

Von Pflanzen und Schmetterlingen bis hin zu Pilzen und Mikroorganismen im Boden: In landwirtschaftlich genutztem Grasland setzen sich im gesamten Ökosystem Lebewesen mit „schnelleren“ funktionalen Strategien durch. Dadurch besteht die Gefahr, dass „langsame“ Ökosysteme auf Dauer verloren gehen. Vertreter eines solchen zeigt unser Aufmacherfoto: Ein Braunkolbiger Braun-Dickkopffalter (*Thymelicus sylvestris*) frisst an einem Breitblättrigen Thymian (*Thymus pulegioides*). Beide Organismen setzen auf eine „langsame“ funktionale Strategie. Foto: Manning/Senckenberg.



## FORSCHUNG & ENTWICKLUNG

Je nach Umfeld setzen Lebewesen auf Strategien von schnellem oder langsamem Wachstum, größere oder geringere Körpergröße und pflanzen sich unterschiedlich häufig fort. Zwei Faktoren sind dabei entscheidend: die Verfügbarkeit von Nährstoffen und das Ausmaß „störender“ äußerer Einflüsse. Die Auswirkungen landwirtschaftlicher Graslandnutzung auf Organismen-Gemeinschaften hat ein Forschungsteam um Prof. Dr. Peter Manning vom Senckenberg Biodiversität und Klima Forschungszentrum Frankfurt und Dr. Margot Neyret von der Universität Grenoble Alpes untersucht. In ihrer Arbeit werteten die Forschenden eine Fülle von Daten aus, die im Rahmen des Projekts „Biodiversitäts-Exploratorien“ für Flächen auf der Schwäbischen Alb, der mitteldeutschen Hainich-Region und dem Brandenburgischen Biosphärenreservat Schorfheide-Chorin erhoben wurden. „Für nahezu alle Organismen konnten wir Auswirkungen durch die landwirtschaftliche Bewirtschaftung in Form von Düngung, Mahd und Beweidung feststellen. Im Vergleich zu den unbewirtschafteten, naturbelassenen Flächen **dominierten hier Organismen, die der Strategie ‚schnell wachsen, jung sterben‘ folgen** – das ganze Ökosystem war in diesen Fällen ‚schneller‘ geworden“, berichtet Neyret. Wie die Studie zeigt, wirkt sich die landwirtschaftliche Nutzung dabei auf verschiedene Ökosystemfunktionen aus. „In den beschleunigten Ökosystemen laufen auch Prozesse wie Zersetzung, Biomasseproduktion oder der Nährstoffkreislauf zügiger ab“, erklärt Manning und fährt fort: „Aus Sicht des Menschen sind solche Systeme zunächst einmal landwirtschaftlich produktiver und ertragreicher. Allerdings könnte so ihre Fähigkeit zur CO<sub>2</sub>-Speicherung vermindert werden. Gleichzeitig führt hier eine erhöhte Nährstoff-

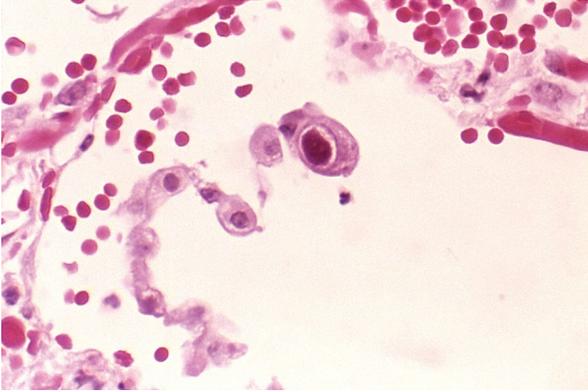
versickerung zu mehr Verschmutzung. Ungestörte, naturbelassene Ökosysteme weisen dagegen tendenziell eine höhere Biodiversität auf und sind widerstandsfähiger. Das spielt auch mit Blick auf klimabedingt zunehmende Extremwetterphänomene eine Rolle.“ Neyret ergänzt: „Wir wissen aus anderen Studien, dass es vergleichsweise leicht ist, ein Ökosystem durch Düngung zu beschleunigen – es wieder in seinen ursprünglichen ‚langsamen‘ Zustand zurückzusetzen, dauert dagegen deutlich länger. Wir verlieren so immer mehr langsame Systeme mit ihren spezifischen Organismen und Funktionen.“  
[www.senckenberg.de](http://www.senckenberg.de)

Mikroorganismen bestimmen den globalen Kohlenstoffkreislauf, indem sie organisches Material im Boden abbauen und dabei Kohlendioxid freisetzen. Wenn die Temperaturen steigen, ist davon auszugehen, dass die mikrobiellen Gemeinschaften mehr Kohlendioxid freisetzen, was den Klimawandel in einem Prozess, der als Bodenkohlenstoff-Klima-Rückkopplung bekannt ist, weiter beschleunigt. „Jahrzehntelang haben Wissenschaftler/-innen angenommen, dass diese Reaktion durch erhöhte Wachstumsraten einzelner Bakterienpopulationen in einem wärmeren Klima angetrieben wird“, erklärt Andreas Richter vom Zentrum für Mikrobiologie und Umweltsystemforschung (CeMESS für *Centre for Mi-*

*crobiology and Environmental Systems Science*) der Universität Wien. In einer Studie untersuchte sein Forschungsteam ein subarktisches Grasland in Island, das seit mehr als einem halben Jahrhundert von geothermischer Erwärmung betroffen ist, was zu höheren Bodentemperaturen als in den umliegenden Gebieten geführt hat. Durch die Entnahme von Boden und den Einsatz modernster Isotopenmarkierungstechniken identifizierte das Team aktive Bakterien und verglich ihre Wachstumsraten sowohl bei Umgebungstemperatur als auch bei einer Erwärmung um 6 °C. „Wir konnten feststellen, dass die seit mehr als 50 Jahren anhaltende Erwärmung des Bodens das mikrobielle Wachstum wie erwartet auf Gemeinschaftsebene erhöht hat“, sagt Erstautor Dennis Metze. „Aber bemerkenswerterweise waren die Wachstumsraten der Mikroben in wärmeren Böden nicht von denen bei normalen Temperaturen zu unterscheiden.“ Der entscheidende Unterschied lag in der bakteriellen Vielfalt – **wärmere Böden beherbergten eine größere Vielfalt an aktiven Mikroben**. Die aus der Studie gewonnenen Erkenntnisse beleuchten die vielfältigen mikrobiellen Reaktionen auf die Erwärmung und sind für die Vorhersage der Auswirkungen des Bodenmikrobioms auf die zukünftige Kohlenstoffdynamik von entscheidender Bedeutung.  
[www.univie.ac.at](http://www.univie.ac.at)



Durch geothermale Aktivität erwärmte Böden in Island. Foto: Christina Kaiser.



**Cytomegalievirus-Infektion der Lunge. Die riesige Zelle in der Mitte zeigt einen durch DNA-Endoreplikation dramatisch vergrößerten Zellkern, charakteristisch für HCMV.**  
Foto: CDC/Dr. Edwin P. Ewing, Jr. (PHIL #958), 1982.

Das humane Cytomegalievirus (HCMV) schlummert bei den meisten Menschen ein Leben lang unbemerkt im Körper. In immungeschwächten Individuen kann es allerdings lebensgefährliche Infektionen verursachen. HCMV befällt dendritische Zellen, wobei allerdings nicht in allen das genetische Programm der Viren ausgeführt wird. Forscherinnen und Forscher am TWINCORE, Zentrum für Experimentelle und Klinische Infektionsforschung, konnten jetzt zeigen, **welche Signalwege des angeborenen Immunsystems das Virus angreift**, um sich selbst von den Wirtszellen produzieren zu lassen. Die Forschenden unter der Leitung von Prof. Ulrich Kalinke identifizierten eine Gruppe von dendritischen Zellen, die anfälliger für die Infektion war als die übrigen. „Durch Einzelzell-RNA-Sequenzierungen haben wir festgestellt, dass in diesen Zellen der Signalweg, der normalerweise Viren erkennt, von HCMV quasi gekidnappt wird, um die produktive Infektion zu etablieren“, sagt Dr. Bibiana Costa, Postdoktorandin am TWINCORE und Erstautorin der Studie. „Es handelt sich um den sogenannten STING-Signalweg.“ STING steht für *stimulator of interferon genes*. Interferone sind Botenstoffe des Immunsystems, die so-

wohl direkt gegen Viren wirken als auch Abwehrzellen aktivieren können. In der Untergruppe der dendritischen Zellen, die für die Infektion besonders anfällig sind, blockieren viruseigene Proteine diese Schutzfunktion und programmieren sie stattdessen so um, dass ungestört neue Viruspartikel produziert werden. Weil bestimmte immunmodulierende Medikamente genau in diese Signalwege eingreifen, bietet sich hier möglicherweise Potenzial für einen therapeutischen Ansatz. Dies scheint besonders vielversprechend, weil Trägerinnen und Träger von Organtransplantaten lebenslang immunsupprimierende Medikamente einnehmen müssen, um die Abstoßung des Transplantats durch das Immunsystem zu verhindern. „Dazu sind aber weitere Studien notwendig“, sagt Kalinke.  
[www.twincore.de](http://www.twincore.de)

Studien über den Wandel der Biodiversität zeichnen ein komplexes Bild, und Forscherinnen und Forscher sind oft uneinig darüber, wie Arten auf vom Menschen verursachte Veränderungen reagieren. Viele

Wissenschaftler denken, dass biotische Homogenisierung ein weit verbreitetes Phänomen ist. Eine Studie unter der Leitung des Deutschen Zentrums für integrative Biodiversitätsforschung (iDiv) und der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg (MLU) zeigt nun, dass sich Tendenzen von Artengemeinschaften, sich ähnlicher oder unähnlicher zu werden – biotische Homogenisierung und Differenzierung – in etwa die Waage halten. Die Studie liefert erstmalig eine umfassende Bewertung, **wie lokale und regionale Veränderungen von Artengemeinschaften über lange Zeiträume zusammenwirken**. Dazu analysierten die Forscherinnen und Forscher 527 Datensätze, von denen einige bis zu 500 Jahre alt sind und die in Ökosystemen wie Savannen, Wiesen oder Korallenriffen gesammelt wurden. Bei der Analyse wurden sowohl die Veränderungen der Anzahl verschiedener Arten (Artenreichtum) an einem einzigen Standort berücksichtigt als auch Veränderungen an mehreren Standorten innerhalb einer Landschaft oder geografischen Region. Auf diese



**Der in Nordmexiko und im Südosten der USA beheimatete Rote Amerikanische Sumpfkrebs (*Procambarus clarkii*) ist ein Beispiel für eine Art, die in den deutschen Süßgewässern gedeiht und die Homogenisierung vorantreibt.**  
Foto: M. Murphy.



**Der Pilz *Candida albicans* dringt in eine menschliche Epithelzelle ein und produziert das Toxin Candidalysin.**  
Foto: Selene Mogavero/Leibniz-HKI.

Weise konnten die Forschenden feststellen, ob die Artenzusammensetzung an den verschiedenen Orten eher ähnlicher oder unterschiedlicher geworden ist. „Unsere Ergebnisse bedeuten nicht, dass es keine gravierenden Veränderungen gibt, aber wir müssen uns von der Annahme verabschieden, dass sich Biodiversität vor allem in Form von Homogenisierung verändert“, erklärt Professor Jonathan Chase, Seniorautor der neuen Studie und Forschungsgruppenleiter bei iDiv und an der MLU.

[www.idiv.de](http://www.idiv.de)

Der Hefepilz *Candida albicans* ist Bestandteil des menschlichen Mikrobioms und lebt normalerweise im Gleichgewicht mit anderen Mikroorganismen. Wird diese Balance jedoch gestört, kann der Pilz unkontrolliert wachsen und Infektionen verursachen, die großen Leidensdruck erzeugen können. Das von dem Pilz ausgeschiedene Toxin Candidalysin ist für Zellschädigungen im menschlichen Gewebe verantwortlich. Vor der Freisetzung ist es in ein Vorläuferprotein mit dem Namen Ece1 eingebettet: Insgesamt acht Peptidsequenzen bilden hierbei eine aufgefaltete Struktur, die für solche Toxine sehr unüblich ist. Bisher war unklar, warum das Toxin in diese außergewöhnliche Struktur integriert ist und welche Rolle die einzelnen Bestandteile dabei spielen.

## SCHULE & UNIVERSITÄT



Außerschulische Praktika sind trotz ihrer geografisch und historisch unterschiedlichen Ausgestaltungen konstanter

Bestandteil der Lehrkräftebildung in Deutschland. Wie diese Praktika zur Professionalisierung angehender Lehrkräfte beitragen können und welche Ausgestaltungsmöglichkeiten es gibt, erörtert der vom Herausgeber team der lehrkräftebildenden Hochschulstandorte Bielefeld, Wuppertal, Duis-

burg-Essen, Köln und Münster konzipierte Sammelband „Das Berufsfeldpraktikum als Professionalisierungselement: Grundlagen, Konzepte, Beispiele für das Lehramtsstudium“. Er vereint unterschiedliche wissenschaftliche und praxisorientierte Perspektiven und Zugänge aus der Erziehungswissenschaft, den Bildungs- und Sozialwissenschaften, der Allgemeinen Didaktik, mehreren Fachdidaktiken sowie der Professionalisierungsforschung. Der Band kann unter [www.klinkhardt.de/verlagsprogramm/2615.html](http://www.klinkhardt.de/verlagsprogramm/2615.html) bestellt oder als eBook kostenlos heruntergeladen werden.

Ein internationales Team unter Beteiligung von Forschenden des Leibniz-Institut für Naturstoff-Forschung und Infektionsbiologie e. V. Hans-Knöll-Institut (Leibniz-HKI) konnte nun zeigen, dass die Hauptfunktion des Vorläuferproteins offenbar ist, eine Verklumpung des Toxins zu verhindern: Durch Veränderungen an der Proteinstruktur konnte die Pathogenität des Pilzes vermindert werden. In einer weiteren Studie gelang es den Forschenden, das

Pilztoxin mit Hilfe von künstlichen Antikörpern (Nanokörper) unschädlich zu machen. Damit eröffnen sich neue Behandlungswege gegen hartnäckige Formen der vaginalen *Candida*-Infektion.  
[www.leibniz-hki.de](http://www.leibniz-hki.de)

## STANDORTE

Die Anwendung und Entwicklung neuer Technologien der DNA-Synthese voranzutreiben, um den Weg



**Die Direktoriumsmitglieder Edward Lemke, Sylvia Erhardt und Zentrumsprecher Michael Knop sowie Phil-Alan Gärtig von der Carl-Zeiss-Stiftung (v.l.n.r.).** Foto: Universität Heidelberg – Kommunikation und Marketing, Uwe Anspach.



für die Herstellung ganzer künstlicher Genome zu ebnet – das ist das Ziel eines neuen interdisziplinären Zentrums, das an der Universität Heidelberg, dem Karlsruher Institut für Technologie (KIT) und der Johannes Gutenberg-Universität Mainz (JGU) entsteht. Im *Center for Synthetic Genomics* (CZS Center Syn-Gen) sollen neue Entwicklungen in der Synthetischen Genomik durch Grundlagenforschung und Technologieentwicklung unter Einsatz von Methoden der Künstlichen Intelligenz (KI) angestoßen werden. Den Aufbau fördert die Carl-Zeiss-Stiftung (CZS) über einen **Zeitraum von sechs Jahren mit insgesamt zwölf Millionen Euro**. Langfristig soll es so möglich werden, lange DNA-Sequenzen für Anwendungen in der Forschung, den Nanomaterialwissenschaften oder der Medizin zu entwerfen und herzustellen. Erster Sprecher des neuen Zentrums, das im Januar 2024 seine Arbeit aufgenommen hat, ist der Systembiologe Professor Michael Knop, stellvertretender Direktor des Zentrums für

Molekulare Biologie der Universität Heidelberg (ZMBH).  
[www.carl-zeiss-stiftung.de](http://www.carl-zeiss-stiftung.de)

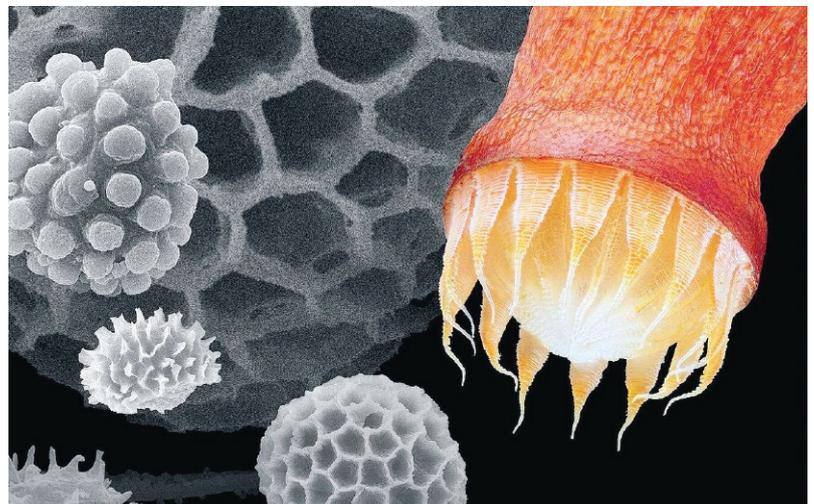
## AUSSTELLUNGEN

Afrikanische Schweinepest, Vogelgrippe, Katzenschnupfen – auch Tiere können krank werden. Doch was passiert, wenn die Erreger auf den Menschen überspringen? Die Geschichte zeigt, dass die Folgen einer solchen Zoonose manchmal sehr einschneidend sind. Verbreiteten früher Pest und Tollwut Angst und Schrecken, so sind es heute Ebola und Covid-19, die regional oder global die Welt zum Wanken bringen. Covid-19 wird nicht die letzte neuartige Zoonose sein, die den Sprung vom Tier zum Menschen schafft. Anlass genug, sich im Rahmen der **neuen Sonderausstellung „Zoonosen – tierisch gefährlich“** im Museum für Naturkunde und Vorgeschichte Dessau etwas genauer mit dem Thema zu beschäftigen. Die Ausstellung will zudem vermitteln, wie man sich am besten vor Infektionen schützen kann. Sie läuft bis zum 30. Juni 2024. Wertvolle Exponate aus der Sammlung des Museums sowie Leihgaben der Universität Halle, der Charité in Berlin und des Naturkundemuseums Leipzig runden die Ausstellung ab.

<https://verwaltung.dessau-rosslau.de>

Sporen sind mikroskopisch kleine Verbreitungseinheiten, die von unterschiedlichsten Organismen meist in riesiger Zahl produziert werden. Dazu zählen Pilze (inkl. Flechten), Schleimpilze, Algen, Moose und Farnpflanzen. Sporen werden meist über den Wind, aber auch über verschiedene andere Wege – z. B. Tiere oder fließendes Wasser – verbreitet. Im Laufe der Evolution hat sich eine **faszinierende Vielfalt an unterschiedlichen Sporenformen** entwickelt. Diese Mannigfaltigkeit wird bis zum 14. Juli 2024 in der Ausstellung „Sporen – Pioniere der Fortpflanzung“ im Naturkundemuseum in Graz in Form von großformatigen mikroskopischen Aufnahmen dargestellt. Kurzvideos zeigen die ausgeklügelten Strategien zur Sporenverbreitung. Die sporenbildenden Organismen werden als Modelle und präparierte Pflanzen und Pilze gezeigt, einige von ihnen auch in lebendem Zustand. Abgerundet wird die Ausstellung durch allgemeine Informationen zur evolutionären Entwicklung dieser Organismen, zur zentralen Rolle der Spore als Verbreitungseinheit und zur Nutzung von Pflanzen- und Pilzsporen durch den Menschen.

[www.naturkunde.at](http://www.naturkunde.at)



**Sporen können die unterschiedlichsten Formen aufweisen.** Foto: Naturkundemuseum Graz.