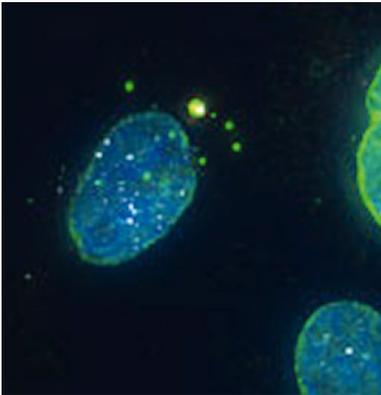
In der Forschung galt lange, dass Insekten roboterartig nach einfachen Reiz-Reaktionsschemata agieren, doch diese Sicht hat sich in den vergangenen zwei Jahrzehnten stark gewandelt: „Insekten besitzen einfache kognitive Fähigkeiten wie die Bildung und den Abruf von Gedächtnissen und die erfahrungsbasierte Entscheidungsfindung“, sagt Prof. Nawrot vom Institut für Zoologie der Universität zu Köln. Ausschlaggebend dafür ist ein wichtiges Schaltzentrum im Zentralgehirn des Insekts, das aufgrund seiner anatomischen Form als Pilzkörper bezeichnet wird. Nawrot und seine Mitarbeiterin Dr. Cansu Arican zeigten nun, dass der Pilzkörper auch dafür verantwortlich ist, **dass Insekten abstrakte Verhaltensentscheidungen treffen können.** Für ihre Studie hatten sie die Aktivität der Ausgangsneurone im Pilzkörper in der Amerikanischen Schabe (*Periplaneta americana*) gemessen und gleichzeitig das Fressverhalten der Tiere gefilmt. Das Forschungsteam beobachtete, dass die Neurone nicht nur den Wert eines bestimmten Duftes kodieren, zum Beispiel einen

Futterduft im Vergleich zu einem neutralen Duft, sondern sich auf der Grundlage dieser Information auch für oder gegen das jeweilige Fressverhalten entschieden. Dabei spielt auch der momentane Zustand des Tieres eine Rolle, zum Beispiel, ob es in dem Moment hungrig oder satt ist. Auf Basis des neuronalen Antwortmusters war es so möglich, präzise vorherzusagen, ob das Tier nur etwa eine zehntel Millisekunde später das Fressverhalten zeigt oder nicht. Ähnlich der motorischen Großhirnrinde im menschlichen Gehirn fällt der Pilzkörper somit eine erste Verhaltensentscheidung und sendet ein abstraktes motorisches Kommando an das nachgeschaltete motorische System – in der Analogie des Menschen ist dies das Rückenmark – welches das Verhalten dann durch die konkrete Ansteuerung von Muskeln ausführt. „Dieses Ergebnis ändert die Sichtweise auf den Pilzkörper, der nun als Zentrum für Gedächtnisbildung und Verhaltensentscheidung gesehen werden kann. Das ist wichtig, da die Erforschung von Insektengehirnen auch für das Verständnis der Funktion von komplexeren Gehirnen relevant ist“, resümiert Erstautorin Arican. www.uni-koeln.de

Forschende vom Institut für Biochemie der Eidgenössischen Technischen Hochschule (ETH) Zürich um Ruth Kroschewski haben im Zellplasma von Säugetierzellen ein neues zelluläres Kompartiment gefunden, das sie als Exklusom bezeichnet haben. Offensichtlich wird darin nicht-chromosomale von chromosomaler DNA ferngehalten. **Die Autoren halten dies für ein zellautonomes Genomabwehrsystem.** Das ist eine Besonderheit, denn normalerweise bewahren eukaryotische Zellen die meiste DNA im Zellkern auf, wo sie in Chromosomen organisiert ist. Die Plasmide, die sich im Exklusom ansammeln, stammen von außerhalb der Zelle oder von den Endkappen der Chromosomen, den Telomeren. Vor allem in gewissen



Schabengehirn mit Pilzkörper. Bild: Claudia Groh.



Fast wie ein Mond bei einem Planeten liegt das Exklusom (gelbgrüner Punkt) im Zellplasma in der Nähe des Zellkerns (blau). Abb.: Schenkel L. et al. (2023). *Molecular Biology of the Cell*.

Krebszellen werden diese sich wiederholenden und nicht für Proteine kodierenden DNA-Bereiche abgeschnürt und zu Ringen zusammengefügt. Die Zelle kann also eigene und noch benötigte DNA von fremder oder vermutlich nicht mehr benötigter DNA unterscheiden und letztere aus dem Zellkern entfernen. „Das ist eine wichtige Hygienefunktion des Zellkerns, die die Chromosomen schützt“, sagt Studienleiterin Ruth Kroschewski. Sonst bestände die Gefahr, dass Plasmide in die Chromosomen eingebaut werden, oder dass ihre Gene, die von Viren oder Bakterien stammen, im Zellkern in Proteine übersetzt werden. Die ETH-Forscherin geht davon aus, dass das Exklusom evolutionär alt ist und aus der Frühzeit der Eukaryoten stammt. Seine Hülle ähnelt der des Zellkerns, ist aber deutlich einfacher, wie Kroschewski erklärt: „Die Hülle des Exklusoms weist Lücken auf, die bei der Kernhülle nur am Anfang ihrer Bildung zu beobachten sind.“ Diese Lücken werden bei der Kernhülle mit der Zeit geschlossen oder werden mit spezifischen Proteinporen gefüllt. Die Hülle des Exklusoms hingegen entwickelt sich nicht weiter. „Vielleicht ist das Exklusom der erste Versuch, einen Zellkern zu bilden“, sagt Kroschewski. Die ETH-Zellbiologin und ihr Team wollen deshalb in nächster Zeit die

Veränderungen der Plasmid-DNA in der Zelle und die „Lizenz“ für den Transport der Plasmide ins Exklusom untersuchen, um dessen Geheimnissen auf die Spur zu kommen.
www.ethz.ch

STANDORTE

Die Technische Universität München (TUM) feiert den offiziellen Start des *Munich Data Science Institute* (MDSI), welches als zentrales Element ihrer TUM AGENDA 2030 durch die Exzellenzinitiative des Bundes und der Länder gefördert wird. Das MDSI bündelt die Stärken der TUM in Datenwissenschaften, maschinellem Lernen und Künstlicher Intelligenz von der Grundlagenforschung über interdisziplinäre Fachanwendungen bis hin zur Vermittlung von Datenkompetenzen für Master-Studierende, Forschende und berufstätiges Fachpersonal. Als integratives Forschungsinstitut bündelt das MDSI die Kompetenzen von über 60 Professor/-innen über disziplinäre Grenzen hinweg. Unter seinem Dach entsteht unter anderem das *Center for Digital Medicine and Health* als Bund-/Land-geförderter Forschungsneubau, um die Kernkompetenzen der Informatik auf den Medizincampus des Klinikums rechts der Isar zu bringen. Unter der Leitung des MDSI-Direktors Daniel Rückert liegt der **Schwerpunkt auf der Entwicklung datengetriebener Ansätze und KI-Methoden in der Medizin** – von der Früherkennung und Diagnose von Krankheiten über die Identifizierung von Biomarkern für individualisierte und personalisierte Behandlungen bis hin zu Ethik, Sicherheit und Datenschutz bei der Verwendung von Patientendaten.

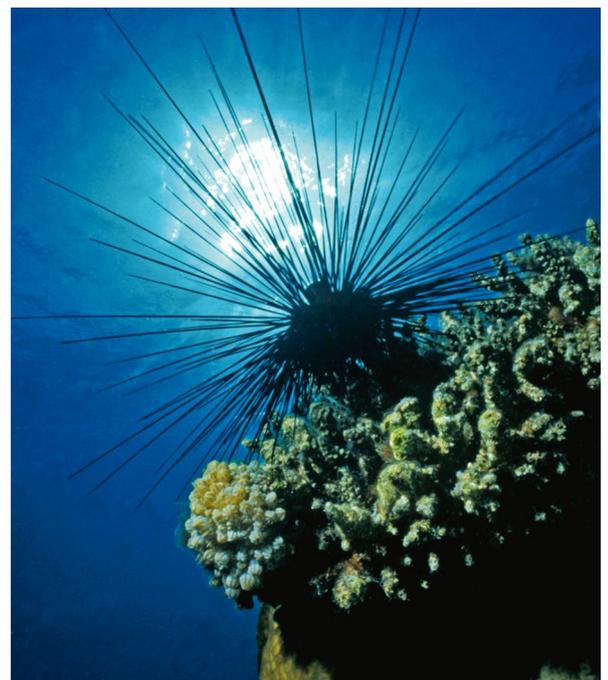
CITIZEN SCIENCE

Seeigel sind eine der wichtigsten Tiergruppen in den Korallenriffen im Roten Meer. Sie ernähren sich von Algen und sind daher auch die „Rasenmäher“ der Riffe. Bis vor

kurzem konnte man noch bis zu 30 Seeigel der Art *Diadema setosum* pro Quadratmeter im Roten Meer finden. Aufgrund eines Massensterbens sind die dämmerungs- und nachtaktiven Tiere inzwischen fast vollständig verschwunden. Deshalb starten Forschende der Forschungseinheit Biodiversität und Wissenschaftliches Tauchen der Universität Stuttgart in Kooperation mit 47 Tauchcentern, Tauchreiseveranstaltern, Tauchausbildungsorganisa-



Eröffnungsveranstaltung des MDSI mit Wissenschaftsminister Markus Blume. Foto: Astrid Eckert (TUM).



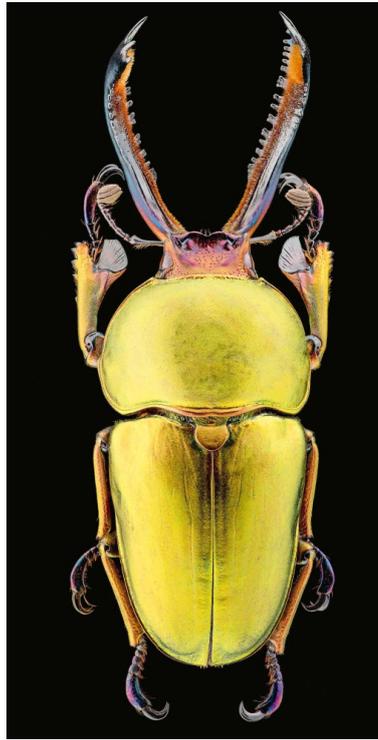
Zum Fressen kriechen Diadem-Seeigel nachts auf mit Algen bewachsene Flächen hinaus, während sie tagsüber bewegungslos in Verstecken sitzen oder auf offenen Flächen Ansammlungen bilden. Foto: Paul Munzinger.

tionen und vielen Nichtregierungsorganisationen, die im Umwelt- und Meeresschutz aktiv sind, das Citizen-Science-Projekt Dive4Diadema. „Mit dieser Herangehensweise möchten wir **so viel wie möglich über die Ausbreitung der Seeigelkrankheit erfahren**“, erklärt Prof. Franz Brümmer vom Institut für Biomaterialien und biomolekulare Systeme der Universität Stuttgart. „Wir versuchen Diadem-Seeigel-Populationen im Roten Meer zu finden, die nicht betroffen oder sogar resistent gegen die Krankheit sind, die das Massensterben verursacht hat“, ergänzt sein Kollege Prof. Ralph Schill vom Institut für Biomaterialien und biomolekulare Systeme. Über die neue kostenlose und mehrsprachige App für iPhone, iPad und Android Smartphones können Sporttaucherinnen und Sporttaucher ihre Beobachtungen aus dem Mittelmeer und Roten Meer eingeben.

www.uni-stuttgart.de

AUSSTELLUNG

„Gott scheint eine übertriebene Vorliebe für Käfer zu haben“, soll der Evolutionsbiologe John Haldane geantwortet haben, als ihn ein



Lamprina adolphinae, ein Käfer aus der Familie der Schröter (Lucanidae).
Foto: Thomas Büchse

Theologe fragte, was uns die Schöpfung über deren Urheber verrät. Hintergrund ist, dass die Käfer mit 380.000 bekannten Arten so etwas

wie das Erfolgsmodell der Evolution sind. Auch gibt es kaum ein pflanzliches oder tierisches Material, das nicht von irgendeinem Käfer gefressen wird, und mit Ausnahme der Ozeane haben sie jeden nur denkbaren Lebensraum erobert. Grund genug, diesen Tieren mit „Ganz nah“ eine kleine aber feine Sonderausstellung zu widmen. Bis zum 07. Januar 2024 zeigt das Museum Mensch und Natur in München daher in seinem kleinen Sonderausstellungsbereich insgesamt **17 großformatige Fotografien von Käfern**, die der Augsburger Fotograf Thomas Büchse mit Hilfe spezieller Aufnahmeverfahren im Naturkundemuseum Augsburg gemacht hat. Sie weisen eine extreme Tiefenschärfe und Auflösung auf, was es ermöglicht, die Tiere in zigfacher Vergrößerung darzustellen, so dass auch feinste Details erkennbar sind. Um ein Gefühl für die Größe der Originalkäfer zu bekommen, wird jeweils ein Exemplar derselben Art aus der Zoologischen Staatssammlung München neben dem Bild gezeigt.

<https://mmn-muenchen.snsb.de>

ERRATUM

In BiuZ 3/23 berichteten wir in der Rubrik „Partner des Menschen“ über den blauen Pfau. Im Artikel heißt es, die ersten Pfauen seien vor 4000 Jahren mit Alexander des Großen nach Griechenland gekommen.



Tatsächlich sind die Pfauen laut Quellen zwar vor 4000 Jahren nach Europa gekommen, aber nicht durch Alexander d. Gr., der erst 356 v. Chr. geboren wurde. Wir bitten, dieses Versehen zu entschuldigen!

VERBORGENE WELTEN – LIFESCIENCES-KALENDER 2024

MIT FRÜHBUCHERRABATT FÜR VBIO-MITGLIEDER

Der Insider gut bekannte LifeSciences-Kalender 2024 mit spektakulären Photoshop-kolorierten rasterelektronenmikroskopischen Motiven aus dem Hause eye of science kann ab sofort vorbestellt werden. Der Kunstkalender ist sehr hochwertig produziert und hat das Format 50 × 70 cm. Ein sehr originelles Geschenk für alle mit einem Faible für die Natur und/oder die Lebenswissenschaften. Der Moosbaum-Verlag gewährt dem VBIO Sonderkonditionen für ein limitiertes Kontingent von 50 Stück unter: <https://lifesciences-calendar.com/special/vbio224/>

