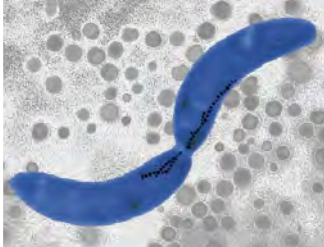


1 | 2021

VBio

Verband | Biologie, Biowissenschaften
& Biomedizin in Deutschland



MIKROBIOLOGIE
Bakterium mit
Magnetsinn



**MEERES-
FORSCHUNG**
Abbau von Algenblüten



**CHEMISCHE
ÖKOLOGIE**
Vegetarier mit Helfern

BIOLOGIE

IN UNSERER ZEIT



**Nachhaltigkeit
und globaler Wandel**

Biologie in unserer Zeit_2.0

Liebe Leserinnen und Leser, liebe Mitglieder des VBIO,

Sie halten das Produkt des fliegenden Neustarts der Biologie in unserer Zeit – Biuz in Ihren Händen. Nach 50 Jahren übernimmt nun der Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin in Deutschland, der VBIO, die Funktion des Verlegers. In unserem gemeinsamen Editorial wollen wir, der Editor-in-Chief und der Präsident des VBIO, unsere Gedanken zur Weiterführung der Biuz mit Ihnen teilen und zusätzlich erläutern, warum wir das erste Heft zu einem großen Teil dem Thema Biologie und Nachhaltigkeit widmen.

Editorial Board

Das Biuz-Kuratorium wurde in „Editorial Board“ umbenannt, um die Zuständigkeit der „Subject Editors“ für bestimmte Fachgebiete zu verdeutlichen. Es besteht aus den erfahrenen Mitgliedern des ehemaligen Biuz-Kuratoriums und einigen neuen Mitgliedern, die zu einer Verjüngung beitragen. Wir werden das Board im Laufe der Zeit erweitern, um möglichst viele Facetten der Biowissenschaften abzudecken. Als Leiter und Koordinator des Boards wurde ein Editor-in-Chief eingesetzt, der auch als Gast an den VBIO-Präsidiumsitzungen teilnimmt. In bewährter Weise hat Frau Larissa Tetsch die Funktion der Managing Editorin und somit die Redaktion übernommen. Eine eigene Arbeitsgruppe (AG-Biuz) bildet die Brücke zwischen Verband und Editorial Board und dient dazu, den Übergang zur Biuz_2.0 zu moderieren und die Interessen des VBIO in der Zeitschrift voranzubringen.

Quo vadis Biuz?

Beim fliegenden Neustart der Biuz_2.0 haben wir auf einen offiziellen Relaunch und ein neues Konzept aus der Retorte verzichtet. Vielmehr möchten wir gemeinsam mit Ihnen die neue Biuz Schritt für Schritt weiterentwickeln. An Ideen mangelt es nicht! So soll z. B. der politischen und gesellschaftlichen Diskussion zu den Biowissenschaften mehr Raum gegeben werden. Wir werden dazu auch Gastautoren einladen, die Aspekte der Biologie aus ihrer Sicht beleuchten. Den Auftakt macht in diesem Heft Dorothea Kaufmann von B90/Die Grünen, die als promovierte Biochemikerin eine für diese Partei etwas ungewöhnliche Position vertritt. Diese „Meinungsartikel“ können durchaus auch etwas provokativ sein und sollen Sie motivieren, dazu Stellung zu nehmen! Gerade im Wahljahr 2021 ist die Sichtweise der Politik auf die Wissenschaften für uns von Bedeutung.

Wissenschaftskommunikation hat einen hohen Stellenwert und muss mehr Berücksichtigung finden. Durch die Corona-Pandemie hat die Wissenschaft an Bedeutung, vielleicht aber auch nur an Aufmerksamkeit in der Gesellschaft gewonnen. Gerade die Biowissenschaften haben gezeigt, dass sie in einer globalen Krise Lösungsansätze bieten können – und zwar in einer nie dagewesenen Ge-

schwindigkeit. Viele Menschen sehen das mit Anerkennung und Respekt, andere dagegen mit Skepsis oder gar Ablehnung. Eine über viele Jahre gehegte, unterschwellige Wissenschaftsfeindlichkeit kommt an die Oberfläche; ein Impfstoff, der auf „Genen“ beruht, muss gefährlich, muss schlecht für Natur und Umwelt sein: „Niemand hat die geringste Ahnung, was er mit dem menschlichen Genom macht und wie er sich auf nachfolgende Generationen auswirkt.“ So ein falsches Wissenschaftsverständnis verbreitet sich rasend schnell. „Scientific Literacy“ entsteht nicht von heute auf morgen. Sie muss vermittelt und gepflegt werden. Trotz großer Anstrengungen ist es der Wissenschaft bislang nur unzureichend gelungen, die Öffentlichkeit ins Boot zu holen. Dazu wollen wir, z. B. mit dem Artikel „Politik an der Genschere“, Anregungen geben.

Wissenschaftskommunikation, eine Pflicht!

Bei der Wissenschaftskommunikation stehen nicht nur Wissenschaftler selbst in der Verantwortung, sondern auch die, die der Wissenschaft nahestehen, auch Sie als Biuz-Leser mit Ihren Sichtweisen und Kenntnissen. Beteiligen Sie sich bitte an der Diskussion zu den Biowissenschaften in der Öffentlichkeit. Und wenn ein Thema nicht Ihrer Expertise entspricht, holen Sie sich Unterstützung im VBIO – Sie sind Teil einer Community, die alle Gebiete der Biologie abdeckt! Ab sofort ist die Biuz nach einem halben Jahr „open access“, d. h. Sie können auch Biuz-Artikel online an Freunde und Bekannte verschicken, um Wissenschaft verständlicher oder auf neue Ideen aufmerksam zu machen. Wir würden uns freuen, wenn sich so neue Abonnenten und VBIO-Mitglieder werben lassen!

Etwa ein Drittel unserer Leserschaft ist in der schulischen Lehre tätig. Bei der schwierigen Umstellung auf „Home Schooling“ und digitale Unterrichtsformate ist es aufwändig, die Pflichtinhalte des Curriculums zu vermitteln. Aktuelle Themen müssen oft zurückstehen, obwohl gerade sie vielleicht zur Motivation der Schülerinnen und Schüler beitragen könnten. Zukünftig wollen wir solche Inhalte für die Schule mit didaktischen Hinweisen aufbereiten. Wissenschaft lebt von der Debatte: Wenn alles klar wäre und es keine unterschiedlichen Hypothesen gäbe, wäre die Wissenschaft am Ende und Forschung überflüssig. Deshalb wollen wir auch kontroverse Ansichten und Interpretationen präsentieren – wiederum eine Motivation für Sie als Leserinnen und Leser durch Ihre Kommentare zu einer lebendigen Biuz beizutragen!

Nachhaltigkeit – strapaziert und entscheidend

Dieses erste Heft der Biuz_2.0 widmen wir der Nachhaltigkeit. Wenige Begriffe werden derzeit in gleichem Maße inhaltlich gedehnt und strapaziert wie das Wort „Nachhaltigkeit“ und sein Adjektiv „nachhaltig“. Nachhaltig ist positiv belegt, und viele Akteure wollen diesen Wohlklang des Nachhaltigen für ihre Produkte oder Aktivitäten mitnehmen. Finanzinvestoren werben mit nachhaltiger Wert-



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

Prof. Dr. Wolfgang Nellen, langjähriges Kuratoriumsmitglied der Biuz, übernimmt mit dieser Ausgabe die Position als Editor-in-Chief.

steigerung, hier ist wohl dauerhaft gemeint. Einen nachhaltigen Eindruck zu machen bedeutet eine eindringliche Botschaft gesendet zu haben. Im Kontext der menschlichen Nutzung der Erde zielt Nachhaltigkeit auf die sorgfältige Berücksichtigung der Regenerationsfähigkeit der genutzten Teilsysteme. Mit dem Wachstum der Weltbevölkerung auf heute 7,9 Milliarden Menschen ging eine massive Umgestaltung der Erde einher. Seit Beginn der ortsfesten Besiedelung und der Aufnahme der Agrikultur wurde die Masse der natürlichen Vegetation vor allem durch Rodung etwa halbiert. Zudem begann der Mensch nicht-natürliche Produkte zu erzeugen wie Beton, Asphalt und Plastik. Die Verdoppelung der menschgemachten Produkte erfolgt etwa alle 20 Jahre [1]. 2002 wurde vom Nobelpreisträger für Chemie Paul Crutzen ein eigenes geochronologisches Zeitalter, das „Anthropozän“, geprägt [2].

Pflanzen dominieren zu 90 Prozent die globale Biomasse, gefolgt von Bakterien, Pilzen, Archaeen, Protisten und Tieren [3]. Im Jahr 2020 überstieg erstmals die Masse der anthropogenen Produkte die Menge der gesamten lebenden Biomasse auf der Erde [1] (Abbildung 1). Beton fällt hier besonders ins Gewicht, aber auch die Menge an erzeugtem Plastik übersteigt die Trockenmasse aller Tiere um etwa den Faktor zwei. Das Anthropozän ist in vollem Gange [4], wenngleich dieser Begriff noch umstritten ist. Über Nachhaltigkeit zu sprechen setzt einen Bezugspunkt voraus, den nur die Biologie liefert. Die Referenz ist das Wohlergehen der Biosphäre inklusive der Menschen. Die Verknüpfung „gesunde Umwelt“ = „gesunder Mensch“ ist ein viel genutzter Slogan. Vor diesem Hintergrund muss die „Biologie der Nachhaltigkeit“ jenseits des Klimawandels viel mehr in den Fokus der Gesellschaft und der Politik rücken. Der VBIO wird hierzu in noch stärkerem Maße Stellung beziehen.

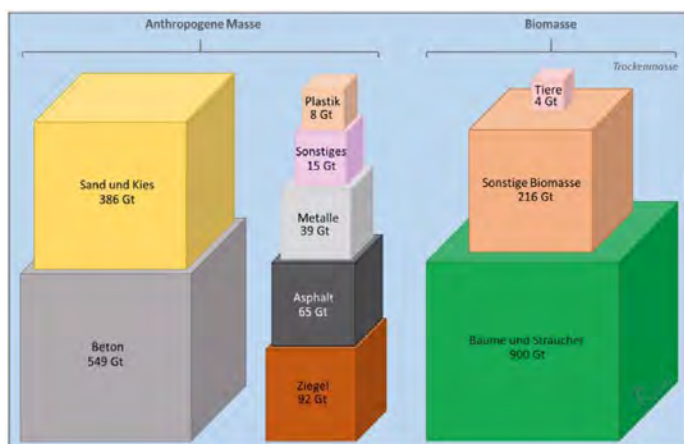


ABB. 1 Gegenüberstellung der geschätzten Masse der menschgemachten Produkte und der Biotrockenmasse auf der Erde. Daten aus [1].

Die Artikel in diesem Themenschwerpunkt zur Nachhaltigkeit stellen die Problematik, z. B. der Kippunkte heraus (Hannes Petrischak). Während zunächst viele Veränderungen eher schleichend erfolgen, können sich selbstverstärkende Effekte ab bestimmten Schwellenwerten zum schnellen Verlassen eines scheinbar weitgehend austarierten Systems führen. Weitere Artikel befassen sich mit den Auswirkungen des Klimawandels auf beispielhafte Ökosysteme. Neben ihrer zentralen Monitoringfunktion entwickeln die Biowissenschaften Lösungen, beispielsweise biotechnologische Verfahren, Maßnahmen zur Stabilisierung von Ökosystemen und Biotopen und Anpassung der Agrar- und Forstsysteme.

Es ist nicht nur legitim, sondern notwendig, die Bedeutung der Biologie in der aktuellen Diskussion hervorzuheben. Wir benötigen eine Biologie in unserer Zeit_2.0 auch in der Begleitung der gesellschaftlichen Entwicklung hin zu einem nachhaltigen sozioökonomisch-ökologischen System. Biologen, Biowissenschaftler und Biomediziner sind entscheidende Akteure in der Nachhaltigkeitsdebatte. Sie haben das Wissen, die Auswirkungen nicht-nachhaltigen Wirtschaftens auf die Biodiversität, Land- und Forstwirtschaft sowie die Gesundheit zu bewerten, in Teilen vorherzusagen und Lösungsansätze zu formulieren. Ab dem neuen Jahr wird eine Arbeitsgruppe „Nachhaltigkeit“ im VBIO die Arbeit mit diesem Ziel aufnehmen.

Ihr Feedback ist uns wichtig

Abgesehen von diesem Themenschwerpunkt in Heft 1_2021 wird die Biuz weiterhin die Vielfalt der Biologie und Biomedizin abdecken. Hierzu sind uns Ihre Wünsche und Ihre Vorschläge an redaktion@biuz.de sehr willkommen. Natürlich werden die großen Übersichtsartikel in gewohnter Qualität bleiben. Redaktion und Editorial Board werden wie bisher dazu gute Autoren suchen. Auch hier können Sie mitreden – sagen Sie uns, über welche Themen sie etwas lesen möchten! Wir wünschen Ihnen viel Freude beim Lesen der neuen Biuz!

Auf eine „nachhaltige“ Entwicklung der Biuz und des VBIO!

Ihr

Literatur

- [1] E. Elhachem et al. Global human-made mass exceeds all living biomass, *Nature*, 2020, 588, 442-444. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-3010-5>
- [2] P. J. Crutzen Geology of mankind, *Nature* 415, 2002, 23. <https://doi.org/10.1038/415023a>
- [3] Y. M. Bar-On et al. The biomass distribution on Earth. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*, 2018, 115, 6506–6511. <https://doi.org/10.1073/pnas.1711842115>
- [4] C. N. Waters et al. The Anthropocene is functionally and stratigraphically distinct from the Holocene. *Science*, 2016, 351, <https://doi.org/10.1126/science.aad2622>



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 Lindenmayr, 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
Karin Krupinska, Kiel
Wolfgang Nellen, Kassel (Chief Editor)
Hannes Petrischak, Wustermark
Felicitas Pfeifer, Darmstadt
Michael Riffel, Hirschberg
Udo Schumacher, Hamburg
Marco Thines, Frankfurt

Herstellung:

Dr. Larissa Tetsch,
Telefon +49 (0)81 41/8 88 06 27
Email: redaktion@biuz.de

Anzeigenleitung:

Dr. Carsten Roller, Corneliusstr. 12, 80469 München
Telefon +49(0)89/26 02 45 73
Email: roller@vbio.de

Mitglieder- und Abo-Service:

VBIO e.V., Geschäftsstelle München,
Corneliusstr. 12, 80469 München
Telefon +49(0)89/26 02 45 73 · Fax +49(0)89/26 02 45 74
Email: mitgliederservice@vbio.de

Preise:

Bibliotheken und Organisationen: Bitte Rückfrage
Bei VBIO-Mitgliedschaft inklusiv
<https://vbio.de/beitritt>

Geschäftsstellen des Verbandes:

Geschäftsstelle München

Dr. Carsten Roller, Corneliusstraße 12, 80469 München
Telefon +49(0)89/26 02 45 73, info@vbio.de

Geschäftsstelle Berlin

Dr. Kerstin Elbing, Luisenstraße 58/59, 10117 Berlin,
Telefon +49(0)30/27 89 19 16, elbing@vbio.de

Satz:

TypoDesign Hecker GmbH, Leimen.

Druck und Bindung:

ColorDruck Solutions GmbH, Leimen.

© VBIO e.V., München, 2021.

Printed in the Federal Republic of Germany.

ISSN 0045-205 X

BIOLOGIE

1 | 2021 IN UNSERER ZEIT
www.biuz.de



Welches Bild steht am besten für den so vielgestaltigen Begriff „Nachhaltigkeit“? Eine genaue Betrachtung unserer Hauptbeiträge zum Schwerpunktthema zeigt, dass der Wald darin eine große Rolle spielt. Tatsächlich stammt der Begriff „Nachhaltigkeit“ ursprünglich aus der Forstwirtschaft, und viele Menschen in Europa sehen den Wald als Inbegriff unberührter Natur, auch wenn dies längst nicht mehr so ist. Wälder haben viele tausend Jahre lang die Landschaft Europas geprägt und sich unserem kollektiven Gedächtnis eingeprägt. Ihre Bedeutung für den Menschen hat sich indes im Laufe der Jahrhunderte geändert. Waren sie früher Rohstoffquelle und Jagdrevier, aber gleichzeitig ein gefährlicher Ort voller wilder Tiere, verloren sie durch Abholzen großer Waldflächen für die Erschließung von Ackerland, Wohnraum und Verkehrswegen sowie für die Herstellung von Holzkohle an Ausdehnung und wirtschaftlicher Bedeutung. Zunehmend wird sich der Mensch aber bewusst, dass er den Wald noch immer braucht: als Wasserspeicher, Holzproduzent, Naherholungsgebiet und nicht zuletzt als Schutzschild vor dem Klimawandel. Denn Bäume entziehen der Atmosphäre CO₂ und speichern es in Biomasse. Dass es dennoch dringend geboten ist, den menschengemachten CO₂-Ausstoß zu reduzieren, signalisiert unser Stoppschild. Wie der Wald zum Klimaschutz beitragen kann, ist nur eines der spannenden Themen in diesem Schwerpunktheft und nachzulesen auf S. 46.
Foto: www.pixabay.com.

MELDUNGEN

6 **Forschung & Entwicklung, Standorte, Schule & Universität, Digitale Welt, Wissenschaftspolitik**

POLITIK UND GESELLSCHAFT

- 11 Ein besonderer Tag im Labor: Politik an der Genschere
- 12 Wie ich auszog, mehr Wissenschaft in die Politik zu bringen
- 13 Wandel durch Corona
- 17 Perspektiven digital

TREFFPUNKT FORSCHUNG

- 19 Kontaktsperre für SARS-CoV-2
- 21 Impfstoffe gegen SARS-CoV-2 – eine Übersicht
- 23 Sympatrische Arten und Ökotypen bei Strandschnecken
- 25 Auf den Spuren großer Naturforscher
- 27 Die Oberflächenplasmonenresonanzspektroskopie

IM FOKUS

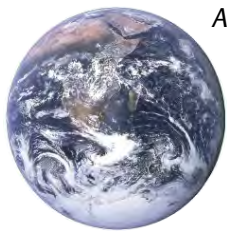
- 30 **Wie der Mensch das System Erde verändert**
Hannes Petrischak
- 38 **Der Kohlenstoffkreislauf im globalen Wandel**
Karl-Josef Dietz
- 46 **Klimaschutz mit Wald**
E. D. Schulze | J. Rock | F. Kroiher | V. Egenolf | N. Wellbrock | R. Irslinger | A. Bolte | H. Spellmann
- 55 **Naturschutz und Klimawandel im Leipziger Auwald**
Ch. Wirth | R. A. Engelmann | N. Haack | H. Hartmann | R. Richter | F. Schnabel | M. Scholz | C. Seele-Dilbat
- 66 **Wie Bakterien Algen vernaschen**
Rudolf Amann | Fanni Aspetsberger
- 74 **Ein Mikroorganismus mit Magnetsinn**
Margarete Schüler | Dirk Schüler
- 82 **Vegetarier mit Helfern**
Martin Kaltenpöth

MAGAZIN

- 90 **Mikroben verstehen: Wie viele Mikrobenarten gibt es? (Teil 2)**
- 93 **Kolumne: Der Mitläufer-Effekt**
- 94 **Bücher und Medien**
- 95 **Außerschulische Lernorte: Klimahaus Bremerhaven: Von der Antarktis bis in die Tropen – eine Klimazonenexpedition im Zeitraffer**
- 97 **Partner des Menschen: Der indische Elefant: Waldarbeiter und Machtsymbol**



30 Wie der Mensch das System Erde verändert



Alle Erkenntnisse zeigen, dass die Menschheit so massiv in die Prozesse des Systems Erde eingreift, dass bereits mehrere Sicherheitsgrenzen überschritten sind. Um nachhaltig zu sein, müssen unsere Konsum- und Produktionsmuster jedoch innerhalb dieser Grenzen operieren.

46 Klimaschutz mit Wald

Vordringliches Ziel des Klimaschutzes ist die Reduzierung des Verbrauchs fossiler Brennstoffe. Welchen Beitrag kann hier der Wald leisten? Unser Beitrag vergleicht den Nutzen eines nachhaltig bewirtschafteten Waldes mit dem des nicht bewirtschafteten Waldes.

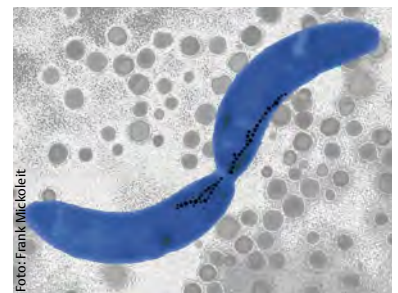
38 Der Kohlenstoffkreislauf im globalen Wandel

Die steigende CO₂-Konzentration in der Atmosphäre gefährdet natürliche Biome und etablierte land- und forstwirtschaftliche Produktionssysteme. Zwar bindet die Biomasse einen Teil davon – wie viel hängt jedoch auch von der Verfügbarkeit anderer Nährstoffe ab.



55 Naturschutz und Klimawandel im Leipziger Auwald

Trockenheit und Hitze der letzten beiden Jahre hat den Wäldern in Deutschland schwer zu schaffen gemacht. Auch der streng geschützte Leipziger Auwald – ein Hotspot der Biodiversität – hat seine Belastungsgrenze erreicht.

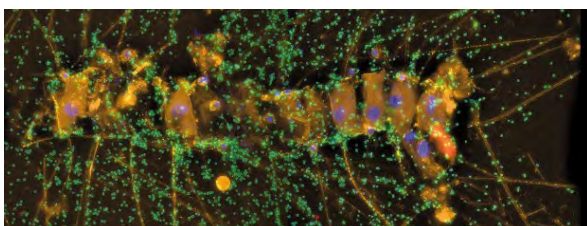


74 Ein Mikroorganismus mit Magnetsinn

Magnetotaktische Bakterien können sich mit Hilfe von eisenhaltigen Zellorganellen am Erdmagnetfeld ausrichten. Sie sind nicht nur für die Grundlagenforschung interessant, sondern bieten auch faszinierende Anwendungsmöglichkeiten.

66 Wie Bakterien Algen vernaschen

Die alljährliche Algenblüte in der Nordsee ruft Unmengen Bakterien auf den Plan, die die Algen nach deren Tod wieder abbauen. Die dahinterliegenden Prozesse stecken voller Überraschungen und sind von großer Bedeutung für unseren Planeten.



82 Vegetarier mit Helfern

Insekten repräsentieren die artenreichste Tiergruppe der Erde und besiedeln fast alle Habitats der Erde. Mitverantwortlich für diesen Erfolg ist ihre Fähigkeit, von rein pflanzlicher Nahrung zu leben. Dafür leisten symbiotische Mikroorganismen einen wesentlichen Beitrag.



10 μm

Blick ins Gehirn einer „Alzheimer-Maus“: Mikrogliazellen (grün) umranden einen Amyloid- β -Plaques (blau), eine für die Alzheimer-Krankheit typische Eiweißablagerung. Die Lysosomen (rot) zeigen, dass die Mikrogliazellen in einem aktivierten Zustand sind. Abb.: Niklas Lonnemann, Jonas Feuge.

FORSCHUNG & ENTWICKLUNG

Neuroinflammationen, also entzündliche Reaktionen im Gehirn, spielen beim Verlauf der Alzheimer-Krankheit eine wichtige Rolle. Ausgelöst werden die Entzündungen durch Mikrogliazellen, die spezielle Proteinkomplexe – die Inflammasome – aktivieren, um Krankheitserreger auszuschalten. Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler haben nun die Substanz Dapansutril (OLT1177) eingesetzt, um das Inflammasom NLRP3 zu hemmen, das vermutlich bei der Alzheimer-Krankheit eine Rolle spielt. Das Forschungsteam hat untersucht, wie sich die Hemmung von NLRP3 auf das Gehirn von Mäusen auswirkt, die Symptome ähnlichen von Alzheimer-Patienten entwickelt haben und dadurch schlecht lernen können. Ein Teil dieser Mäuse hat dafür mit Dapansutril versetztes Futter bekommen, der andere Teil nicht.

Nach drei Monaten war die synaptische Plastizität, also die Fähigkeit der Synapsen, sich als Voraussetzung zum Lernen verstärken zu können, bei den „Alzheimer-Mäusen“, die Dapansutril zu sich genommen haben, vollkommen normal. Bei der Kontrollgruppe war sie dagegen eingeschränkt. Das zeigte sich auch im Verhaltenstest: **Die Tiere, deren Futter Dapansutril enthielt, lernten bei den Tests deutlich besser.** „Unsere Ergebnisse sind ein weiteres, wichtiges Puzzlestück in der Erforschung der Alzheimer-Krankheit“, so Professor Martin Korte, Neurobiologe am Institut für Zoologie der TU Braunschweig und Leiter der Arbeitsgruppe „Neuroinflammation und Neurodegeneration“ am Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung (HZI). „Ob die Ergebnisse aus dem Alzheimer-Mausmodell sich auf den Menschen übertragen lassen oder nicht, wird weitere Forschung zeigen müssen. Aber sie liefern einen wichtigen Baustein für eine mögliche therapeutische Option, die jetzt in klinischen Studien weiter unter-

sucht werden muss. Das Bedeutsame daran ist, dass ein mögliches Medikament nicht gespritzt werden müsste, sondern über die Nahrung oder in Tablettenform aufgenommen werden könnte.“ Der Vorteil von Dapansutril ist, dass es einer der Hauptbestandteile von Brokkoli und deshalb für den Menschen unbedenklich ist. Das wurde bereits klinisch nachgewiesen. Weitere Untersuchungen müssen zeigen, ob die Hemmung von NLRP3 auch beim Menschen dazu führen kann, dass entzündliche Prozesse im Gehirn verhindert werden können.

www.tu-braunschweig.de

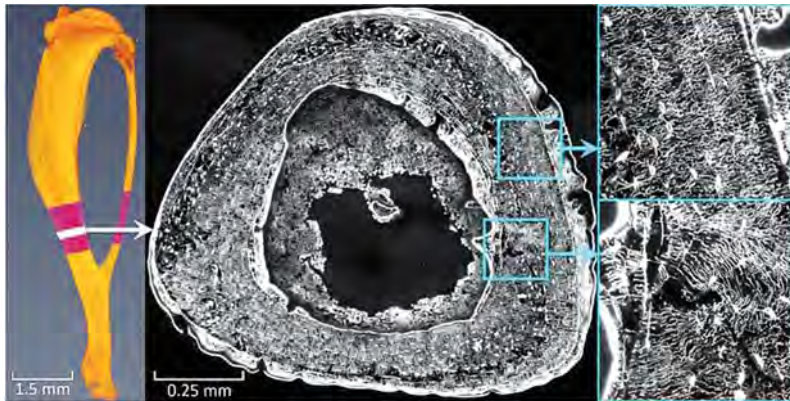
■ Pflanzenzellen lassen sich durch Berührungen oder Verletzungen zu Reaktionen bewegen. Die fleischfressende Venusfliegenfalle (*Dionaea muscipula*) besitzt Klappfallen aus zwei Hälften, die je drei Sinneshaare tragen. Wird ein Haar durch eine Berührung gebogen, entsteht an seiner Basis ein elektrisches Signal, ein Aktionspotenzial. An der Haarbasis sitzen Zellen, bei denen durch eine Dehnung ihrer Hüllmembran Ionenkanäle aufspringen und elektrisch leitend werden. Der obere Teil des Sinneshaares wirkt als Hebel, der den selbst durch leichteste Beutetiere ausgelösten Reiz verstärkt. Diese Mikro-Kraft-Berührungssensoren verwandeln den mechanischen Reiz also in ein elektrisches Signal, das sich vom Haar über die ganze Klappfalle ausbreitet. Nach zwei Aktionspotenzialen schnappt die Falle zu. Anhand der Zahl der Aktionspotenziale, die das Beutetier bei seinen Befreiungsversuchen auslöst, schätzt die fleischfressende Pflanze ab, ob die Beute groß genug ist, damit es sich lohnt, die aufwändige Verdauung in Gang zu setzen. Ein Forschungsteam der Julius-Maximilians-Universität (JMU) Würzburg hat nun einzelne Sinneshaare isoliert und darin den Genpool analysiert, der beim Fangen von Insekten aktiv ist. „Dabei haben wir erstmals die Gene gefunden, die vermutlich im ganzen Pflanzenreich dazu dienen,



Von links nach rechts: Offene Falle von *Dionaea muscipula* mit einer Ameise, die Basis eines Sinneshaars sowie Aktionspotenzial. Der sinneshaarspezifische Kaliumkanal KDM1 reimportiert Kaliumionen in die sensorischen Zellen, so dass ein erneutes Aktionspotenzial entstehen kann. Foto: Ines Kreuzer, Soenke Scherzer.

lokale mechanische Reize in systemische Signale umzuwandeln“, sagt JMU-Pflanzenforscher Professor Rainer Hedrich. Bei der Analyse stach der sinneshaarspezifische Kaliumkanal KDM1 heraus. Mit neu entwickelten elektrophysiologischen Methoden zeigte sich, **dass ohne diesen Kanal die elektrische Erregbarkeit der Sinneshaare verloren geht**, dass diese also keine Aktionspotenziale mehr feuern können. „Jetzt gilt es, die Ionenkanäle zu identifizieren und zu charakterisieren, die in den frühen Phasen des Aktionspotenzials eine wichtige Rolle spielen“, so Hedrich. www.uni-wuerzburg.de

■ Unsere Knochen verfügen über Sinnesfühler, die auf Druck reagieren und miteinander kommunizieren: „Diese Mechanosensoren ermöglichen, dass Knochen dort angebaut wird, wo er mechanisch nötig ist, und anderswo abgebaut wird“, sagt Richard Weinkamer von der Abteilung Biomaterialien. Dem Rätsel, wo sich diese Mechanosensoren befinden, kamen die Forscher einen entscheidenden Schritt näher: **Ein im Inneren des Knochens in einem Kanalsystem verborgenes Zellnetzwerk „spürt“ äußeren Druck.** Das funktioniert, indem die Belastung auf den Knochen in einen Flüssigkeitsfluss durch dieses Netzwerk von feinen Kanälen übersetzt wird. Im Zuge der Studie untersuchten die Forscher Mäuseknochen, die ein kontrolliertes „Knochentraining“ durchlaufen haben und bildeten



Ausschnitt eines Mäuseknochens unter dem Laser-Scanning-Mikroskop – vergrößerte Abbildung der dichten Netzwerkarchitektur und des Flüssigkeitsstroms. Abb.: Alexander van Tol.

über konfokale Laser-Scanning-Mikroskopie das Zellnetzwerk der trainierten Knochen in 3D ab. Diese Bilddaten verwendeten sie dann zur Analyse und Bewertung von Netzwerken mit Millionen von Kanälen mittels Computersimulationen, die den Flüssigkeitsfluss durch das Netzwerk berechnen: „Auf Grund unserer Ergebnisse sind wir überzeugt, dass die Knochenzellen innerhalb der Netzwerke den Flüssigkeitsfluss wahrnehmen können, miteinander kommunizieren und so Informationen wie ‚Knochenwachstum‘ an andere Zellen weitergeben“, sagt Alexander van Tol. Er fügt hinzu: „Die untersuchten Mäuse haben unterschiedlich stark auf das Knochentraining reagiert. Eine Maus, die besonders wenig neuen Knochen produziert hat, verfügt über ein Netzwerk, dessen Architektur nur einen langsamen Flüssigkeitsfluss zulässt.“ Mit dieser Studie erfolgte erstmals eine Bewertung der Qualität der Netzwerkarchitektur in Bezug auf die Wahrnehmung mechanischer Reize.

www.mpikg.mpg.de

Früchte der Paprika (*Capsicum annuum*) gehören wegen ihres aromatischen Geschmacks und hoher Konzentrationen an gesundheitsförderlichen Inhaltsstoffen wie Vitamin C und antioxidativ wirkendem Provitamin A (Carotinoide) zu den beliebtesten Gemüsesorten. Bei der

Reifung entstehen zuerst aus Proplastiden photosynthetisch aktive Chloroplasten, aus denen sich durch den Abbau von Chlorophyll und der Photosynthese-Maschinerie die Carotinoid-reichen Chromoplasten entwickeln, die den reifen Früchten die rote Farbe schenken. Ähnlich ist es in der Tomate, die allerdings zu den klimakterischen Früchten gehört, die nach der Ernte nachreifen. Biochemisch ist dieser Prozess durch einen enormen Anstieg respiratorischer Aktivität mit großem Sauerstoffverbrauch gekennzeichnet. „Unsere Daten zeigen nun einige Unterschiede in der Chromoplastendifferenzierung zwischen Paprika und Tomate auf molekularer Ebene, die **Einblicke in den unterschied-**

lichen Metabolismus klimakterischer und nicht-klimakterischer Früchte gewährt“, so Sacha Baschinsky. Ein Beispiel ist der Energiestoffwechsel. So kommt das Protein PTOX – für plastidäre terminale Oxidase –, das im Zuge der Carotinoidherstellung Elektronen auf Sauerstoff überträgt und damit Wasser generiert, in Paprika nur in geringer Menge vor. Dies könnte einen geringeren Sauerstoffverbrauch zur Folge haben und mit einer erhöhten ATP-Synthese einhergehen. Chromoplasten benutzen Module des photosynthetischen Elektronentransportes zur ATP-Synthese, die in Paprika zumindest teilweise über den sogenannten Cytochrom b6/f-Komplex und Plastocyanin läuft, welches anders als in Tomate in großer Menge vorhanden ist. Geringe Mengen an PTOX in der Paprika könnten bedeuten, dass mehr Elektronen aus der Carotinoidherstellung über diesen Weg auf eine bisher unbekannte Oxidase fließen und damit mehr ATP hergestellt werden kann. „Unsere Daten eröffnen ein neues Verständnis der Chromoplastendifferenzierung, die wir nun weiter erforschen wollen“, so Baschinsky. Die bisher erhobenen Daten sind frei zugänglich über die Pride-Datenbank verfügbar.

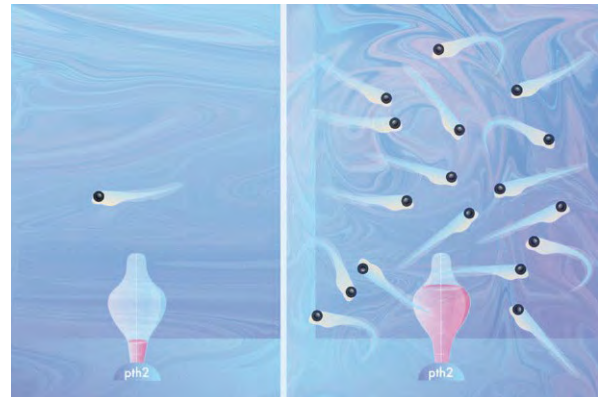
www.rubr-uni-bochum.de



Was passiert bei der Reifung in Paprikafrüchten und wie unterscheidet sich das von Tomaten? Foto: RUB, Marquard.

Haben Sie sich in letzter Zeit gefragt, wie sich soziale Distanzierung und Selbstisolation auf Ihr Gehirn auswirken können? Ein internationales Forschungsteam unter der Leitung von Erin Schuman vom Max-Planck-Institut für Hirnforschung entdeckte ein Peptid, das als „Thermometer“ für die Anwesenheit anderer in der Umgebung eines Tieres fungiert. Dazu hielten Doktorand Lukas Anneser und seine Kollegen Zebrafische in Isolation oder zusammen mit anderen Fischen über verschiedene Entwicklungszeiträume hinweg. Anhand von RNA-Sequenzierung bestimmten sie die Expressionsniveaus von Tausenden neuronaler Gene. „Wir fanden eine Handvoll Gene, deren Expression bei Fischen, die in sozialer Isolation aufgezogen wurden, konsequent verändert waren. Eines

davon kodiert das Nebenschilddrüsenhormon 2 (Pth2), ein relativ unbekanntes Peptid im Gehirn. Als Zebrafische isoliert wurden, verschwand pth2 im Gehirn, aber das Expressionsniveau stieg – wie ein Thermometerstand – an, wenn sich andere Fische in demselben Becken befanden“, erklärt Anneser. Die Wissenschaftler fanden zudem heraus, dass die Wasserbewegungen, die durch das Schwimmverhalten von Artgenossen im Becken verursacht werden, Veränderungen der pth2-Expression induzieren. „Unsere Daten geben Hinweise auf eine überraschende Rolle für das relativ unerforschte Neuropeptid Pth2 – es erfasst die Populationsdichte des sozialen Umfeldes eines Tieres und reagiert auf Veränderungen dieser Umgebung. Es ist klar, dass die Anwesenheit von Artgenossen



Die Expressionsniveaus des Neuropeptids Pth2 im Zebrafischhirn spiegeln die Anwesenheit und Dichte von anderen Fischen in der Umgebung wieder. Abb.: J. Kuhl (MPI für Hirnforschung).

dramatische Auswirkungen auf den Zugang eines Tieres zu Ressourcen und letztlich auf sein Überleben haben kann. Daher ist es wahrscheinlich, dass dieses Neurohormon

STANDORTE

An der Universität Bielefeld entsteht, angedockt an das Forschungszentrum Jülich (Helmholtz-Gemeinschaft), ein neues außeruniversitäres Forschungsinstitut. Der Deutsche Bundestag verstatet mit dem Beschluss des Bundeshaushaltes für 2021 10 Millionen Euro für das Deutsche Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur (de.NBI), welches von der Universität Bielefeld aus koordiniert wird. 2015 gegründet, um den **steigenden Datenmengen in den Lebenswissenschaften Rechnung zu tragen**, zählt das Netzwerk bundesweit zurzeit mehr als 300 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlicher. Es besteht aus 40 Projekten, die in acht Servicezentren angesiedelt sind und umfasst die Bereiche Service, Training und Computer. Im Servicebereich steht eine Vielzahl von Analyseprogrammen zur Auswertung von lebenswissenschaftlichen Daten zur Verfügung. Im Trainingsbereich werden die Nutzer der

de.NBI-Services im Umgang mit Analyseprogrammen und erzielten wissenschaftlichen Ergebnissen geschult. Auf dem Computer-Sektor spielt das de.NBI-Netzwerk durch die Etablierung einer eigenen Cloud für die Datenanalyse eine gewichtige Rolle. „Nun ist es unsere Aufgabe gemeinsam mit dem Forschungszentrum Jülich in einen wissenschaftlichen Prozess einzutreten, um die Form der Versteti-

gung hier an der Universität Bielefeld zu konzipieren, zu planen und aufzubauen“, so der Rektor der Universität, Prof. Dr.-Ing. Gerhard Sagerer. „Es wird für die deutschen Lebenswissenschaften nachhaltig eine innovative und umfangreiche Infrastruktur zur Analyse und Verarbeitung von großen Datenmengen zur Verfügung gestellt.“ www.denbi.de



Die Geschäftsstelle des de.NBI-Netzwerks ist am Centrum für Biotechnologie (CeBiTec) der Universität Bielefeld angesiedelt.

das ‚soziale Gehirn‘ und Verhaltensnetzwerke reguliert“, schlussfolgert Schuman.

<https://brain.mpg.de>

SCHULE & UNIVERSITÄT

Die neue Website open-humboldt.de präsentiert Projekte der Humboldt-Universität zu Berlin und lädt zum Mitmachen ein. Damit intensiviert die HU Berlin den Austausch, die Auseinandersetzung und den Wissenstransfer mit Akteuren aus Politik, Gesellschaft und Kultur. Zu den vorgestellten Projekten gehören das Humboldt-Labor, der Bahnhof der Wissenschaften, das Nachhaltigkeitsportal www.humboldts17.de, das Theater des Anthropozän, der Wissenschaftscampus für Natur und Gesellschaft in Kooperation mit dem Museum für Naturkunde Berlin (MfN) sowie die Berlin School of Public Engagement and Open Science. Ebenfalls auf open-humboldt.de vertreten sind bewährte Projekte wie die Mosse-Lectures, die Reihe Wissenschaft im Sauriersaal oder die Humboldt Kinder-Uni. Seit ihrer Gründung vor über 200 Jahren ist die Universität ein Impulsgeber für Reformen und ein Ort der Zusammenarbeit mit der Gesellschaft. Das neue Angebot folgt dem Selbstverständnis der HU, im akademischen Umfeld und auch darüber hinaus, den Austausch und Wissenstransfer zu pflegen. Mit OPEN HUMBOLDT wagt die Universität nun – ganz im Sinne ihrer Gründer – eine „Expedition“ mit noch offenem Ausgang.

<https://open-humboldt.de>

DIGITALE WELT

In einem einzigartigen Projekt hat das World Flora Online Consortium, an dem der Botanische Garten Berlin von Anfang an maßgeblich beteiligt war, alle weltweit bekannten Pflanzenarten erstmals in einer Online-Ressource zusammengebracht. Ziel war es, bis Ende des Jahres 2020 eine **Gesamtliste der etwa**

350.000 bisher bekannten Landpflanzenarten aufzustellen, Beschreibungen für diese Arten verfügbar zu machen und Angaben zum Gefährdungsstatus von Pflanzenarten direkt zu verlinken. Im Dienste der UN-Konvention für biologische Vielfalt von 1992 wurde botanisches Wissen, das weltweit in Monografien und Florenwerken, Checklisten zum Arteninventar in einzelnen Ländern und zahllosen Originalpublikationen existiert, nun in einem einzigartigen Vorhaben zusammengebracht, vereinheitlicht und zum Teil neu bewertet. Mit der World Flora Online setzen Wissenschaftler*innen neue Standards in der globalen wissenschaftlichen Zusammenarbeit: Expert*innen von 43 führenden botanischen Institutionen von allen Kontinenten arbeiteten dafür über sechs Jahre lang gemeinsam an dem Mammutprojekt – aufgeteilt nach Verwandtschaftsgruppen innerhalb der Blütenpflanzen, Farne und Moose und mit einem einheitlichen Fahrplan. Damit neue Erkenntnisse über die Artendiversität der Pflanzen auch in Zukunft Eingang in die neue Online-Flora finden und so weltweit verfügbar gemacht werden können, wurden länderübergreifende Expert*innennetzwerke gegrün-



Breitblättriges Knabenkraut (*Dactylorhiza majalis*): Eine in Deutschland vom Aussterben bedrohte Pflanzenart. Foto: I. Haas (Botanischer Garten und Botanisches Museum Berlin).

det. Diese sogenannten Taxonomic Expert Networks werden das Großprojekt World Flora Online digital und kooperativ in die Zukunft begleiten – auch über das Ende der UN-Dekade Biologische Vielfalt hinaus. www.worldfloraonline.org

WISSENSCHAFTSPOLITIK

DFG Deutsche Forschungsgemeinschaft

Die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) hat das Portal „Wissenschaftliche Integrität“ freigeschaltet und **ergänzt damit den Kodex „Leitlinien zur Sicherung guter wissenschaftlicher Praxis“** um eine dritte Ebene. Im Juli 2019 hatte die DFG ihre Empfehlungen zur Sicherung guter wissenschaftlicher Praxis grundlegend überarbeitet und 19 Leitlinien ausformuliert, die zusammen den Kodex bilden. „Wir wollen mit dem Portal eine Serviceleistung und ein Referenzwerk für die gesamte deutsche Wissenschaftslandschaft anbieten“, sagte DFG-Vizepräsidentin Professorin Dr. Marlis Hochbruck, die Vorsitzende der für die Erarbeitung des Kodex eingerichteten zehnköpfigen Expertenkommission. Im Onlineportal finden Nutzerinnen und Nutzer zunächst die bereits bekannten Leitlinien und ihre Erläuterungen. Neu hinzu kommen nun allgemeine und fachspezifische Kommentierungen, Fallbeispiele, eine Übersicht über häufig gestellte Fragen, Verweise auf Gesetze und andere Normen, zugehörige DFG-Stellungnahmen sowie externe Quellen. Mit Inkrafttreten des Kodex im vergangenen Jahr haben sich alle Hochschulen und außerhochschulischen Forschungseinrichtungen verpflichtet, die 19 Leitlinien rechtsverbindlich umzusetzen, um weiterhin Fördermittel durch die DFG erhalten zu können. Für die Umsetzung gilt eine Frist bis zum 31. Juli 2022.

<https://wissenschaftliche-integritaet.de>

FORTBILDUNG

Ein besonderer Tag im Labor: Politik an der Genschere

Ein Tag im Labor ersetzt kein wissenschaftliches Studium und – für die Politik – auch keine fundierte wissenschaftliche Beratung. Unser „Experiment“ hat jedoch gezeigt, dass neue, andere Einblicke gewonnen werden und ein Gespräch zwischen Wissenschaft und Politik auf Augenhöhe möglich ist.

Die Politik fordert mit Recht, dass die Wissenschaft sich mehr um „Public Understanding of Science“ kümmert und „Public Outreach“-Programme durchführt, kurz: Wissenschaft der breiten Öffentlichkeit verständlich macht. Das ist nötig, aber nicht ganz einfach. Wissenschaftler haben Wissenschaft gelernt und nur wenige haben die Zeit, sich als Wissenschaftskommunikator*in ausbilden zu lassen – neben Verwaltung, Drittmittelakquise, Lehre, Gremienarbeit und, ja, auch noch der Durchführung von Forschungsprojekten.

Dennoch muss die Wissenschaft „auf die Straße“, denn Fake News, mangelndes Wissenschaftsverständnis und Ideologien sind auf dem besten Wege, sie nachhaltig zu zerstören. Die Politik ist von diesem Trend nicht ausgenommen. Ob dabei Unwissenheit, Ideologie oder Strategie eine Rolle spielen, sei dahingestellt.

Wir, das sind die Teams der Schüler- und Öffentlichkeitslabore Gläsernes Labor (Berlin) und Science Bridge

(Kassel) haben einen etwas ungewöhnlichen Weg des „Public Outreach“ gewählt: Wir haben Bundestagsabgeordnete aller Fraktionen eingeladen, zu einem „hands-on“ Gentechnik-Workshop ins Gläserne Labor nach Berlin-Buch zu kommen. Wer, wenn nicht Politikerinnen und Politiker repräsentieren besser die Öffentlichkeit, der Wissenschaft verständlich gemacht werden soll?

Experimentierworkshop für Politiker

Politik ist es gewohnt, zu debattieren. Dabei spielt es eine wesentliche Rolle, Debatten zu gewinnen. In den Biowissenschaften ist das anders. An erster Stelle steht das Experiment. Die Ergebnisse kann man in einem gewissen Rahmen diskutieren. Aber der Rahmen ist sehr eng. Die Daten liegen vor und um sie anzuzweifeln, muss man bessere Daten vorlegen. Einfach „wegdiskutieren“ kann man sie nicht. Jenseits jeder politischen Orientierung ist ein gut geplantes

Experiment neutral und ergebnisoffen. Ein Ergebnis kann man methodisch anzweifeln und ggf. falsifizieren, zunächst ist es jedoch „wahr“.

In erster Linie ist ein Experimentierworkshop keine politische Angelegenheit. Anders als bei dem informativen Besuch eines Museums, eines Labors oder einer Schule haben wir Politikerinnen und Politiker in Laborkittel gesteckt und unter Anweisung arbeiten lassen – nicht zum Schein für ein Pressefoto, sondern richtig! Sie haben eine Frage an die Natur gestellt und versucht, sie mit technischen Mittel zu beantworten.

Es ging um die viel diskutierte „Genschere“ CRISPR-Cas, ihre Funktionsweise und Anwendung. Im Experiment wurden weder Pflanzen noch Tiere bearbeitet – das wäre zu komplex und zu langwierig gewesen. Ein einfacher Versuch mit dem Bakterium *E. coli* macht jedoch das Prinzip deutlich: Ein Gen, das die Blaufärbung der Zellen erlaubt, wird mit CRISPR-Cas ausgeschaltet, woraufhin die Zellen farblos werden. Durch ein weiteres Experiment wird gezeigt, dass auf der molekularen Ebene das Gen tatsächlich zerstört wurde. Der Workshop macht verschiedene Aspekte deutlich:

- Die CRISPR-Cas-Methode ist relativ einfach und kostengünstig.
- Dennoch muss das Experiment unter fachlicher Anleitung und unter entsprechenden Sicherheitsvorkehrungen durchgeführt werden.
- Wissenschaftliche Arbeit erfordert viel Sorgfalt und zusätzliche Kontrollexperimente, um Ergebnisse solide und glaubwürdig zu machen.
- Laien können nicht „mal eben so“ einen Organismus „CRISPRn“. Selbst das gut etablierte und robuste Lehrexperiment funktioniert bei den meisten, aber nicht immer bei allen Workshopteilnehmenden.

Die positiven Ergebnisse des Workshops: Die Politiker und Politikerinnen haben sich auf mehr als vier Stunden Laborarbeit eingelassen und konzentriert gearbeitet. Bei den Fragen und Diskussionen zwischen- und am Ende des Workshops



ABB. 1 Beim Workshop zu CRISPR-Cas im Gläsernen Labor auf dem Campus Berlin Buch: (von links) MdB Kees de Vries (CDU), Bärbel Riedel (Mitarbeiterin von MdB Katrin Staffler), MdB Katrin Staffler (CSU), Ulf Lüdecke (Mitarbeiter von MdB Kees de Vries), MdB Mario Brandenburg (FDP), MdB Carina Konrad (FDP) und MdB Ingrid Pahlmann (CSU).

waren wir überrascht, wie gut alle informiert waren. Die Gespräche fanden in einer sehr angenehmen Atmosphäre und auf Augenhöhe statt.

Luft nach oben

Etwas schade war, dass nur Politikerinnen und Politiker von CDU/CSU und FDP unser Angebot angenommen haben. Es steht völlig außer Frage, dass Politik ein anstrengender und zeitaufwändiger Job ist und dass die Terminkalender gewiss gut gefüllt sind. Trotz aller Versuche und

verschiedener Terminangebote konnten wir jedoch keine Abgeordneten anderer Parteien gewinnen. Deshalb mangelte es auch etwas an kontroverser Diskussion. Die Teilnehmenden waren den neuen Technologien gegenüber offen und hatten sich im Vorfeld ausführlich damit beschäftigt.

Wir waren uns jedoch einig: Wir haben noch Kapazitäten frei für die restlichen 704 Abgeordnete! Auch die versuchen wir ins Labor zu holen. Und tatsächlich gibt es bereits ernsthafte Interessenbekundungen

für den nächsten Workshop Anfang 2021 – und diesmal auch von anderen Parteien! Vielleicht hat ja der Aufruf einer Teilnehmenden in einer Bundestagsdebatte etwas geholfen „Wo waren Sie, liebe Kolleginnen und Kollegen, als wir alle die Möglichkeit hatten, uns im Gläsernen Labor über CRISPR-Cas zu informieren?“

*Ulrike Mittmann,
Gläsernes Labor Berlin,
Heike Ziegler und Wolfgang Nellen,
Science Bridge, Kassel*

GENTECHNIK

Wie ich auszog, mehr Wissenschaft in die Politik zu bringen

Auch im Demokratielabor lässt sich trefflich forschen: Wie es wirklich ist, als Wissenschaftlerin die Linie einer Partei umzukrempeln und warum es wichtig ist, evidenzbasierte Politik zu fordern.



ABB. 1 Freude an der Lehre und Freude an der Politik ist eine gute Kombination.
Foto: Dorothea Kaufmann.

Als ich 2015 bei Bündnis90/Die Grünen eingetreten bin, schüttelten viele meiner Kolleg*innen ungläubig den Kopf. Wie konnte ich als promovierte Molekularbiologin und Dozentin am Institut für Pharmazie und Molekulare Biotechnologie der Uni Heidelberg einer Partei beitreten, die die Gentechnik vehement ablehnt? Tatsächlich war dieser Umstand über 20 Jahre lang für mich der Grund gewesen, eben keine Parteimitgliedschaft anzustreben. Nach der Trump-Wahl war aller-

dings für mich klar: Alle paar Jahre ein Kreuzchen auf einem Wahlzettel machen, das reicht nicht mehr. Stattdessen biss ich lieber in den durchaus sauren giftgrünen Apfel und begab mich in den Kampf gegen Schwurbel und Schwachsinn. Denn: Nicht meckern: Machen!

Als Wissenschaftlerin ist es meine Aufgabe, mein Wissen mit der Gesellschaft zu teilen. Dieser Ansatz war auch innerhalb meiner Partei durchaus hilfreich. Mit Menschen zu reden, die Jahrzehnte von vermeintlichen Expert*innen und Verbänden, deren Expertise zurecht angezweifelt werden darf, beeinflusst worden waren, war zwar oftmals schrecklich anstrengend, führte aber ebenso oftmals immerhin bei diesen zu der Einsicht, nicht genug über die „neue“ Gentechnik zu wissen und sich weiterbilden zu wollen. Leider gab es auch besonders schwere Fälle von Wissenschaftsverweigerung, wo die eigene, bereits zementierte Meinung in krassem Gegensatz zum wissenschaftlichen Konsens stand, aber als unantastbar galt.

Deutlich mehr Stimmung kam in die Bude, als ich begann, systematisch Mitstreiter*innen für meinen radikalwissenschaftlichen Ansatz zu finden und hier mit Minister*innen, Mitgliedern der Landtage, des Bundestages und Europaparlaments ebenso wie in der breiten Mitgliedschaft eine sprechfähige und vor allem sprechwillige Gruppe aufbauen konnte. Glücklicherweise war auch die regionale und überregionale Presse interessiert und so mehrten sich ab 2018 unsere Plädoyers für einen reflektierten Einsatz der Gentechnologie.

Gegenwind im Wissenschaftssturm

Dies gefiel nicht allen, und es kam immer wieder zu heftigen innerparteilichen Verwerfungen. Ich selbst wurde mehrfach auch öffentlich für meine Haltung scharf kritisiert und erhielt Nachrichten, die ich in Form und Inhalt eher aus einem anderen Milieu kannte. Doch habe ich jemals gezweifelt? Nein. Sich für die Wissenschaft einzusetzen muss eine Selbstverständlichkeit sein, und wir haben alle als Forscher*innen auch eine politische Verantwortung, der wir viel öfter und lauter gerecht werden sollten.

Da Bündnis90/Die Grünen im Jahr 2020 ein neues Grundsatzzprogramm beschließen wollten, machte ich es mir zur Aufgabe, dafür zu sorgen, dass die reflexhafte „Gentechnik, Nein-Danke-Haltung“ in diesem Kompass für unsere Parteiarbeit keinen

Platz mehr hat. Mittlerweile hatte sich ein erklecklicher und sehr gut organisierter Haufen zur „Gentechnik-Gang“ zusammengeschlossen, und gemeinsam setzten wir uns, wo es nur ging, für evidenzbasierte Politik ein. In meinem Wahlkreis veranstaltete ich einige Podiumsdiskussionen und Debattierstunden zum Thema und freute mich daran, ein langsames Umdenken in meinem direkten Umfeld miterleben zu können.

Nahezu übermütig wagte ich mich auch auf Podien, wo die Schwurzel-Fraktion mit eigenem Fanclub angereist war und musste mich mehr als einmal als Lobbyistin oder „von der Industrie gekauft“ verunglimpfen lassen. Sich als Wissenschaftlerin für die Wissenschaft einzusetzen war offensichtlich ein Umstand, der nicht als selbstverständlich galt. Und das in einer Partei, die lautstark „Unite behind the Science“ fordert, wenn es um Klimaschutz geht.

Gentechnikfreiheit ist kein Grundsatz mehr

Richtig spannend wurde das Jahr 2020, in dem das neue Grundsatzprogramm verabschiedet wurde. Um es kurz zu machen: Mit meinem radikalwissenschaftlichen Antrag, der explizit forderte, die Forschung im Bereich der Gentechnik deutlich

auszubauen und proklamierte, dass „Gentechnikfreiheit“ nichts anderes als „Fortschrittsfreiheit“ ist, konnte ich nicht die Mehrheit gewinnen. Das wäre aber auch ein Wunder gewesen, stand doch noch 2017 im Bundestagswahlprogramm „Mit uns gibt es gutes Essen ohne Gift und Gentechnik“ oder „Wir werden ein Gentechnikgesetz auflegen, das unsere Äcker und unsere Teller frei von Gentechnik hält, auch wenn sie sich als ‚neu‘ tarnt.“

Ergebnis des Parteitages ist nun ein Grundsatzprogramm, das beim Thema Gentechnik nicht die Technologie, sondern ihre Chancen, Risiken und Folgen im Zentrum sieht. Die Schlagzeile „Grüne lehnen Gentechnik nicht mehr grundsätzlich ab“ (ZEIT) machte die Runde, und die FAZ bezeichnete diese Entscheidung sogar als „intellektuelle Reifeprüfung“. Doch der Kampf ist noch lange nicht gewonnen. Meine zahlreichen Änderungsanträge, die den Begriff „Gentechnikfreiheit“ aus dem Landtagswahlprogramm für Baden-Württemberg verbannen sollten, scheiterten leider, doch es gibt immer mehr Parteimitglieder, die sich hinter dem Hashtag #Science-StatSchwurzel versammeln, um dafür zu sorgen, dass wir gemeinsam tatsächlich evidenzbasierte Politik machen.

Wissenschaft und Politik brauchen einander

Warum erzähle ich Ihnen dies alles? Ich will Sie damit ermuntern, ebenfalls Ihre wissenschaftliche Expertise politisch zu nutzen. Wir alle haben wenig Zeit, sind mit der Mehrfachbelastung aus Forschung, Lehre und Privatleben schon genug eingebunden, und ich werde Ihnen garantiert nicht dazu raten, einer Partei beizutreten – außer, Sie wollen sehr viel Zeit für manchmal frustrierend kleine Ergebnisse investieren. Was wiederum klingt wie Arbeit im Labor ... Ich kann Sie nur bitten, sich aktiv an wissenschaftspolitischen Diskussionen zu beteiligen, sei es in Ihrem direkten Umfeld, in Form von Leserbriefen oder Beiträgen in Internetforen. Wenden Sie sich an Ihre Abgeordneten, fragen Sie nach deren Haltung zur Gentechnik und Forschungsfreiheit in Deutschland, denn je häufiger und vehementer dieses Thema angesprochen wird, desto deutlicher wird dessen Relevanz für die politische Diskussion werden.

Wissenschaft und Politik brauchen einander und passen wunderbar zusammen – ich hoffe sehr, dass wir im Wahljahr 2021 Deutschland als Wissenschaftsstandort noch weiter stärken können.

Dr. Dorothea Kaufmann, Heidelberg

LANDESVERBÄNDE

Wandel durch Corona

Auf Länderebene wird zukunftsorientiert umgedacht – aber auch einiges schmerzhaft vermisst.

Vieles war für 2020 vorbereitet, wir freuten uns auf die persönliche Begegnung und den regen Austausch neuer Informationen im direkten Dialog. Dann kam Covid-19. Historisch betrachtet hat es immer Veränderung gegeben, ob uns dies recht ist oder wünschenswert erscheint oder nicht, dazu werden wir nie befragt. Auch und gerade

als Biolog*innen kennen wir den Prozess der Veränderung, die Evolution. Wir können ihn nicht aufhalten, etwas beeinflussen vielleicht, aber nicht außer Kraft setzen.

Das Virus zwingt uns, auf vielen Ebenen umzudenken: politisch, gesellschaftlich, ökonomisch, biologisch, medizinisch, technologisch.

Die Biologie steht stärker denn je im Zentrum des Interesses und zeigt sich als Leitwissenschaft. Ihre Instrumente, gestützt auf physikalische und chemische Erkenntnisse, machen sie zum Hoffnungsträger weltweit. SARS-CoV-2 wird nicht unsere letzte Herausforderung durch Viren sein. Weitere werden folgen. Mit dem Schritt zur Entwicklung von insbesondere mRNA-Impfstoffen bringt die Molekularbiologie schnellere Hilfe, so dass nicht nur diese aktuelle Herausforderung, sondern auch zukünftige in kürzeren Zeiträumen bewältigt werden können.



Margarete Radermacher
Sprecherin
der Landesverbände

Veränderungsprozesse aktiv gestalten und nutzen

Der VBIO hat sich zur Aufgabe gemacht, der Öffentlichkeit Erkenntnisse der Biowissenschaften zu vermitteln und die Diskussionen in der Gesellschaft faktenbasiert zu unterstützen und zu fördern. Dies muss in Zeiten von Verschwörungstheorien und der extremen Verbreitung von *fake news* besonders im Blick sein.

Im März 2020 reagierten die Landesverbände zunächst mit Absagen und Verschieben geplanter Veranstaltungen; aber schon bei der Sitzung aller Vorsitzenden der Landesverbände im VBIO im September 2020 (BiuZ-Bericht in Heft 6, 2020) hatte ein deutliches Umdenken stattgefunden. Wir waren uns einig: Die Pandemie erfordert passende, zukunftsorientierte Kommunikationsstrategien, und Instrumente müssen gefunden werden, um den Informationsfluss innerhalb des VBIO und seinen Mitgliedern langfristig zu sichern. Für die Mitglieder ist diese neue Situation ebenso schwierig wie für angefragte Referent*innen, die auch eine direkte Begegnung vorziehen.

Die Landesverbände ließen sich nicht entmutigen, sondern beschritten neue Wege, indem auch der Raum des eigenen Landes geografisch gesehen verlassen wurde und grenzüberschreitend digital ein größerer Wirkradius erschlossen wurde. Bei der Umsetzung traten viele Vorteile zutage, aber auch kritisch wahrgenommene Nachteile.



Uli Müller, Landesvorsitzender Saarland im VBIO, schreibt, dass Veranstaltungen zu

Lehrerfortbildungen auf Online-Angebote umgestellt wurden. Dies hatte den spürbaren Vorteil der flexibleren Zeitplanung, da Anfahrten, Raumsuche etc. entfielen. Er fährt fort, dass er dieses digitale Format für theoretische Inhalte sicher fortführen wird; Online-Anleitungen zu praktischen Arbeiten schließt er

zurzeit aus. Viele Teilnehmende – so stellt er fest – haben Online-Plattformen als neue Medien zur Kommunikation zum ersten Mal verwendet; viele werden diese wohl zukünftig auch verstärkt nutzen. Zuversichtlich merkt er an, dass sich Routinen einstellen werden. Einschränkend gibt er zu bedenken, dass für eine unproblematische Nutzung gute



Online-Verbindungen für alle verfügbar sein müssen. **Wolfgang Nellen**, Landesvorsitzender Hessen im VBIO, weist auf neue Formate hin. So wurde z. B. mit 250

hauptsächlich studentischen Teilnehmer*innen eine relativ große deutsch-indonesische Videokonferenz zu „CRISPR-Cas and potential applications for Corona“ abgehalten. Die Konferenz an zwei Vormittagen war insoweit ungewöhnlich, da nur zwei Vorträge stattfanden, die aber ausführlich online diskutiert wurden. Zur Thematik der Konferenz wurde ein Studentenwettbewerb ausgeschrieben, bei dem in vier Kategorien wissenschaftliche „Mitdenk-Aufgaben“ und kreative Aktivitäten (Video, CRISPR-Science Fiction) gefragt waren. Erfreut stellt Wolfgang Nellen fest, dass es immerhin 26 Einreichungen gab. Auf ein besonders gutes Beispiel, ein Stop-Motion-Video, möchte er hier hinweisen: <https://crispr-whisper.de/2020/11/30/the-world-of-crispr-with-khalid-erstes-video-zu-crispr-cas/>. Die Preisverleihung fand in einer separaten Videokonferenz statt, die wiederum gut besucht war. Wolfgang Nellen denkt, dass



dieses Format gut auf den VBIO übertragbar ist.

Helga Fenz, Landesvorsitzende Berlin-Brandenburg im VBIO, berichtet, dass die bewährte Vorlesungsreihe „Neue Wege in der Biomedizin“ digital stattfinden musste. Als Vorteil stellte sich heraus, dass die Vorträge

wahlweise im Unterricht oder als Aufgabe zu Hause angehört werden können; alle Links zu den Vorträgen stehen auf der VBIO-Seite des LV Berlin-Brandenburg. Helga Fenz wertet es ausdrücklich positiv, dass jetzt dazugelernt wird. So geht sie bei ihrer Verbandstätigkeit für den VBIO die notwendigen Änderungen aktiv an. Diverse Software für Videokonferenzen wurden schnell zu regelmäßig genutzten Tools. Als Landesvorsitzende Berlin-Brandenburg im VBIO unterstützt sie digital die Vorbereitung und Durchführung des Regionalwettbewerbs „Jugend forscht“ auf dem Campus Berlin-Buch. Er wird mit viel technischem Aufwand komplett digital ablaufen. Die Kooperation mit dem Gläsernen Labor Berlin-Buch läuft weiter. Auch hier wurden neue Wege beschritten und für die Weihnachtsferien gab es online ein Homeschooling-Angebot zum Thema „Online Experimentieren“, das inzwischen sogar verlängert wurde (www.forscherferien-berlin.de/de/ferien/weihnachten21).



Wie Helga Fenz, spricht auch **Martin Nickol**, Landesvorsitzender Hamburg und Schleswig-Holstein im VBIO, für zwei Bundesländer.

So berichtet er für Schleswig-Holstein, dass das zurückliegende Jahr wie überall von Umbrüchen geprägt war. Erstmals hätten sich alle intensiver mit digitalen Medien befasst, so dass die bisherige Schwelle, die vor der bewussten Anwendung stand, überschritten werden konnte. Es ging ja nicht anders, konstatiert er. Er fährt fort: Und tatsächlich kann man seine *digital devices* ja zu mehr als zum Entertainment nutzen, für das sie wirtschaftlich gesehen geschaffen wurden. Er hebt hervor, dass in Schleswig-Holstein sowohl die internen, als auch erstmals externe Treffen online veranstaltet wurden. Dies soll im neuen Jahr fortgesetzt und darüber hinaus vermehrt auf biowissenschaftliche Themen und digitale schulische Angebote ausgedehnt wer-

den. Allerdings fehle es den wenigen Aktiven derzeit an den vielen, vielen Stunden, die dafür einzusetzen sind. Jedoch ist in einem Flächenland mit weiten Anfahrtswegen der digitale Zugang oftmals schneller und auch besser in den Tagesablauf einplanbar.

Hamburg, so stellt er fest, gilt ohnehin als die Medienstadt des Nordens. Der Landesverband renne mit digitalen Angeboten bei den technisch Affinen offene Türen ein, verliere jedoch auch das Flair der persönlichen Treffen, die sich deutlich von beliebig eckig wirkenden Videokonferenzen unterscheiden. Gleichwohl nimmt die Teilnehmerzahl durch die Vielzahl nutzbarer Formate zu. Die bisher weniger mit Technik vertrauten Mitglieder und Getreuen müssen freilich aktiv motiviert werden. Dennoch werden der Austausch und die gegenseitige Inspiration in der näheren Zukunft online stattfinden, wofür auch die Möglichkeiten der Kooperation über die Grenzen Hamburgs hinaus genutzt werden sollen.



Kommunikation sowie fundierte und sachlich korrekte Information sind gerade jetzt unabdingbar notwendig. Deshalb ließ sich

Gabriele Pfitzer, Landesvorsitzende Nordrhein-Westfalen im VBIO und Mitglied im Präsidium, nicht entmutigen. Wiederholt musste das Format des für den Herbst 2020 vorgesehenen Landesbiologentags in Nordrhein-Westfalen zum Thema „Alternforschung – Forever Young?“ angepasst werden. Schließlich fand er mit anschließender Diskussion digital statt. Um der allgemeinen Verunsicherung mit Blick auf Impfungen zu begegnen, reagierte Gabriele Pfitzer sehr schnell. Sehr kurzfristig gelang es ihr, Frau Prof. Dr. med. Clara Lehmann zu einem Webinar am 07.01.2021 zu diesem Thema zu gewinnen. Clara Lehmann ist Oberärztin an der Medizinischen Klinik I der Uniklinik Köln und leitet seit 2015 die Infektionsambulanz und seit Anfang 2020 das im Zuge der Covid-19 Epidemie neu ein-

gerichtete Infektionsschutzzentrum. Sie arbeitet und forscht an vorderster Front in der „Corona“-Pandemie und beteiligt sich an klinischen Studien. In ihrem Vortrag informierte sie anschaulich über die neuen mRNA-basierten Impfstoffe. Sie erläuterte die große Bedeutung der Impfung für die Bewältigung der Pandemie und ging auf offene Fragen ein wie zum Beispiel, wie lange die Immunität nach einer Impfung anhält. Im Anschluss an ihren Vortrag beantwortete sie unzählige Fragen der über 400 Teilnehmenden. Sie verstand es, Ängste zu nehmen und davon zu überzeugen, wie wichtig es ist, dass sich möglichst alle impfen lassen. In ihrer Einführung zu diesem Webinar verdeutlichte Gabriele Pfitzer den durchschlagenden Effekt, den die Einführung von Impfstoffen zwischen 1940 und 1970 auf die Inzidenz von Kinderkrankheiten wie Masern, Diphtherie, Polio und Keuchhusten hatte.

Überwältigend war die Anzahl der bundesweit zugeschalteten. Obwohl feiertagsbedingt kaum Werbung möglich war, meldeten sich fast 500 Mitglieder und Interessierte, brachten vorab ihre Fragen ein und machten somit klar, dass der VBIO thematisch genau den Punkt getroffen hatte. Dieser mediale Weg über ein Webinar über die Landesgrenze hinaus zeigte sich als sehr erfolgreiches Instrument, sehr schnell viele Menschen zu erreichen. Die hohe Quote der Beteiligung spricht auch für das große Vertrauen auf Informationen, die der VBIO zur Verfügung stellt. Der Landesverband Nordrhein-Westfalen im VBIO dankt Frau Prof. Lehmann für Ihre Bereitschaft und Herrn Dr. Carsten Roller (Geschäftsstelle München) für die technische Umsetzung und kurzfristige Neueinrichtung eines erweiterten Veranstaltungstools.



Martin Hasselmann, Landesvorsitzender Baden-Württemberg im VBIO berichtet, dass die VBIO-Aktivitäten mit einem Online-Lan-

desbiologentag auf breite Resonanz gestoßen sind und es beschlossen wurde, aus den Beiträgen einen Tagungsband zu generieren. Das Transkript der Veranstaltung liegt schon vor. Ähnliches ist für den nächsten Biologentag geplant, der in bewährter Zusammenarbeit mit der Akademie für Umwelt und Naturschutz Baden-Württembergs stattfinden wird. In Baden-Württemberg wird die nächste Mitgliederversammlung online geplant.



Peter Nießbeck, Landesvorsitzender Bayern im VBIO, legt dar, dass bereits im April 2020 reagiert wurde. Zeitweises Homeoffice mit ent-

sprechender Ausstattung und digitaler Vernetzung (Cloud-basiertes Arbeiten) war im LV Bayern zum Glück bereits vor Corona stabil etabliert. Die Umstellung auf überwiegendes Homeoffice war somit keine größere Herausforderung. Dank bereits vorhandener Erfahrungen wurden umgehend digitale Plattformen für Besprechungen, Konferenzen und Veranstaltungen genutzt. Es wurden sogar neue Veranstaltungen, teils mit weit größeren Teilnehmerzahlen als bisher, online über diverse Plattformen angeboten. Bereits ab Mai konnten geplante Präsenzveranstaltungen weitgehend virtuell abgehalten werden. Die Kosten- und Zeitersparnis virtueller Veranstaltungen haben sich als entlastend erwiesen. Mit dem Corona-bedingt gestiegenen Kommunikationsbedürfnis konnten Mitgliederkontakte sogar vertieft werden. Die Mitwirkung der Funktionsträger des VBIO in Verbänden, Gremien und Ausschüssen sowie die Kontaktpflege in Wissenschaft, Wirtschaft, Politik und Verwaltung konnte dank Videokonferenzen und folglich geringerem Zeit- und Personalbedarf verstärkt erfolgen. Allerdings steigen die Ansprüche und Erwartungen der Mitglieder bzw. Teilnehmer schnell. Professionelle Technik und auch TV-gewohnte Qualität konnten nicht immer geboten werden. Es entsteht

ein Bedarf an weitaus professioneller Technik und medienerefahrenen Mitarbeiter*innen und so ergeben sich neue Berufsfelder, insbesondere für Wissenschaftsjournalist/-innen und Medientechniker/-innen.

Insgesamt bringt die Corona-Krise biologisches Wissen verstärkt ins Bewusstsein der Öffentlichkeit, wengleich die Biologie und insbesondere die Biolog*innen erneut zugunsten der Heilberufe unverdient in die hinteren Reihen verbannt wurden. Die Biologie als Schlüsselwissenschaft kam seiner Meinung nach in den Medien europaweit kaum zur Geltung.

Digitalisierung kein Allheilmittel

Biologentage, Fortbildungsveranstaltungen, Vorstandssitzungen sowie Mitgliederversammlungen finden also der Not folgend digital statt. Selbst Abstimmungen und Wahlen, so wusste der LV Hessen zu berichten, erfolgten digital und erreichten sogar eine höhere Beteiligung. Interessant ist, dass die Zahl der Treffen zunimmt, da bei digitalen Formaten lange Anfahrten entfallen. Ein Austausch kann schneller einmal „zwischen durch“ organisiert/angesetzt werden. Telefonkonferenzen, die zunächst als probates Mittel der Kommunikation erschienen, werden ersetzt durch Videokonferenzen, die wenigstens das Gegenüber direkt bildlich sehen lassen.

Rein digital nicht ersetzbar sind praktische Arbeiten wie z. B. das Durchführen von Experimenten. Diese sind aber notwendiger Bestandteil jeglichen naturwissenschaftlichen und medizinischen Arbeitens. Besondere Vorsichtsmaßnahmen sind hier unter Corona-Bedingungen zu beachten und umzusetzen. (Hierzu mehr in einem Folgeheft der BiUZ). Diesen positiven Aspekten stehen also kritische Punkte gegenüber. Was fehlt, sollen die nun folgenden Äußerungen exemplarisch verdeutlichen. Wolfgang Nellen weiß zu berichten: „Trotz der freundlichen Unterstützung durch unseren lokalen Fernsehse-

der haben wir die Science Cafés bis auf weiteres eingestellt. Die Kneipenatmosphäre und die Gespräche nebenbei waren nicht im Live-Stream realisierbar. Das Publikum nahm in zwei Versuchen stark ab.“

Uli Müller beklagt: „Wie wahrscheinlich bei allen anderen wurden die persönlichen Interaktionen ‘gestrichen’ – egal in welchem Kontext. Was leider völlig zum Erliegen gekommen ist und nicht kompensiert werden konnte, waren die persönlichen Treffen mit Personen aus Schulen, Ministerien, Institutionen (Preisverleihungen, Eröffnungen, Kick-off Veranstaltungen etc.). Da alle Beteiligten mit den jeweils „eigenen neuen Baustellen“ beschäftigt sind, blieb auch keine Zeit andere Kommunikationswege zu nutzen.“

Martin Nickol bemerkt: „Dabei bietet der Austausch über den Bildschirm in kontaktarmen Zeiten doch immer Abwechslung, auch wenn viele Elemente menschlicher Begegnungen fehlen.“

Trotz der Erfolge von Webinaren, mit denen viele Menschen über große Distanzen leicht erreicht werden können, und von Videokonferenzen, die in vieler Hinsicht zeit- und kosteneffizient sind, äußert sich Gabriele Pfitzer kritisch zur rein digitalen Kommunikation: „Die Limitierung ist: Man redet ins Leere, man schaut sich Gesichter in zweidimensionalen Kacheln an oder sieht die Teilnehmenden bei einer großen Zahl an Zugeschalteten gar nicht. Anstelle dass man in einem dreidimensionalen Raum den peripersonalen Raum des Anderen spürt, ist die Begegnung auf die virtuelle Zweidimensionalität reduziert. Man sieht sich nicht in die Augen, weil keiner in die Kamera schaut, sondern alle auf die Gesichter schauen. Man ist in der Erfahrung des Anderen auf zwei Sinnesmodalitäten reduziert (Hören, Sehen). Die anderen Sinnesmodalitäten, die für die Begegnung wichtig sind, sind weg. Es fehlen die vielen, kleinen Begegnungen am Rande, wo man sich nahekomm. [...] Wir sind eben keine Avatare, die sich im

keimfreien, zweidimensionalen digitalen Raum wohl fühlen, sondern Menschen aus Fleisch und Blut, die sich im dreidimensionalen Raum begegnen wollen.“

Peter Nießbeck stellt fest: „Abgesagt werden mussten hauptsächlich die meisten Praktikumsveranstaltungen und natürlich die Exkursionen und Bildungsreisen. Hierbei ergeben sich inzwischen neue virtuelle Formate, die jedoch leider nicht so schnell umgesetzt werden können, wie gewünscht und geplant. Neumitglieder konnten trotz der Forcierung eines Insider-Images bei den Veranstaltungen kaum gewonnen werden.“

Helga Fenz konnte erfahren: „Leider mussten auch einige Veranstaltungen verlegt werden, da die Referent/-innen lieber mit den Teilnehmer/-innen ins Gespräch kommen möchten.“ Auch bemerkt sie zu online gestellten Vorträgen: „Diese Variante ersetzt meiner Meinung nach nicht vollständig die Originalvorträge mit anschließender Diskussion.“

Durchgängig spürbar ist jedoch in allen Rückmeldungen der Landesverbandsvorsitzenden, dass digitale Veränderung notwendig ist und deshalb begrüßt wird. Dies zeichnete sich schon vor Corona ab: Korsettierung für allzu viele Termine mit langen Anfahrten, Effizienz für den schnellen Informationsaustausch, höhere Transparenz und gewinnbringende Synergieeffekte in der Zusammenarbeit sind hier bestimmende Faktoren im Umdenkungsprozess. Wir haben alle erfahren, dass sich die direkte Kommunikation durch nichts ersetzen lässt. Trotzdem hat uns das letzte Jahr gezeigt, dass wir umdenken müssen: Wir müssen hinterfragen, wo wir digitale Instrumente sinnvoll einsetzen können und sollten, um gerade für die direkte Begegnung auch wieder Zeit gewinnen zu können. Trotz der gerade geschilderten nicht zu leugnenden Nachteile sollte uns bewusst sein, welche Vorteile wir mit den neuen Informations- und Kommunikationstechnologien genießen dürfen.

Peter Nießlbeck bringt die aktuelle Situation auf den Punkt und spricht damit für uns alle und die Biowissenschaften: „Das Jahr 2020 hat summa summarum durchaus unser Leben, insbesondere das Verbandsleben nachhaltig – und zwar aus unserer Sicht sogar weitgehend

positiv – verändert. Es hat einen aus vielerlei Blickwinkeln positiv zu bewertenden Technologieschub bewirkt und neue und effizientere Kommunikationswege und Lernmöglichkeiten eröffnet. Zudem konnten sich kreative Ideen und Neuerungen erproben lassen, von

denen sich viele durchaus bewährten. Wir gehen also in eine spannende und durchaus hoffnungsvolle Zukunft.“

*Margarete Radermacher
Vizepräsidentin des VBIO und
Sprecherin der Landesverbände*

BERUFSFELDER

Perspektiven digital

Online-Berufsfelder-Infoabende von VBIO und Bundesfachschaffentagung Biologie sind ein voller Erfolg.

Bio studieren – und dann?

Mit dieser Frage sehen sich viele Studierende der Biologie irgendwann konfrontiert. Der erste Gedanke gilt dann oft der Promotion – damit macht man ja schließlich nichts falsch, oder? Nur was, wenn man seine Zukunft einfach nicht an einer Hochschule sieht oder weiß, dass man für andere Tätigkeiten besser geeignet wäre? Doch um das zu erkennen, muss einem zunächst bewusst sein, welche Berufsfelder es in den Biowissenschaften überhaupt gibt. Und es gibt eine ganze Menge!

Während des Studiums nehmen wir uns nur selten die nötige Zeit, die vielfältigen beruflichen Möglichkeiten zu erkunden. Die nächste Prüfung steht schon bald an und Protokolle schreiben sich nicht von selbst. Und wie informiert man sich überhaupt richtig? „Ich werde erst in einem Jahr fertig und vielleicht promoviere ich ja“ oder „Lohnt der Aufwand extra nach XY zu fahren, ohne zu wissen, was einen dort erwartet?“ Uns fallen nur allzu leicht Gründe ein, das offensichtliche Angebot nicht rechtzeitig wahrzunehmen. Doch wer erst nach dem Abschluss mit der Suche anfängt, sucht oft mehrere Monate oder gar ein Jahr oder länger nach der ersten Stelle.

Doch das muss nicht sein: Es gibt ja zum Glück einige hilfreiche Angebote. Der VBIO hat sich hier mit



seinem Ratgeber „Perspektiven – Berufsbilder von und für Biologen“ seit 1999 mit der inzwischen 10. Auflage sehr gut positioniert. Das über 250 Seiten dicke Buch gibt interessante Einblicke in Werdegänge und Berufschancen in den Biowissenschaften. Wie interessant dieser Einblick für Studierende sein kann, kenne ich selbst aus Freiburg. Hier haben wir mit unserer Veranstaltung „Berufs-Bilder der Biologie“ den Fokus auch auf persönliche Erfahrungen gesetzt und sind damit seit Jahren erfolgreich. Im Rahmen der Bundesfachschaffentagung Biologie kam uns daher die Idee bundesweit aktiv zu werden.

Durch den bereits bestehenden Kontakt zu Dr. Carsten Roller, dem Ressortleiter Ausbildung & Karriere im VBIO, hatten wir glücklicherweise direkt den richtigen Ansprechpartner.

Da die Studierenden in den letzten Monaten an unzählige online-Formate gewöhnt waren, war eine digitale Umsetzung sehr naheliegend. Die erste Veranstaltung war schnell geplant und fand bereits im Oktober 2020 statt. Die Teilnehmenden stellten viele Fragen und forderten weitere Veranstaltungen in diesem Format. Somit war die Veranstaltungsreihe „Berufsfelder der Biowissenschaften“ ins Leben gerufen.

Konzept und Durchführung

Die Veranstaltung ist online und kostenlos, also einfach zugänglich für alle Interessierten. Im Mittelpunkt stehen zwei Vortragende, deren Werdegang sowie vor allem deren persönliche Erfahrungen. Dabei sollen sich die Anwesenden wie bei einem Plausch mit Bekannten fühlen und keine Scheu vor Nachfragen haben. Hinzu kommt, dass man im Gegensatz zu einer Messe im Vorfeld weiß, was auf einen zukommt. Dabei spart man sich das von-Stand-zu-Stand-Springen aus Angst das richtige Angebot zu verpassen. Außerdem gibt es eine Vielzahl allgemeiner Tipps, die weder genau auf den Beruf der Vortragenden noch zwingend auf das Berufsfeld selbst begrenzt sind. Wiederkehrende Themen sind bisher die Wichtigkeit von „Soft Skills“ und frühzeitiges „Hineinschnuppern“ ins Berufsleben, um erste praktische Erfahrungen zu sammeln. Dafür eignen sich sowohl Studijobs als auch ehrenamtliches Engagement.

Rückblick

Bei der ersten Veranstaltung „Life Sciences, Biotech, Pharma“ mit

Dr. Inge Lues und M. Sc. Annika Soltau wurden wir vom Andrang so überrascht, dass die Kapazitätsgrenze des Konferenzraums von 250 Personen frühzeitig erreicht war. Daher konnten leider nicht alle Interessierten teilnehmen. Daraufhin haben wir uns entschieden, die Themen spezifischer zu gestalten, um Interessierte gezielter anzusprechen. Beim Thema „Umwelt – Schwerpunkt Meeresbiologie“ mit Dipl.-Biol. Peter Nießbeck und Dr. Ralf Sonntag waren es dann 55 Personen, die sowohl am Spezialgebiet selbst als auch an den Bereichen Selbstständigkeit und Arbeit für NGOs interessiert waren.

Der letzte Themenabend im Jahr 2020 war der „Wissenschaftskommunikation“ gewidmet und diesen stellen wir nun exemplarisch näher dar: Die beiden Referentinnen nutzten den Vortragsteil, um ihre beruflichen Erfahrungen spannend zu vermitteln. Die Betreuung einer Internetseite ist dabei ein zentraler Bestandteil ihrer jeweiligen Tätigkeiten. M. Sc. Julia Adam ist in der Gesundheitskommunikation tätig

und betreut als Teil der Internetredaktion die Webseite vom Krebsinformationsdienst des Deutschen Krebsforschungszentrums (DKFZ) unter www.krebsinformationsdienst.de sowie dessen Social-Media-Kanäle auf Instagram und Facebook. Bei M. Sc. Julia Ecker, die in der Öffentlichkeitsarbeit der Eidgenössischen Technischen Hochschule (ETH) Zürich tätig ist, standen nicht nur ihre beruflich betreuten Internetseiten und Formate im Vordergrund, sondern auch ehrenamtliche Projekte. Eines davon ist „bioskop“ – das Magazin der Austrian Biologist Association – ABA unter www.austrianbiologist.at/aba/magazin/ mit dazugehörigem Podcast (www.freie-radios.online/sendereihe/bioskop). Hier können Interessierte, in Absprache mit der Redaktion, eigene Artikel, sowie Foto-, Audio- oder Videobeiträge im Bereich Biowissenschaften verfassen. Für Studierende ist das natürlich besonders hilfreich, um herauszufinden, ob ihnen diese Tätigkeit Spaß machen könnte. Ein großer Vorteil, neben der geregelten Veröffentlichung, ist hier

die professionelle Unterstützung. Wer Interesse hat kann sich gerne unter ecker.m.julia@gmail.com melden

Ausblick

Die ersten drei Veranstaltungen liefen so vielversprechend ab, dass wir das Angebot gerne weiterführen und über eine Erweiterung nachdenken. Falls Sie dazu beitragen wollen, dass die Veranstaltungsreihe bekannter wird, können Sie die Veranstaltung sehr gerne bewerben. Unter www.master-bio.de finden Sie immer die aktuellen Termine.

Es gibt natürlich auch die Möglichkeit, den eigenen Werdegang vorzustellen oder interessante Personen zu empfehlen, deren Lebensläufe sich für eine solche Veranstaltung eignen könnten. Wir freuen uns auf Ihre Unterstützung! Kontakt mit uns aufnehmen können Sie unter roller@vbio.de.

*Sebastian Neufeld,
Bundesfachschaftentagung Biologie,
Präsidiumsmitglied VBIO*

MOMENT MAL

Erstmals Forschungsfreiheit in Deutschland!

Beim Bundesumweltministerium wurde eine neue Haushaltsstelle zur Förderung unabhängiger Forschung zu Risiken von Geneditierungsmethoden bei Pflanzen geschaffen: „Diese 350.000 Euro ermöglichen, das erste Mal wirklich unabhängig diese Technologie [CRISPR-Cas] im Hinblick auf die Auswirkungen etwa auf Natur und Ökologie zu untersuchen“, sagte SPD-Fraktionsvize Matthias Miersch der taz¹. Auf sein Betreiben ist die Haushaltsstelle eingerichtet worden. Bisher hätten viele Forscher „Angst vor Repressalien, weil sie von Drittmitteln abhängig sind“. Es ergeben sich einige interessante Fragen:

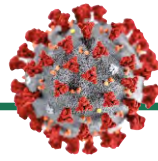
- Wie viele ernsthafte Forschungsprojekte will man mit 350.000 Euro (für drei Jahre) fördern?
- Erlauben ausschließlich Drittmittel des Umweltministeriums unabhängige Forschung? Welche Repressalien haben BMBF, DFG, EU und andere staatliche Förderinstrumente bisher den Antragstellern von Drittmitteln angedroht?
- Liegt hier eventuell ein strafrechtlich relevantes Verhalten vor, das Herr Miersch der Staatsanwaltschaft vorlegen sollte (Androhung von Repressalien durch staatliche Stellen, Unterdrückung der Wissenschaftsfreiheit)?

¹ <https://taz.de/Risiken-von-Crispr/Cas/!5740018/>



Bild: Pete Potham – Fotolia.com

IMMUNOLOGIE



Kontaktsperre für SARS-CoV-2

Die Infektiosität des SARS-CoV-2-Virus mit einer Basisreproduktionszahl von 3,3 bis 3,8 und eine hohe Dunkelziffer symptomlos Infizierter erschweren die Prävention. Daher sind Wirkstoffe gefragt, die eine (Re-)Infektion der Schleimhaut im Initialstadium der Infektion blockieren, um schweren Verläufen von COVID-19 mit intensivmedizinischem Behandlungsbedarf vorzubeugen.

Als präventive Maßnahme wird in der Öffentlichkeit derzeit mit großen Erwartungen die Impfung propagiert, ohne dass die epidemiologische Wirksamkeit der aktuell verfügbaren Präparate eindeutig geklärt ist. Denn intramuskulär injiziert stimulieren diese besonders die systemische, von Immunglobulin G1 dominierte Immunantwort, die vor allem schwere Krankheitssymptome wie die Lungenentzündung eindämmt. Bei der primären Infektionsabwehr auf der Schleimhaut der oberen Atemwege, der Eintrittspforte für das Virus, spielt Immunglobulin G1 dagegen nur eine untergeordnete Rolle. Dort wirkt in erster Linie das über die Schleimhaut ausgeschiedene sekretorische Immunglobulin A1 [1]. Um diese mukosale Immunantwort zu provozieren, müssten die Impfstoffe wie bei einer natürlichen Infektion intranasal, z. B. durch Inhalation appliziert werden. Nur so ergab sich im Tiermodell eine wirksame, von Grund auf vor der Infektion schützende Immunität [2], die letztlich auch die Weitergabe des Virus durch ausgeatmete Aerosole verhindert und damit zur Herdenimmunität gegen SARS-CoV-2 beiträgt. Leider befinden sich bislang nur wenige intranasal applizierbare Präparate im Stadium der klinischen Erprobung [3].

Vor diesem Hintergrund bleiben Alternativen zur Impfung von Bedeutung. Wirkstoffe, die das Anheften des Virus an bzw. seine Aufnahme in die Zellen der Schleimhaut blockieren, könnten im Initialstadium einer Infektion oder nach Kontakt mit Infizierten vorsorglich appliziert auch Personen schützen, bei denen

Impfungen wirkungslos oder kontraindiziert sind. Auf der Suche nach derartigen Wirkstoffen steht wie bei der Impfstoffentwicklung das Spike-Protein des SARS-CoV-2-Virus im Fokus. Dieses von der Virenhülle abstehende, das stachelige Erscheinungsbild der Viruspartikel prägende homotrimer Protein heftet sich wie ein Enterhaken an die Zielzellen, um die Infektion einzuleiten. Bindungspartner auf der Zelloberfläche ist dabei der ACE2-Rezeptor (ACE = *angiotensin converting enzyme*). In der flexiblen Proteinkonformation des Spike-Proteins haben die rezeptorbindenden Domänen (RBD) keine starre Position inne. Je nachdem, ob sie an der Moleküloberfläche exponiert oder in einer unzugänglichen Position verborgen sind, wechselt das Spike-Protein zwischen einer bindungskompetenten und einer inaktiven Konformation hin und her (Abbildung 1, links) [4].

Stabilisierung der inaktiven Konformation

Ein Team US-amerikanischer Wissenschaftler um Peter Walter hat sich zum Ziel gesetzt, die Interaktion des SARS-CoV-2-Virus mit Zellen durch synthetische Antikörper zu blockieren. Aus einer Bank sogenannter Nanobodies, deren Struktur von der einzelkettigen Antikörper der Kamelartigen abgeleitet ist [5], selektierten sie Kandidaten, die mit hoher Affinität an die rezeptorbindende Domäne des Spike-Proteins binden und dieses in seiner inaktiven Konformation fixieren [6]. Wie zu erwarten, verhinderten solche Nanobodies im Experiment mit kultivierten menschlichen Zellen die Anheftung des Virus an die Zelloberfläche. Ein besonders wirksamer Kandidat, der trimere Nanobody mNb6-tri, blockiert alle drei rezeptorbindenden Domänen eines Spike-Protein-Trimers und ist so stabil, dass er ohne Aktivitätsverlust eine Stunde lang auf 50 °C erhitzt oder lyophilisiert bzw. als Aerosol vernebelt werden kann. Deshalb hoffen die Forscher, dass solche Nanobodies, als Nasenspray appliziert, das Virus auf den Schleimhäuten neutralisieren können. Durch ihre außergewöhnliche Stabilität, kostengünstige Verfahren der Massenproduktion und die Möglichkeit, durch *in vitro*-Affinitätsselektion an neue Viren-

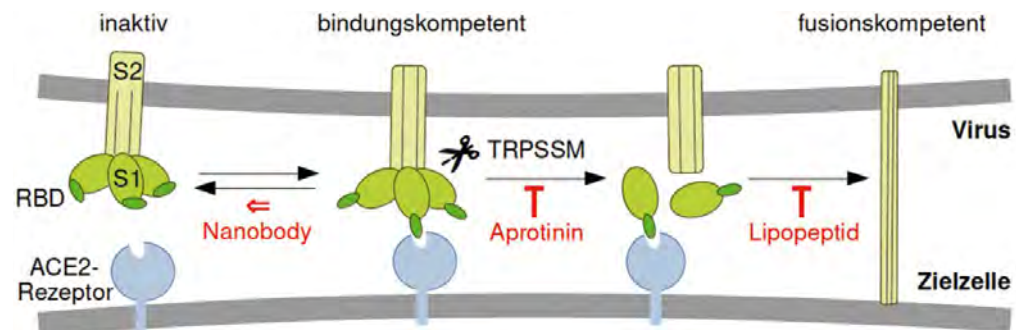


ABB. 1 Pharmakologische Blockade der Interaktion des SARS-CoV-2-Spike-Proteins (grün) mit Zielzellen. Um an den ACE2-Rezeptor (blau) zu binden, muss die rezeptorbindende Domäne (RBD) exponiert sein. Ein synthetischer Antikörper (Nanobody) stabilisiert die inaktive Konformation mit verborgener RBD und verhindert so die Bindung [6]. Aprotinin hemmt die Prozessierung des Spike-Proteins durch die Serinprotease TRPSSM und damit die Dissoziation der S1-Domäne [8]. Die anschließende Konformationsänderung der S2-Domäne, die letztlich zur Fusion der Virushülle mit der Zellmembran führt, wird durch ein synthetisches Lipopeptid gehemmt [12].

stämme angepasste Varianten zu generieren, besitzen die Nanobodies unbestrittene verfahrenstechnische Vorzüge gegenüber konventionellen neutralisierenden Antikörpern. Da sie zudem dank geringer Antigenität als gut verträglich gelten, darf man auf die Ergebnisse klinischer Studien gespannt sein.

Hemmung der Prozessierung

Eine zweite therapeutische Option basiert darauf, dass das Spike-Protein nicht nur den Kontakt mit den Zielzellen herstellt, sondern auch maßgeblich an der Membranfusion beteiligt ist, die das virale Erbgut in die infizierte Zelle einschleust. Für diesen Schritt muss die Polypeptidkette des Spike-Proteins zwischen der S1- und S2-Domäne proteolytisch gespalten werden (Abbildung 1, Mitte). Anschließend dissoziiert die S1-Domäne, gefördert durch die Bindung an den ACE2-Rezeptor, von der membranständigen S2-Domäne. Das führt zur kompletten Reorganisation der S2-Domäne, deren langgestreckte Konformation mit der Membran der Zielzelle in Kontakt tritt und die Membranfusion einleitet (Abbildung 1, rechts). Dass die Membranfusion erst nach Proteolyse des viralen Bindungspartners stattfindet, ist auch bei anderen Viren wie dem Grippeerreger bekannt. Die Zielzellen liefern dafür gleich mehrere Proteasen, darunter die Proprotein-Convertase Furin, die bereits während der Reifung neuer Viruspartikel im Golgi-Apparat aktiv ist, sowie die Transmembran-Serinprotease 2 (TMPRSS2) an der Zelloberfläche. Dass dazu noch bakterielle Proteasen aus dem Mikrobiom der Schleimhaut kommen, könnte übrigens gelegentliche Erfolge einer Antibiotikatherapie bei viralen Infekten erklären. Dabei handelt es sich offenbar um einen indirekten Effekt, die Ausschaltung der Produktion bakterieller Proteasen [7].

Die Aktivität aller körpereigenen Proteasen muss sorgfältig reguliert werden, um Gewebeschäden durch überschießende Reaktionen zu ver-

meiden. Normalerweise leisten das körpereigene Proteaseinhibitoren wie alpha1-Antitrypsin, die nebenbei auch einen Beitrag zur Abwehr viraler Infektionen leisten. Die fein austarierte Balance zwischen Proteasen und Inhibitoren kann wiederum durch das SARS-CoV-2-Virus gestört werden, das über bislang unbekannte Mechanismen die Translation und damit den Spiegel der körpereigenen Proteaseinhibitoren senkt – ein typisches Beispiel für das Wettrüsten zwischen Pathogen und Wirt [8].

Die Supplementierung von Proteaseinhibitoren für die Infektionsprophylaxe ist demnach naheliegend, wenngleich es in Anbetracht der Vielfalt der beteiligten Proteasen nicht trivial ist, einen wirksamen Inhibitor zu finden. Zu den interessanten Kandidaten gehören Camostat-Mesylat und Nafamostat-Mesylat [9, 10], zwei synthetische Derivate der Benzoessäure, die zur medikamentösen Behandlung von entzündlichen Reaktionen bzw. Gerinnungsstörungen verwendet werden. Auch der natürliche Trypsininhibitor Aprotinin, ein Polypeptid der Bauchspeicheldrüse, kann im Experiment mit kultivierten Zellen die Vermehrung des SARS-CoV-2-Virus hemmen, vorausgesetzt, er wird rechtzeitig vor der Anheftung des Virus appliziert [8]. Nach erfolgter Membranfusion ist der Inhibitor dagegen unwirksam. Das werteten die Forscher als Beweis, dass Aprotinin einen initialen Schritt der Infektion hemmt und nicht etwa die anschließende intrazelluläre Replikation des Virus. Wegen des breiten Wirkungsspektrums aller Serinproteaseinhibitoren und daraus resultierender Nebenwirkungen, z. B. auf die Blutgerinnung, ist die lokale Applikation auf der Nasenschleimhaut vorteilhaft. Klinische Untersuchungen zum therapeutischen Einsatz von Aprotinin bei COVID-19-Erkrankungen könnten auf Erfahrungen in Russland aufbauen, wo die Substanz bereits als Nasenspray gegen Influenza eingesetzt wird [11].

Verhinderung der Membranfusion

Zu guter Letzt arbeiten Wissenschaftler daran, die Umlagerung der S2-Domäne in die fusionskompetente Konformation zu stören (Abbildung 1, rechts) [12]. Das ermöglicht ein mit Cholesterin konjugiertes synthetisches Lipopeptid, dessen Aminosäuresequenz der so genannten HRC-Region in der Nähe der Transmembrandomäne des Spike-Proteins entspricht. Diese HRC-Region muss für die Ausbildung der langgestreckten Konformation mit einem aminoterminalen Segment, der HRN-Region, in Wechselwirkung treten. Indem das synthetische Peptid noch vor der Ausbildung dieser intramolekularen Wechselwirkung an ein intermediäres Stadium der S2-Domäne bindet, verhindert es die Reifung der fusionskompetenten Konformation. Passend dazu hemmt es im Experiment mit kultivierten Zellen die Vermehrung des SARS-CoV-2-Virus.

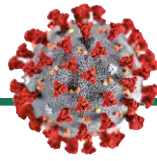
Fazit: Das Spike-Protein des SARS-CoV-2-Virus erweist sich als vielseitige Zielstruktur für pharmakologische Interventionen mit dem Ziel der Prävention oder initialen Therapie von COVID-19.

Literatur

- [1] F. Krammer, *Nature*, 2020, 586, 516–527.
- [2] A. O. Hassan et al., *Cell*, 2020, 183, 169–184.e13.
- [3] <https://www.vfa.de/de/arzneimittelforschung/woran-wir-forschen/impfstoffezum-schutz-vor-coronavirus-2019-ncov>
- [4] A. C. Walls et al., 2020, *Cell* 180, 1–12.
- [5] S. Muyldermans, *FEBS J.*, 2020, <https://doi.org/10.1111/febs.15515>
- [6] M. Schoof et al., *Science*, 2020, 370, 1473–1479.
- [7] E. Böttcher-Friebertshäuser, H. D. Klenk, W. Garten, *Pathog. Dis.*, 2013, 69, 87–100.
- [8] D. Bojkova et al., *Cells*, 2020, 9, 2377
- [9] M. Hoffmann et al., *Cell* 2020, 181, 271–280.
- [10] M. Yamamoto et al., *Viruses*, 2020, 12, 629.
- [11] O. P. Zhirmov, H. D. Klenk, P. F. Wright, *Antiviral Res.*, 2011, 92, 27–36.
- [12] V. K. Outlaw et al., *mBio*, 2020, 11, e01935-20.

Annette Hille-Rehfeld, Stuttgart

IMMUNOLOGIE



Impfstoffe gegen SARS-CoV-2 – eine Übersicht

Selbst verwandte Impfstoffe können auf molekularer Ebene unterschiedlich aufgebaut sein. Anhand aktueller Beispiele soll hier das Design einiger Impfstoffe gegen SARS-CoV-2 vorgestellt werden.

Eine besondere Bedeutung bei der Bekämpfung von SARS-CoV-2 haben mRNA-Impfstoffe. Dabei ähneln sich die Impfstoffe von Curevac (CVn-CoV), BioNTech/Pfizer (BNT162b2) und Moderna (mRNA-1273) sehr stark. Sie enthalten jeweils eine nicht selbst-amplifizierende mRNA, die aus verschiedenen Elementen besteht (Abbildung 1):

- Die mRNAs von Eukaryoten tragen an ihrem 5'-Ende ein 7-Methylguanosin-Triphosphat-Cap (m^7G). Manchmal, wie etwa bei Metazoen, ist zudem die Erste auf das Cap folgende Base methyliert. In diesem Fall spricht man von einer Cap-1-Struktur. Auch die mRNAs der Impfstoffe haben ein solches Cap-1 [1, 2]. Andernfalls würden die Körperzellen Abwehrreaktionen gegen die als fremd erkannte Nukleinsäure einleiten.
- Umrahmt ist die für das Spike-Protein kodierende Sequenz von je einer nicht-translatierten Region am 5'- und am 3'-Ende (5'-UTR und 3'-UTR) [1–3]. Dafür werden Sequenzen ausgewählt, die eine möglichst große Stabilität und Translationseffizienz sicherstellen sollen.
- Der für das Spike-Protein kodierende Bereich wurde von BioNTech und Moderna an den „Dialekt“ des menschlichen genetischen Codes angepasst, um eine besonders effiziente Translation zu ermöglichen [2, 4]. Zugleich führt dies auch zu besonders stabilen mRNAs, die erst spät abgebaut und damit lange translatiert werden. Die Uridinreste der mRNA wurden durch N^1 -Methylpseudouridin ($m^1\Psi$)

ersetzt (Nukleosid-modifizierte RNA, modRNA), da diese keine Abwehrreaktion der Zelle hervorrufen und zudem für eine effiziente Translation sorgen [1, 2, 5]. Der von Curevac entwickelte mRNA-Impfstoff ist ebenfalls Codon-optimiert, enthält aber keine chemisch modifizierten Nukleotide [6].

- Zwei Aminosäuren, ein Lysinrest an der Position 986 und ein Valinrest an der Position 987, die sich an der Grenze zwischen dem Heptadenmuster 1 (HR1) und der Zentralhelix der C-terminalen Untereinheit des Spike-Proteins befinden, wurden bei den Spike-Proteinen der Impfstoffe jeweils durch Prolinreste ersetzt (S-2P): Prolin ist die einzige proteinogene Aminosäure, die eine sekundäre, d. h. in einen heterozyklischen Fünfering eingebettete Aminogruppe besitzt. Dadurch wird die Bewegungsfreiheit der Peptidkette eingeschränkt. Sie erfährt einen obligatorischen „Knick“. In einer α -Helix können sich so für die Stabilität der Helix notwendige Wasserstoffbrücken nicht mehr ausbilden. Prolin wird daher auch als „Helixbrecher“ bezeichnet. Beim Spike-Protein führt dies zur Fixierung in der besonders

immunogenen Präfusionskonformation, da sich bei der Postfusionskonformation das Heptadenmuster und die Zentralhelix zu einer einzigen, langen α -Helix vereinen [1, 2, 6–8].

- Wie bei eukaryotischen mRNAs üblich ist das Startcodon in eine Kozak-Box eingebettet, die es dem Ribosom erlaubt, das Startcodon zu identifizieren [9b].
- Am 3'-Ende der mRNA befindet sich der bei Eukaryoten zur Stabilisierung benötigte PolyA-Schwanz [2, 10].

Nach der Aufnahme in die Zelle wird die mRNA translatiert. Die Spike-Proteine werden dann ebenso wie bei einer Virusinfektion posttranslational mit Zuckerketten modifiziert. Nach einem Verdau durch das Proteasom präsentieren MHC-I-Proteine auf der Oberfläche der Wirtszelle dem Immunsystem Bruchstücke der Spike-Proteine. Dadurch wird die T-Zell-vermittelte Immunreaktion angeregt. Da die Proteine jeweils virale Signalpeptide besitzen, gelangen sie zudem direkt an die Oberfläche der Zelle. Phagozytieren Zellen des Immunsystems Spike-Proteine, so verdauen sie diese durch Proteasen und präsentieren die Bruchstücke anschließend mit MHC-II-Proteinen auf ihrer Oberfläche. Dadurch wird die Antikörperbildung angeregt.

Herstellung der mRNA-Impfstoffe

Die Herstellung der mRNAs erfolgt durch *in vitro*-Transkription von einer cDNA in Gegenwart von N^1 -Methylpseudouridin. Während der PolyA-Schwanz leicht in der

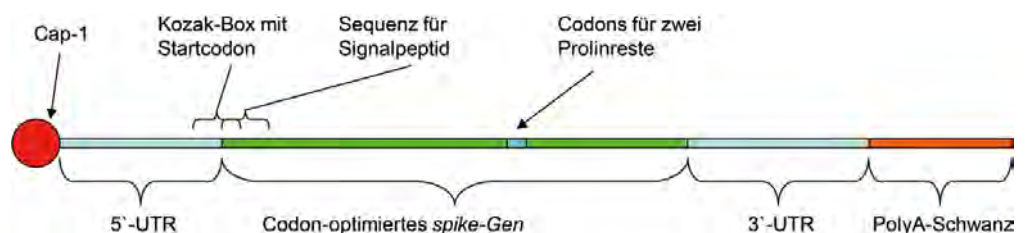


ABB. 1 Schematische Darstellung der für die Impfung eingesetzten mRNA des Spike-Proteins. Die Länge der einzelnen Abschnitte ist nicht maßstabsgetreu.

cDNA kodiert werden kann, muss das 7-Methylguanotin-Triphosphat-Cap separat hinzugefügt werden. Dies geschieht entweder kotranskriptionell unter Verwendung eines Cap-Analogons wie $(m_2^{7,3'-O})$ -Gppp $(m^{2'-O})$ ApG bei BNT162b2 [1] oder posttranskriptionell durch *Capping*-Enzyme wie bei mRNA-1273 [2]. Abschließend erfolgt die Verpackung der fertigen mRNAs in Lipidnanopartikel, um sie vor Ribonukleasen und phagozytierenden Immunzellen zu schützen und ihnen den Zelleintritt zu erleichtern [11].

Die selbstassemblierenden Lipidnanopartikel (LNPs) bestehen aus vier Lipiden, zwei Strukturlipiden zur Stabilisierung (Cholesterin + ein weiteres zwitterionisches Helferlipid, das die Lipide der Zellmembran nachahmt) und zwei funktionellen Lipiden (ein Polyethylenglykolderivat und ein kationisches Lipid). Die kationischen Lipide binden die aufgrund der Phosphatreste negativ geladene RNA und stabilisieren sie so [12]. Das Polyethylenglykol ist entweder direkt oder über ein Linkermolekül an ein mit zwei Fettsäuren verestertes Glycerin (Diglycerid) gebunden. Die Fettsäuren zeigen in das Innere der Partikel und interagieren mit den hydrophoben Schwänzen der kationischen Lipide

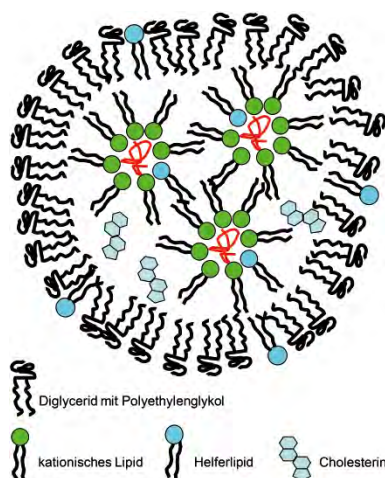


ABB. 2 Schematische Darstellung eines Lipidnanopartikels der mRNA-Impfstoffe. Die mRNA (rot) befindet sich im Inneren der Lipidnanopartikel.

(Abbildung 2). Das Polyethylenglykol, das mit möglichen allergischen Reaktionen in Zusammenhang gebracht wurde, ragt nach außen und ermöglicht so die Bildung einer Hydrathülle, die die Löslichkeit der LNPs erhöht [10]. Lipidnanopartikel neigen bei längerer Lagerung zur Instabilität. Die Impfstoffe müssen daher stark gekühlt werden [13]. Unterschiede in der genauen Zusammensetzung der Partikel können Unterschiede bei der Kühltemperatur bedingen.

Adenovirus-basierte Vektorimpfstoffe

Adenoviren sind – im Gegensatz zu den behüllten Coronaviren mit RNA-Genom – unbehüllte DNA-Viren. Während behüllte Viren ihre Rezeptorbindeproteine, mit denen sie Rezeptoren auf der Oberfläche ihrer Wirtszellen erkennen (bei den Coronaviren sind dies die Spike-Proteine), in der Regel leicht verändern oder austauschen können, tun sich unbehüllte Viren damit schwer, da ihre Rezeptorbindeproteine meist auch Capsidproteine sind. Eine Veränderung dieser Proteine würde das Capsid destabilisieren. Adenoviren umgehen dieses Problem, indem sie Antennen-artig abstehende Fiberproteine auf der Oberfläche ihrer Capside tragen, die ebenfalls leicht ausgetauscht werden können. Damit steht ihnen ein breites Spektrum von Wirtszellen offen, was sie als Vektoren geeignet macht [14]. Die „Antennen“ verleihen den Viren zugleich ein Satelliten-artiges Aussehen, ein Umstand, der zur Benennung des russischen Adenovirus-basierten Impfstoffs Sputnik-V beigetragen haben dürfte.

Bei Vektorimpfstoffen besteht die Möglichkeit, dass der Körper nicht in erster Linie wie gewünscht gegen das Spike-Protein, sondern gegen den Vektor eine Immunreaktion ausbildet. Um zu vermeiden, dass der Körper den Impfstoff sofort bekämpft, werden Schimpansenadenoviren eingesetzt, mit denen unser Immunsystem noch nicht in Kontakt

gekommen ist. Bei der zweiten Impfung (Boosterung) kann es dann aber zu einer Immunreaktion gegen den Vektor kommen. Möglicherweise erklärt dies, warum bei dem Impfstoff von AstraZeneca eine Erstimmunisierung mit einer halben Dosis, gefolgt von einer Boosterung mit einer vollen Dosis bessere Ergebnisse erzielt, als zwei volle Dosen. Der russische Impfstoff Sputnik-V umgeht dieses Problem, indem er zwei verschiedene Adenoviren (rAd26 und rAd5) für Priming und Boosterung verwendet [15].

Bei dem Impfstoff AZD1222 von AstraZeneca handelt es sich um einen Schimpansenadenovirus mit der Stammbezeichnung ChAdOx1, dem ein Codon-optimiertes Spike-Gen eingefügt wurde. Dieses Adenovirus ist durch den Verlust der E1-Gene nicht mehr zur Replikation befähigt. Durch den Verlust der E3-Transkriptionseinheit wurde zudem Platz geschaffen für Fremdgene [16]. Vor das Spike-Gen wurde die *leader*-Sequenz des Gewebespezifischen Plasminogenaktivators (*t-PA-Leader*) geschaltet. Dieser *t-PA-Leader* sorgt für einen besonders effektiven Transport des Spike-Proteins über das endoplasmatische Retikulum und den Golgi-Apparat an die Zelloberfläche und damit für eine effektive Immunantwort [17, 18].

Subunit-Impfstoff von Novavax

Bei dem Impfstoff von Novavax (NVX-CoV2373) handelt es sich um einen Subunit-Impfstoff, d. h. dem Immunsystem werden fertige Spike-Proteine präsentiert [19]. Zunächst wurde ein für Insektenzellen Codon-optimiertes *spike*-Gen erzeugt, das über Baculoviren in Sf9-Zellen des Heerwurmes (*Spodoptera frugiperda*) aus der Familie der Eulenfalter (Noctuidae) eingeschleust wurde. Das Protein wird dann aus diesen Zellen aufgereinigt und assoziiert mit Lipidnanopartikeln gemeinsam mit dem Adjuvans Saponin (Matrix-M) als Impfstoff verabreicht. Das fertige Protein trägt die bereits von den mRNA-Impfstoffen bekannte S-2P-

Mutation. Zusätzlich wurden drei Argininreste (R) an den Positionen 682 bis 685 gegen Glutaminreste (Q) ausgetauscht, so dass sich die Aminosäuresequenz von RRAR zu QQAQ (A = Alanin) verändert. Dies dient dazu, den Verdau des Proteins durch Proteasen zu erschweren, denn an dieser Stelle befindet sich die Schnittstelle für die Protease Furin, die das Spike-Protein durch ihre Aktivität voraktiviert.

Literatur

- [1] U. Sahin et al., medRxiv, 2020, doi.org/10.1101/2020.12.09.20245175
- [2] K. S. Corbett et al., Nature, 2020, 586, 567–571.
- [3] <https://www.gov.uk/government/publications/regulatory-approval-of-pfizer-biontech-vaccine-for-covid-19-summary-public-assessment-report-for-pfizerbiontech-covid-19-vaccine>
- [4] <https://www.pfizer.com/news/press-release/press-release-detail/pfizer-and-biontech-share-positive-early-data-lead-mrna>
- [5] Y. V. Svitkin et al., Nucleic Acids Res., 2017, 45, 6023–6036.
- [6] S. Rauch et al., BioRxiv, 2020, doi.org/10.1101/2020.10.23.351775
- [7] E. E. Walsh et al. medRxiv, 2020, doi.org/10.1101/2020.08.17.20176651
- [8] L. A. Jackson et al., N. Eng. J. Med., 2020, 383, 1920–1931.
- [9] S. Xu et al., Int. J. Mol. Sci., 2020, 21, 6582.
- [10] https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/944544/COVID-19_mRNA_Vaccine_BNT162b2_UKPAR_PFIZER_BIONTECH__15Dec2020.pdf
- [11] V. Zykla-Menhorn, Deutsches Ärzteblatt, 2020, <https://cdn.aerzteblatt.de/pdf/118/1/a20.pdf?ts=21%2E12%2E2020+12%3A49%3A41>

- [12] Editorial, Nature Nanotechnol., 2020, 15, 963.
- [13] R. L. Ball et al., Int. J. Nanomedicine, 2016, 12, 305–315.
- [14] A. Sharma et al., Virus Res., 2009, 143, 184–194.
- [15] <https://www.aerzteblatt.de/nachrichten/118731/Impfstoffe-Warum-Sputnik-V-eine-hoehere-Effektivitaet-gegen-SARS-CoV-2-erzielen-koennte-als-AZD1222>
- [16] R. D. Antrobus et al., Molecular Therapy, 2014, 22, 668–674.
- [17] Y. Kou et al., Immunology Letters, 2017, 190, 51–57.
- [18] N. K. Alharbi et al., Vaccine, 2017, 35, 3780–3788.
- [19] C. Keech et al., New Eng. J. Med., 2020, 383, 24.

Johannes Sander, Halver

EVOLUTION

Sympatrische Arten und Ökotypen bei Strandschnecken

Unter welchen Bedingungen spaltet eine Art in zwei neue Arten auf? Das fragte sich schon Charles Darwin vor 160 Jahren. Diese Kernfrage der Evolution bleibt aktuell, denn Veränderungen in der Biodiversität lassen sich nur erfassen, wenn wir eine Art als solche identifizieren können und außerdem verstehen, was sie von nahe verwandten Arten im gleichen Lebensraum abgrenzt. Geeignete Modelltiere sind Strandschnecken (Familie Littorinidae), die mit mehreren Arten und Ökotypen die Gezeitenzonen der Meeresküsten besiedeln.

An den atlantischen Meeresküsten lässt sich jeder Gezeitenzone eine charakteristische Strandschneckenart (*Littorina spp.*) zuordnen. Ein horniger Deckel (Operculum) verschließt ihre Schneckenhausöffnung, so dass sie bei erniedrigter Stoffwechselrate auch kurze Trockenzeiten überstehen. Oberhalb der Hochwasserlinie in der sogenannten Schwarzen Zone beweidet die Raue Strandschnecke den schwarzen Aufwuchs aus Flechten und Cyanobakterien [1]. Sie ist ein Rekordhalter der besonderen „Art“: Gibt man ihren Artnamen *Littorina saxatilis* im „World register of marine species“ (WoRMS) ein, erhält man 148 verschiedene Eintragungen

als Art oder Unterart. Das liegt an einer erstaunlichen Vielfalt ihres Schneckenhauses in Farbe, Form und Struktur (Abbildung 1). Es handelt sich aber überwiegend nicht um verschiedene Arten, sondern um Varianten mit Übergangsformen, die inzwischen weitgehend synonymisiert sind.

Benachbarte Ökotypen

Der ausgeprägte Polymorphismus von *Littorina saxatilis* lässt sich auf kleinräumig wirksame Selektion in den Mikrohabitaten der Küste zurückführen: Gegen den Zugriff hungriger Seevögel hilft eine zum Untergrund passende Schalenfarbe. Wellenexponierte Standorte begünstigen kleine Schneckenhäuser mit großer Öffnung, die sich gut an den felsigen Untergrund heften können.



ABB. 1 Polymorphismen von *Littorina saxatilis* in einer historischen Darstellung. Quelle: Dautenberg & Fischer, 1912, aus World register of marine species WoRMS, www.marinespecies.org/index.php

tigen kleine Schneckenhäuser mit großer Öffnung, die sich gut an den felsigen Untergrund heften können.

Bei Störungen ziehen sich solche Schnecken nur langsam zurück (wave-ecotype) [2]. An geschützten Standorten müssen sich die Schnecken mit Prädatoren wie den Krabben auseinandersetzen. Diese versuchen das Schneckenfleisch mit ihren Zangen heraus zu pulen, so dass hier eine enge Schneckenhausöffnung, eine große, kräftige Form und der schnelle Rückzug in das Haus einen Selektionsvorteil darstellen (crab-ecotype). Strandschnecken bewegen sich allenfalls ein paar Meter von ihrem Ursprungsort fort, schon in kurzer Distanz können die Umweltbedingungen für sie ungünstig sein. Austauschexperimente von Ökotyp und Lebensraum zeigen, dass vor allem die ausgewachsenen Schnecken im fremden Lebensraum sehr schnell selektiert werden [2]. Das sind eigentlich ideale Bedingungen für eine räumliche Isolation (Separation) und letztlich für eine Art-aufspaltung.

Verschiedene Faktoren verhindern diese Art-aufspaltung, also die Entstehung von Reproduktionsbarrieren zwischen den Ökotypen von *Littorina saxatilis*. Strandschnecken sind getrenntgeschlechtlich mit innerer Befruchtung. Bei den meisten *Littorina*-Arten schlüpfen aus den Eiern planktonische Veligerlarven. Anders bei *Littorina saxatilis*, hier entwickeln sich die Eier direkt in der Mantelhöhle des Weibchens. So wer-

den sie behütet, bis Jungschnecken schlüpfen und das mütterliche Schneckenhaus verlassen (Abbildung 2). *Littorina saxatilis* ist also lebendgebärend mit Brutfürsorge – ein entscheidender Vorteil in einem wechselhaften Lebensraum zwischen Meer und Land. Männliche Schnecken bevorzugen große Weibchen mit einer entsprechend ausgedehnten Bruthöhle. Bei überlappendem Lebensraum (und im Labor) paaren sich die äußerlich so unterschiedlichen Ökotypen und bekommen fruchtbaren Nachwuchs. Dieser heterozygote Nachwuchs ist in den Übergangszonen sogar lebensfähiger als die Eltern. So werden die Ökotypen immer wieder genetisch gemischt. Die Weibchen ihrerseits paaren sich mit mehreren Männchen, so dass ihre Brut eine relativ große Genvielfalt aufweist. Sollte doch einmal eine Schnecke an einen anderen Küstenplatz gespült werden, entsteht hier sofort eine vielfältige Gründerpopulation, oft mit Gendrift zu neuen Merkmalshäufigkeiten [2].

Sympatrische Arten

Erst genauere Beobachtungen zeigten, dass es doch eine reproduktiv getrennte sympatrische Art zu *Littorina saxatilis* gibt, die *Heimliche Strandschnecke* (*Littorina arcana*). Nach Schneckenhausmerkmalen lassen sich die beiden Arten nicht unterscheiden, die Variationsbreite

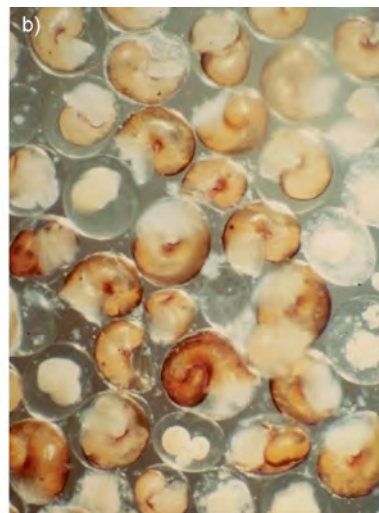
der Ökotypen ist vergleichbar. Unterschiede gibt es aber im Fortpflanzungsverhalten: *L. arcana* legt die befruchteten Eier auf dem Untergrund ab, sie entwickeln sich direkt ohne Veligerlarve, aber nicht im Schutz der Mantelhöhle wie bei *L. saxatilis*. Durch die Brutfürsorge ist *L. saxatilis* anders als *L. arcana* ganzjährig fortpflanzungsfähig. *L. saxatilis* gilt als abgeleitete Form und hat ein ausgedehnteres atlantisches Artareal. Genomanalysen zeigen, dass die eierlegenden und brütenden Strandschnecken eng verwandt, aber genetisch voneinander getrennt sind. Unter ihnen gibt es so gut wie keinen wechselseitigen Genfluss. Das lässt auf starke reproduktive Barrieren schließen, die zwischen den Ökotypen fehlen. Nachgewiesene Chromosomeninversionen können bei einer präzygotischen Isolation eine Rolle gespielt haben, aber auch das Timing von Paarung und Eiablage in der Gezeitenzone. Vermutlich leitete eine vorübergehende geografische Isolation die Art-aufspaltung ein. Sie reichte aus, weitere (noch zu entdeckende) Reproduktionsbarrieren zu entwickeln und an anderen Küsten eine genetische Durchmischung bei Koexistenz zu verhindern. Die erdgeschichtlich junge Schärenlandschaft Schwedens könnte der Ausgangspunkt sein, von dem aus *L. saxatilis* ihr Artareal vergrößerte und *L. arcana* teilweise verdrängte [3].

Literatur

- [1] I. Kronberg, Heat production in *Littorina saxatilis* Olivi and *Littorina neritoides* L. (Gastropoda: Prosobranchia) during an experimental exposure to air. *Helgoländer Meeresunters.*, 1990, 44, 125–134.
- [2] K. Johannesson, What can be learnt from a snail? *Evolutionary Applications* 2015, open access ISSN 1752–4571, <https://doi.org/10.1111/eva.12277>
- [3] S. Stankowski et al., The evolution of strong reproductive isolation between sympatric intertidal snails. *Phil. Trans. R. Soc. B* 2020, 375, 20190545. <https://doi.org/10.1098/rstb.2019.0545>

Inge Kronberg, Büsum

ABB. 2 *Littorina saxatilis*. a) Brut in der Mantelhöhle des Weibchens (Schneckenhaus entfernt). b) Unterschiedliche Stadien in der direkten Entwicklung der befruchteten Eier. Fotos: Inge Kronberg.



EXKURSION

Auf den Spuren großer Naturforscher

Paris, die Hauptstadt der Französischen Republik, Sitz des Staatspräsidenten, der Regierung und der beiden Kammern des französischen Parlaments mit über zwei Millionen Einwohnern hat nicht nur für Kunstinteressierte kulturhistorisch einiges zu bieten, sondern eignet sich auch für eine Exkursion mit biologischem bzw. naturhistorischem Hintergrund. Von den zahlreichen Entdeckungsmöglichkeiten seien nachfolgend zwei Beispiele herausgegriffen, die einen „Kurztrip“ an die Seine bei jeder Witterung zu einem Naturerlebnis machen können.



ABB. 1 Der ursprünglich als Heilkräutergarten angelegte „Jardin des Plantes“ wurde unter der Leitung des Botanikers Georges Buffon zu einem prachtvollen Park erweitert.

Auch Könige sind vor gesundheitlichen Beeinträchtigungen nicht sicher. Um die von König Ludwig XIII (1601–1643) zu lindern, legten seine Leibärzte einen Heilkräutergarten an – den „Jardin des Plantes“. Unter der Leitung des Botanikers Georges Buffon (1707 bis 1788) wurde der ab 1640 für die Öffentlichkeit zugängliche Garten zu einem prachtvollen Park erweitert (Abbildung 1). Die im Jahr 1794 errichtete Menagerie wurde zum Grundstock des bis heute bestehenden Zoos. In der Menagerie konnten die Bürger während der Französischen Revolution erstmals exotische Tiere bestaunen, die vom Versailler Königshof hierher gebracht worden waren. Später entstanden weitere Großstierhäuser, Volieren und Gewächshäuser mit markanter Stahl- und Glasarchitek-

tur, wurden Alpen- und Rosengärten angelegt und seltene Pflanzen angesiedelt. Der älteste noch zu bestaunende „Bewohner“ des Botanischen Gartens ist eine Robinie (oder Falsche Akazie). Sie wurde den Angaben zu Folge bereits 1636 gepflanzt. Von Jean Robin (1550–1629), dem Hofgärtner von Heinrich IV. und Ludwig XIII. aus Virginia nach Paris gebracht hat sich die fremdländische Baumart und beliebte Bienenweide seitdem über den gesamten Kontinent ausgebreitet. Der Botaniker Bernard de Jussieu (1699–1777) soll schließlich der Legende nach im Jahr 1734 zwei Setzlinge der berühmten Libanonzeder, die noch heute im Botanischen Garten zu bewundern ist, in seinem Hut von England nach Paris geschmuggelt haben.

Das Nationalmuseum als zentrale Forschungsinstitution

Ebenfalls auf dem Gelände des Jardin des Plantes befindet sich der Hauptsitz des Nationalmuseums für Naturkunde (Abbildung 2), dessen Gründungsdirektor im Jahr 1793 der Mineraloge Louis Jean-Marie Daubenton wurde. Das auch als Forschungsinstitution dienende Museum verfügt über zahlreiche Filialen innerhalb und außerhalb von Paris und zählt heute weltweit zu den größten seiner Art. Die „Galerie de Minéralogie, de Géologie et de Paléobotanique“ birgt mehr als 600.000 seltene Mineralien und Meteoriten, die „Galerie de Paléontologie et d’Anatomie comparée“ über eine Million Skelette.

Ein besonderer Anziehungspunkt – nicht nur für Kinder – ist die im Jahr 1889 von Jules André errichtete „Galerie d’Évolution“, in deren Zentrum ein langer Zug präparierter Tiere die Entwicklungsgeschichte der Lebewesen visualisiert (Abbildung 3). In der „Galerie der Entwicklungsgeschichte“ des Naturkundemuseums hat sich eine von Antilopen und Elefanten, Löwen, Nashörnern, Zebras und vielen weiteren Tieren gebildete Karawane auf den Weg gemacht. Gemeinsam sind sie offenbar unterwegs zur „Arche Noah“. Im Prinzip könnte das symbolisch für das Selbstverständnis der gesamten Einrichtung hinter den historischen Mauern der Millionenmetropole stehen: Zusammen mit den übrigen Sammlungen der heutigen Generation wollen sie eine „Arche des Wissens und der Wissenschaft“ sein.

Seevögel in der Stadt

Zwar gibt es am Seineufer der französischen Hauptstadt inzwischen einen Sandstrand, doch ob die Möwen, die sich seit Jahrzehnten sogar als Brutvögel in der Metropole eingestellt haben, dafür den Anstoß gaben, darf bezweifelt werden. Sicher ist jedoch: Paris liegt definitiv nicht am Meer und dennoch ist in Parks und Gärten vor allem mit Was-



ABB. 2 Auf dem Gelände des Jardin des Plantes befindet sich der Hauptsitz des Nationalmuseums für Naturkunde.

serflächen allenthalben das schrille Geschrei der Seevögel zu hören. Und wer nach den Urhebern Ausschau hält, wird recht bald erkennen, dass sich diese um die offenen Hände von Touristen, Spaziergängern und fürsorglichen Tierfreunden scharen und dort lautstark um den einen oder anderen bequem erreichbaren, fetten Brot- oder Brötchenhappen streiten (Abbildung 4).

Doch während sich so mancher Tagesbesucher über die unmittelbare Begegnung mit den Gefiederten als Botschafter rauher See und schroffer Meeresküsten freut, empfinden Anwohner die Tiere oft als Dauerbelästigung. Und auch der Gastronomie sind sie, wenn die Freiluftsaison beginnt, eher ein Dorn im Auge. Experten des Zentrums für Ornithologie in Paris mahnen je-



ABB. 4 Etwa 50 Lachmöwenpaare leben dauerhaft in Paris und lassen sich von den Touristen füttern.

doch dazu, die Kirche im Dorf zu lassen. In Küstenstädten wie Le Havre oder Trouville seien die Betroffenen diesbezüglich ganz anderen Herausforderungen ausgesetzt. Zwar gebe es seit rund 30 Jahren eine Kolonie mit inzwischen etwa 50 Möwenpaaren, durch ein regelmäßiges, kontinuierliches Monitoring der Avifauna sei jedoch bekannt, dass diese in den letzten Jahren nicht merklich angewachsen sei, der Möwenbestand also nicht zugenommen habe. Regelmäßig zu beobachten und vor allem während der Brutzeit im Frühjahr und Sommer auch entsprechend lautstark unterwegs seien die Vögel im Park von Buttes-Chaumont im Nordosten von Paris oder auch im Bois de Boulogne oder den Tuileries, wo es mehr oder weniger große Wasserflächen gibt. Und dort sind sie dann auch nicht die einzigen, die die unmittelbare Begegnung mit dem Menschen suchen und sich schon mal die eine oder andere Brotkrume unter den Schnabel reißen.

Weitere Informationen

www.mnhn.fr
www.lpo-idf.fr

*Wilhelm Irsch,
 Reblingen-Siersburg*



ABB. 3 Ein besonderer Anziehungspunkt – nicht nur für Kinder – ist die im Jahr 1889 von Jules André errichtete „Galerie d’Évolution“, in deren Zentrum ein langer Zug präparierter Tiere die Entwicklungsgeschichte der Lebewesen visualisiert.

DIE LABORSEITE

Die Oberflächenplasmonenresonanzspektroskopie

Biochemiker forschen daran, chemische Reaktionen in biologischen Systemen aufzuklären. Dafür ist es sehr wichtig, die Bindungskinetiken und -affinitäten verschiedener biologischer Moleküle zu verstehen. Ein äußerst cleveres Verfahren beruht auf einer Aneinanderreihung physikalischer Prozesse an Grenzflächen. Die Oberflächenplasmonenresonanzspektroskopie, kurz SPR-Spektroskopie (von engl. surface plasmon resonance) als Methode zur Interaktionsanalyse zwischen Biomolekülen mittels quantenphysikalischer Oberflächenphänomene soll hier im Folgenden vorgestellt werden.

Oberflächenplasmonen sind Elektronenschwingungen, welche sich parallel zu einer metallischen Oberfläche ausbreiten. Dabei ragen sie in Form von sogenannten evaneszenten Wellen in das umgebende Medium. Das heißt, dass sie exponentiell mit dem Abstand zur Oberfläche abklingen (lat. evanescere, „dahinschwinden“), während sie sich parallel dazu weiter ausbreiten [1].

Totalreflexion und Resonanz

Wenn Licht auf eine Grenzfläche zwischen zwei Medien mit unterschiedlichen Brechungsindizes fällt, dringt ein Teil des Lichts gebrochen in das zweite Medium ein, während der andere Teil des Lichts reflektiert wird. Wird der Winkel des auftretenden Lichts flacher, kommt es – abhängig von den Brechungsindizes der Medien – bei einem bestimmten Winkel zur Totalreflexion: (Fast) das gesamte Licht wird also reflektiert. Licht, welches durch ein Prisma auf eine Metalloberfläche unter einem Winkel der Totalreflexion trifft, dringt als elektromagnetische Welle – exponentiell abfallend – ins Metall ein. Das eindringende elektrische Feld des Lichts kann mit den Leitungselektronen des Metalls koppeln, diese also zur Schwingung anregen. Für den Fall, dass der zur Oberfläche parallele Teil des Felds mit dem der Elektronen übereinstimmt, kommt es zur Resonanz, der sogenannten Oberflächenplasmonenresonanz. Vereinfacht kann

also festgehalten werden, dass nur Licht, das unter einem ganz bestimmten Winkel auf eine Metalloberfläche trifft, die Bedingungen erfüllt, unter denen eine Resonanz der Elektronenschwingung eintritt. Unter dieser Bedingung kommt es zu einem scharfen Intensitätsminimum, einer Art „Schatten“ im reflektierten Licht, da ein Teil der Lichtenergie dafür aufgewendet wurde, die Elektronenschwingung anzuregen. Ein Detektor misst, in welchem Winkel das Intensitätsminimum des reflektierten Lichts auftritt (Abbildung 1).

Interaktionsanalyse

Wie zuvor erwähnt, hängt der Winkel der Totalreflexion von den Brechungsindizes der Medien ab. Der Brechungsindex eines Mediums ändert sich, wenn die Masse in der Umgebung verändert wird. Damit ist das Puzzle der SPR-Spektroskopie vollständig. In der Praxis werden Moleküle auf der Goldoberfläche eines Sensorchips gekoppelt. Darüber befindet sich das Prisma, welches angestrahlt wird. Ein Detektor misst winkelabhängig die Intensität des reflektierten Lichts und gibt an, bei welchem Winkel das Intensitätsminimum auftritt. Wenn nun zum Beispiel Antikörper auf dem Chip gebunden sind, tritt das Intensitätsminimum in einem definierten Winkel auf. Durch eine Flusszelle können jetzt verschiedene Antigene im Pufferfluss an den Antikörpern vorbeigeleitet werden. Wenn ein passendes Antigen an die Antikörper bindet, kann die Bindung in Echtzeit detektiert werden: Durch die Massenzunahme an der Chipoberfläche ändert sich der Brechungsindex und mit ihm die Resonanzbedingungen. Folglich tritt das Intensitätsminimum

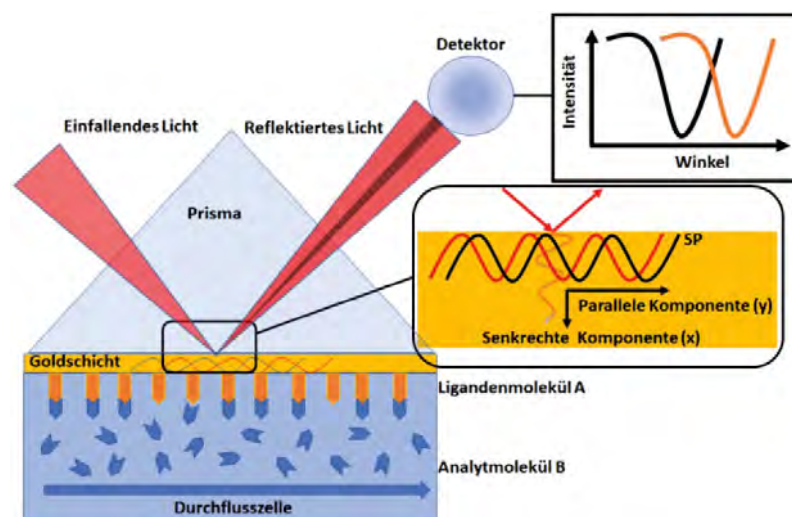


ABB. 1 Licht trifft auf die Grenzfläche zwischen dem Prisma und der Goldschicht. Ein Teil des Lichts dringt als evaneszente Welle in die Metallschicht und induziert SPR. Der Detektor misst die winkelaufgelöste Intensität des reflektierten Lichts. Das Intensitätsminimum liegt genau bei dem Winkel, bei welchem es zur SPR kommt (schwarze Kurve). In der Flusszelle unter der Goldschicht sind Ligandenmoleküle A befestigt. Binden interagierende Analytmoleküle B daran, ändert sich der Winkel, bei welchem es zum Intensitätsminimum kommt (orangene Kurve).

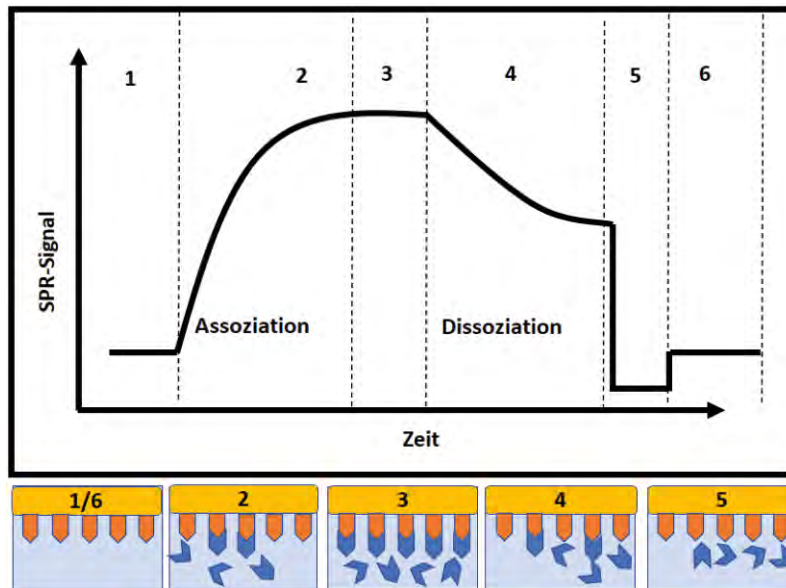


ABB. 2 Abgebildet ist ein typischer Verlauf eines Sensorgramms, in welchem das SPR-Signal gegen die Zeit aufgetragen ist. In Phase 1 liegen nur Ligandenmoleküle (orange) an die Sensoroberfläche gebunden vor. In Phase 2 wird ein Puffer mit den Analytmolekülen B (blau) durchgespült. In diesem Abschnitt des Sensorgramms kann die Assoziation von Ligand und Analyt verfolgt werden. In Phase 3 ist das Gleichgewicht eingetreten, in dem genauso viele Analytmoleküle B an die Liganden A binden wie zeitgleich aus dem Komplex AB dissoziieren – das SPR-Signal bleibt konstant. In Phase 4 wird mit reinem Puffer gespült; die Kurve gibt Aufschluss über die Dissoziation (Zerfall des Komplexes zwischen A und B). Um wieder den Ausgangszustand 6/1 herzustellen, wird mit einem Regenerationspuffer gespült, welcher alle verbleibenden Bindungen zwischen den Molekülen A und B löst.

bei einem anderen Winkel des reflektierten Lichts auf. Die Winkelverschiebung kann in ein sogenanntes Sensorgramm übersetzt werden, indem das SPR-Signal gegen die Zeit aufgetragen wird (Abbildung 2). Die Methode ist äußerst sensitiv und eignet sich somit zur Interaktionsanalyse einzelner Biomoleküle.

Anwendungen

Die hohe Sensivität der SPR-Spektroskopie erlaubt die Untersuchung vieler biologischer Interaktionen wie Protein-Protein-, Protein-Nukleotid- und Protein-DNA-Interaktionen, aber auch der Interaktion zwischen Proteinen und niedermolekularen Verbindungen (engl. small molecules).

Neben den Antikörper-Antigen-Interaktionen lassen sich also viele weitere biologische relevante Systeme studieren. In der pharmazeutischen Industrie wird die SPR-Spektroskopie daher als eine der Schlüsselmethoden zur Identifizierung und Charakterisierung neuer Wirkstoffe eingesetzt. Auch in der Grundlagenforschung gilt die SPR-Spektroskopie als Goldstandard der Interaktionsanalyse. So wird in der Abteilung Biochemie der Universität Kassel mit Hilfe der SPR-Spektroskopie beispielsweise intensiv an der Enzymfamilie der Proteinkinasen, ihren Aktivatoren, Inhibitoren und anderen Interaktionspartnern geforscht [2–4]. Auf diese Weise können

Informationen über die Affinitäten und die zugrundeliegenden Reaktionsgeschwindigkeiten gewonnen werden. Des Weiteren kann untersucht werden, inwieweit andere Moleküle, z. B. Cofaktoren wie Adenosintriphosphat (ATP), einen Einfluss auf die Stabilität und die Geschwindigkeit einer Bindung ausüben.

Ausblick

Die Technik der SPR-Spektroskopie ist ein sehr genaues und breit anwendbares Instrument, um vielerlei Interaktionen zu untersuchen. Es ist davon auszugehen, dass in den nächsten Jahren eine Vielzahl an Interaktionsanalysen verschiedenster Stoffe folgen werden, welche weitreichende Erkenntnisse über die Funktion biochemischer Systeme versprechen.

Literatur

- [1] R. B. M. Schasfoort, A. J. Tudos (Eds.), Handbook of Surface Plasmon Resonance, The Royal Society of Chemistry, Cambridge, UK, 2008, <https://doi.org/10.1039/9781847558220>
- [2] M. J. Knappe et al., Molecular basis for Ser/Thr specificity in PKA signaling. *Cells*, 2020, 9, 1548. <https://doi.org/10.3390/cells9061548>
- [3] J. T. Manschwet et al., A stapled peptide mimic of the pseudosubstrate inhibitor PKI inhibits protein kinase A. *Molecules*, 2019, 24, 1567. <https://doi.org/10.3390/molecules2408156>
- [4] J. A. Byun et al., Mechanism of allosteric inhibition in the Plasmodium falciparum cGMP-dependent protein kinase. *Journal of Biological Chemistry*, 2020, 295, 8480–8491. <https://doi.org/10.1074/jbc.RA120.013070>

Der Artikel ist mit freundlicher Unterstützung der Abteilung Biochemie an der Universität Kassel entstanden.

*Nico Kubetschek, Bachelorstudent
Nanostrukturwissenschaften an der
Universität Kassel,
Mitglied bei Science Bridge e.V.*

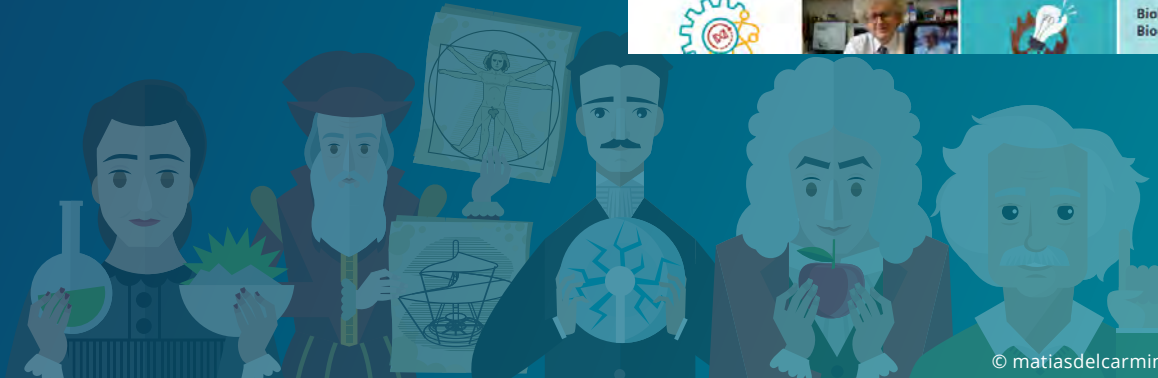
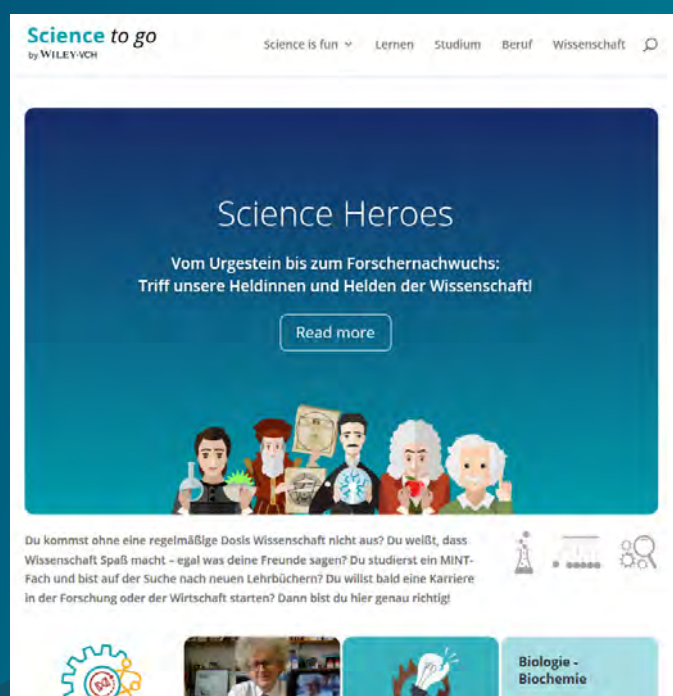
Science to go

by WILEY-VCH

Das neue Portal für Studierende der MINT-Fächer

Science to go ist das neue Online-Magazin von Wiley-VCH, das sich an Studierende, Berufseinsteiger und Interessierte der MINT-Fächer richtet

- **Science is fun:** überraschende Fakten, Experimente, Artikel und Videos aus der Welt der Wissenschaft
- **Science Heroes:** Interviews und Porträts
- **Weekly Dose of Science:** jede Woche ein neues spannendes Thema
- Praxisthemen zu Studium, Promotion und Berufseinstieg
- Tipps und Berichte von Studierenden für Studierende
- exklusive Leseproben aus den Wiley-VCH-Lehr- und Fachbüchern



© matiasdelcarmine/adobestock



WILEY-VCH Newsletter:

www.wiley-vch.de/de/newsletter/wiley-vch-alerting-service

WILEY-VCH • Postfach 10 11 61 • D-69451 Weinheim

Fax: +49 (0) 62 01 - 60 61 84 | e-Mail: service@wiley-vch.de • <http://www.wiley-vch.de>

science-to-go.com

WILEY-VCH

WILEY

Die biophysikalischen Leitplanken für nachhaltige Entwicklung

Wie der Mensch das System Erde verändert

HANNES PETRISCHAK

Das rapide Wachstum der Weltbevölkerung und vor allem das Wirtschaftswachstum mit hohem Ressourcen- und Flächenverbrauch sowie der damit einhergehenden zunehmenden Belastung und Zerstörung der Ökosysteme führen uns aktuell mehr denn je die Begrenztheit unseres Planeten (Abbildung 1) vor Augen. Unsere Konsum- und Produktionsmuster bewirken tagtäglich milliardenfache Eingriffe in das System Erde, und zwar oft an Orten, die von unserem Alltag scheinbar weit entfernt sind. Wir verändern damit unseren Planeten – mit gravierenden Auswirkungen auf die Lebensgrundlagen der heute und in Zukunft lebenden Menschen.

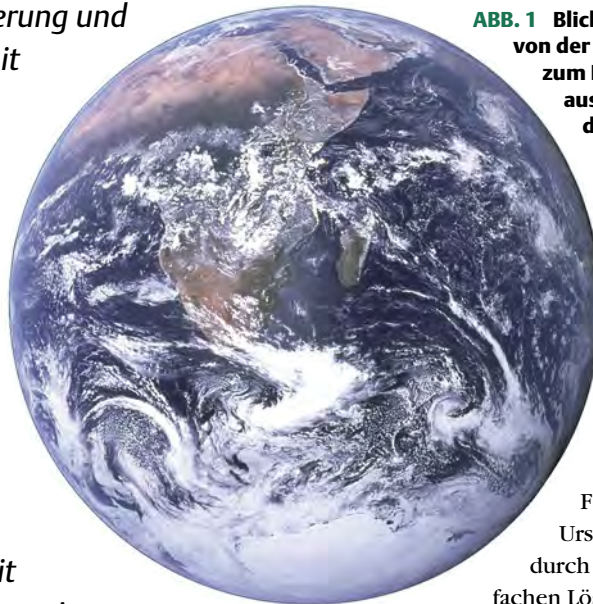


ABB. 1 Blick auf die Erde, aufgenommen von der Apollo-17-Crew auf dem Weg zum Mond am 7.12.1972. Der Blick aus den Apollo-Raumschiffen auf die Erde hat die frühe Umweltbewegung der 1970er Jahre maßgeblich beeinflusst und das Engagement vieler Menschen für den Erhalt der Lebensgrundlagen auf unserem Planeten angetrieben. Foto: NASA.

Die Erde als System

Die starke Vernetzung hat zur Folge, dass es kein einfaches Ursache-Wirkungs-Prinzip gibt. Dadurch entzieht sich das Problem einfachen Lösungen: Wenn man glaubt, den richtigen Hebel gefunden zu haben, treten meist neue, unerwünschte Nebenwirkungen auf. Nachhaltige Entwicklung setzt daher in besonderer Weise vorausschauendes und vernetztes Denken und Handeln voraus. Dabei gilt es, vor allem die folgenden Eigenschaften komplexer Systeme im Blick zu behalten [2]:

- Starke, nicht lineare Interaktionen, die bewirken, dass ein Input nicht immer zu einem proportionalen Output führt: Kleine Ursachen können große Wirkungen erzielen. Im Laufe der Zeit können Stauungen, Sättigungen oder Beschleunigungen auftreten, so dass die Wirkung nicht immer gleich bleibt.
- Positive Rückkopplungen können die Wirkung einer Handlung durch die Rückwirkung, die sie auslöst, weiter steigern.
- Zeitliche und räumliche Verzögerungen sind besonders tückisch, da Folgen unseres Handelns erst spät erkannt werden und Gegenmaßnahmen erst mit starker Verzögerung greifen.
- Bestimmte Prozesse können schlagartig ein verändertes Verhalten des Systems nach sich ziehen, wenn eine gewisse Grenze überschritten wurde. Ein System kann

Wir müssen uns mit den Funktionsweisen des Systems Erde auseinandersetzen, um die Auswirkungen unseres Handelns wirklich einordnen und damit die richtigen Ansatzpunkte für die Transformation in Richtung Nachhaltigkeit finden zu können. Die komplexen Verknüpfungen der Komponenten im System Erde sorgen dafür, dass Eingriffe in das System nicht nur Veränderungen in einem bestimmten Teilaspekt zur Folge haben, sondern dass es immer Wechselwirkungen mit anderen Teilen des Systems gibt: Klimawandel, Verlust biologischer Vielfalt, Wassermangel, Bodendegradation und die Anreicherung von Schadstoffen sind Umweltveränderungen, die sich gegenseitig zum Teil erheblich verstärken, so dass die Gesamtwirkung globaler Umweltveränderungen größer ist als die Summe der Einzelwirkungen [1].

dann zusammenbrechen oder in einen anderen Zustand wechseln und seine ursprünglichen Funktionen nicht mehr aufrechterhalten. Manchmal scheint das System vor Erreichen des Schwellenwerts nicht auf die treibende Kraft zu reagieren, die letztlich zur abrupten Veränderung führt. Dadurch können gravierende, irreversible Veränderungen plötzlich und unvorhergesehen auftreten.

Prototypisches Beispiel eines komplexen Systems ist übrigens die lebende Zelle, in der all diese beschriebenen Effekte in vielfältiger Form auftreten. Die Gefahr bei den hier genannten Prozessen liegt darin, dass das System Erde einen neuen Zustand einnimmt, der auch für menschliche Gesellschaften existenzbedrohend sein kann. Aus einem systemischen Verständnis heraus ergibt sich unmittelbar ein zentraler Grundsatz nachhaltiger Entwicklung, nämlich das Handeln nach dem Vorsorgeprinzip. Zudem können wir nicht davon ausgehen, dass die Menschheit bereits alle wesentlichen Prozesse und Parameter kennt.

Planetare Grenzen

Im Jahr 2009 veröffentlichten Johan Rockström und 27 weitere Autoren das Konzept der „*Planetary Boundaries*“ [3]. Dieser Studie liegt die Erkenntnis zugrunde, dass die menschliche Zivilisation sich während der letzten 10.000 Jahre unter relativ stabilen Rahmenbedingungen entwickeln konnte, zumal die anthropogenen Änderungen relativ klein und die Pufferkapazitäten sehr groß waren. Die derzeitigen Aktivitäten der Menschheit beeinflussen das System Erde jedoch so massiv, dass dadurch irreversible und in einigen Fällen sehr plötzliche Veränderungen ausgelöst werden können, die erhebliche Verschlechterungen der (Über-)Lebensbedingungen für große Teile der Menschheit bedeuten würden. Basierend auf den Erkenntnissen der Erdsystemforschung skizziert das Autorenteam neun Bereiche im System Erde, bei denen das Überschreiten bestimmter Schwellenwerte solche gravierenden Veränderungen der Umweltbedingungen nach sich zöge:

- Klimawandel
- Ozeanversauerung
- Ozonabbau in der Stratosphäre
- biogeochemische Stoffflüsse (Stickstoff- und Phosphorkreislauf)
- globaler Süßwasserverbrauch
- Wandel der Landnutzung
- Biodiversitätsverlust
- Aerosolgehalt in der Atmosphäre
- Belastung mit Chemikalien.

Um einen „sicheren Handlungsraum für die Menschheit“ (*safe operating space for humanity*) festzulegen, wurden bestimmte Indikatoren identifiziert, deren Werte sicher unterhalb gefährlicher Schwellenwerte liegen sollten. Solche Indikatoren sind unter anderem der CO₂-Gehalt in der Atmosphäre (Klimawandel) oder die Aussterberate von

Arten (Biodiversitätsverlust). Die planetaren Grenzen sind zwar auf einzelne Prozesse mit entsprechenden Indikatoren bezogen, aber trotzdem miteinander verbunden: Wenn eine Sicherheitsgrenze überschritten ist, geraten andere Erdsystemprozesse unter verstärkten Druck. So kann die Vernichtung des Amazonas-Regenwaldes die Wasserressourcen in Tibet beeinflussen. Anthropogene Veränderungen in einem Teilsystem haben aufgrund der vielfältigen Wechselbeziehungen (beispielsweise zwischen Biodiversität, Landnutzung und Klimawandel) also sehr oft auch negativen Einfluss auf andere Bereiche. In drei Bereichen wurde bereits die Überschreitung des „sicheren Handlungsraums“ durch die Menschheit festgestellt: Der fortschreitende Klimawandel, die Vernichtung von Biodiversität und der massive Stickstoffeintrag gefährden eindeutig wesentliche Erdsystemfunktionen.

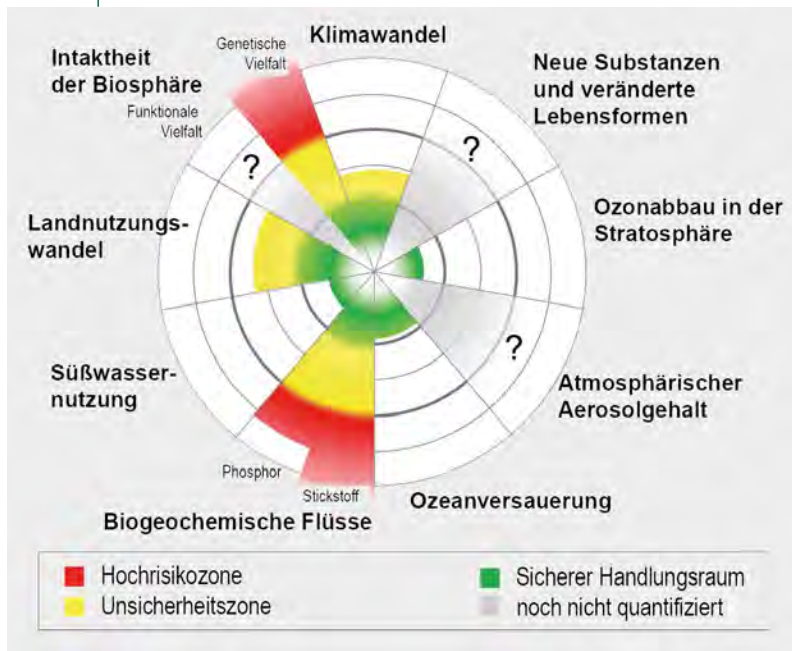
Im Januar 2015 legte ein 18-köpfiges Autorenteam um Will Steffen eine Aktualisierung des Konzepts vor [4]. Die Autoren zeigen hierin auf, dass auch die Summe kleinräumiger Veränderungen (beispielsweise in der Landnutzung) dazu führen kann, dass sich der globale Zustand verändert. Regionale Veränderungen können die Resilienz – gemeint ist hier das Erhalten der seit Jahrtausenden bestehenden lebensfreundlichen Bedingungen für die Menschheit – des Systems Erde im Zusammenspiel mit anderen Prozessen wie dem Klimawandel erheblich schwächen, etwa wenn dadurch CO₂-Senken verloren gehen oder Ökosysteme durch Artenverluste geschwächt werden. Daraus folgt außerdem, dass man bereits unterhalb des globalen Maßstabs Sicherheitsgrenzen definieren muss, die nicht überschritten werden sollten, weil bestimmte Regionen bedeutsam für die Aufrechterhaltung von Erdsystemfunktionen sind. Vorrangig werden genannt:

- die Intaktheit der Biosphäre in großen Land-, Meeres- und Süßwasserökosystemen

IN KÜRZE

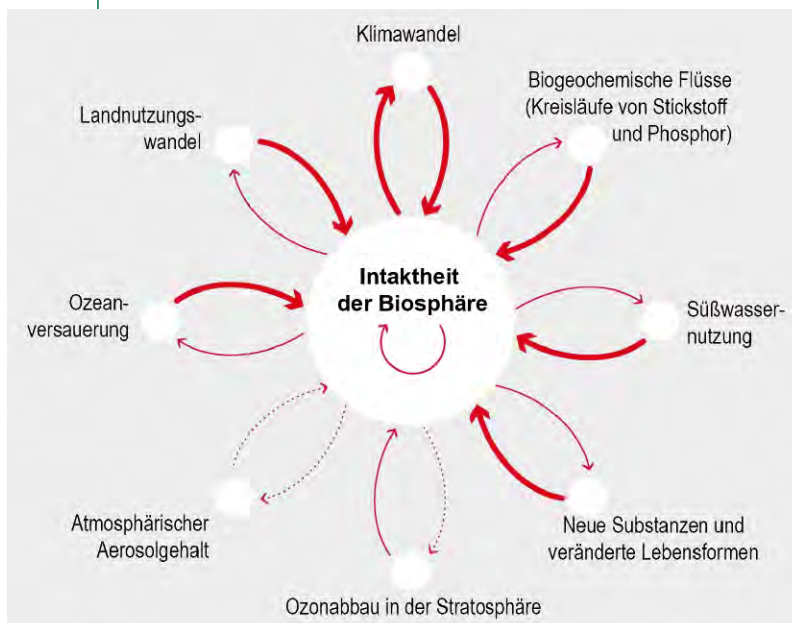
- Die Komplexität des Systems Erde bewirkt, dass durch den Menschen ausgelöste Umweltveränderungen durch zahlreiche Wechselwirkungen, Rückkopplungen, zeitliche Verzögerungen und Schwellenwerte oft **unerwünschte und teilweise nicht vorhersehbare Auswirkungen** haben.
- Das **Konzept der planetaren Grenzen** veranschaulicht, dass die Menschheit durch den Verlust von Biodiversität, den Klimawandel sowie die Umgestaltung der Nährstoffkreisläufe und der Landnutzung einen sicheren Handlungsraum bereits verlassen hat.
- Zahlreiche Kippelemente können bei weiterer Temperaturerhöhung **selbstverstärkende Prozesse auslösen**, die unweigerlich zu einer Forcierung des Klimawandels führen.
- Die gegenwärtige Vernichtung von Arten, Populationen und Lebensräumen verläuft auf dem Pfad des **sechsten Massenaussterbens der Erdgeschichte** und schwächt die Funktionalität der Ökosysteme erheblich.
- Nachhaltige Entwicklung im Sinne der Sicherung der Lebensgrundlagen für die Menschheit bedingt **vorsorgendes und vorausschauendes Denken und Handeln** und ist nur innerhalb der biophysikalischen Leitplanken des Systems Erde möglich.

ABB. 2 | DIE PLANETAREN GRENZEN NACH STEFFEN ET AL. (2015)



Auf den sicheren Handlungsraum (grün, innen) folgen außen die Unsicherheitszone (gelb) und schließlich die Hochrisikozone (rot). Die Sicherheitsgrenze wird durch den dickeren Kreis innen markiert. Grau gekennzeichnet sind diejenigen Prozesse, für die globale Sicherheitsgrenzen noch nicht quantitativ definiert werden können. Abb. aus [4].

ABB. 3 | INTERAKTIONEN ZWISCHEN DER VERÄNDERUNG DER BIOSPHÄRENINTAKTHEIT UND DEN ANDEREN ERDSYSTEM-PROZESSEN



In allen Fällen zeigen die Pfeile positive Rückkopplungen an, d. h. jeder Prozess, der aus dem Sicherheitsbereich gelangt, treibt auch andere Prozesse in Richtung Risikobereich. Dicke Pfeile stehen für starke, unmittelbare Effekte, dünne Pfeile für schwächere Wechselwirkungen und gestrichelte Pfeile für schwache oder unsichere und komplexe Effekte. Quelle: [4], Supplementary Materials.

- Veränderungen der Landnutzung in waldreichen Großregionen
- Süßwassernutzung in den Hauptflusssystemen der Erde
- Eingriffe in Phosphor- und Stickstoffkreisläufe insbesondere in den landwirtschaftlich intensiv genutzten Gebieten.

Die planetaren Grenzen werden folgendermaßen dargestellt: Sie umschließen den Sicherheitsbereich (*safe operating space*), innerhalb dessen das Risiko für bedrohliche Veränderungen als vertretbar angesehen wird (Abbildung 2). Außerhalb dieser Grenzen folgt ein Unsicherheitsbereich, der durch die Begrenztheit des derzeitigen Wissensstandes und die Unwägbarkeiten der Systemprozesse und ihrer Wechselwirkungen gekennzeichnet ist. In diesem Bereich wächst also das Risiko, dass wichtige Erdsystemfunktionen untergraben werden. Weiter außen liegt die Hochrisikozone, die unverantwortliches Handeln widerspiegelt und bei deren Erreichen mit hoher Wahrscheinlichkeit kritische Schwellenwerte irreversibel überschritten sind. Das Ergebnis zeigt, dass die Menschheit sich in vier Bereichen bereits außerhalb des sicheren Handlungsraums bewegt: Klimawandel und Landnutzung finden in der Unsicherheitszone statt, die Vernichtung von Biodiversität und die Änderung der Stickstoff- und Phosphorkreisläufe bewegen sich deutlich in der Hochrisikozone (Abbildung 2).

Am Beispiel der Ozeanversauerung sei hier die Anwendung von Indikatoren für die Einschätzung der aktuellen Situation der Erdsystemprozesse erläutert: Etwa ein Viertel der anthropogenen CO_2 -Emissionen wird von den Ozeanen aufgenommen und verändert die Chemie des Ozeanwassers. Durch die verstärkte Bildung von Kohlensäure verringert sich der pH-Wert des oberflächennahen Wassers. Die Konzentration freier H^+ -Ionen im oberflächennahen Ozeanwasser ist in den vergangenen 200 Jahren um 30 Prozent gestiegen. In der Folge löst sich Aragonit, Baumaterial für Schalen und Skelette vieler mariner Organismen, zunehmend im Ozeanwasser. Der Aragonit-Sättigungsgrad sollte 80 Prozent gegenüber dem vorindustriellen Wert nicht unterschreiten. Zum Zeitpunkt der Analyse lag er bei 84 Prozent. Bei Einhalten der Sicherheitsgrenze für den Klimawandel (350 ppm CO_2) bliebe die Ozeanversauerung innerhalb des Sicherheitsbereiches. Bei steigenden CO_2 -Konzentrationen gerät die Ozeanversauerung jedoch ebenso wie der Klimawandel schnell deutlich in den Hochrisikobereich. Hier ist anzumerken, dass die atmosphärische CO_2 -Konzentration inzwischen über 410 ppm liegt. Die Folge ist eine erhebliche Verschlechterung der Lebensbedingungen für zahlreiche Meeresorganismen (unter anderem Plankton und Korallen) mit drastischen Auswirkungen auf die Strukturen mariner Ökosysteme. Alle Erdsystemprozesse sind integrierte Teile eines komplexen Systems mit wechselseitigen Beeinflussungen (Abbildung 3). Diese Wechselwirkungen systematisch und quantitativ zu erfassen, entzieht sich weitge-

hend dem aktuellen Forschungsstand, aber das Erdsystem agiert in einem klar definierten Status, innerhalb dessen die Prozesse und ihre Wechselwirkungen verstärkende oder schwächende Rückkopplungen auslösen. Deshalb müssen für eine nachhaltige Entwicklung stets verschiedene interagierende Umweltprozesse gemeinsam betrachtet werden.

Kippelemente

In einem System bezeichnet der Begriff „Kippunkt“ eine kritische Grenze, an der eine kleine Störung den Zustand des Systems gravierend verändern kann. Auch im System Erde gibt es Kippelemente, also wesentliche Komponenten des Systems (Subsysteme von überregionaler Größe), die Kippunkte aufweisen, deren Überschreiten eine qualitative Veränderung nach sich zieht [5]. Dies hat oft Auswirkungen auf das Gesamtsystem bzw. auf die Lebensbedingungen großer Teile der Menschheit. Menschliche Eingriffe in das System können selbstverstärkende Prozesse auslösen, die oft zu einem sprunghaften, unumkehrbaren Überschreiten eines Kippunktes führen. Eine ausführliche Darstellung dieser „Achillesfersen im Erdsystem“ findet sich auf der Internetseite des Potsdam-Instituts für Klimafolgenforschung (PIK) [6].

Schmelzende Eismassen liefern ein Paradebeispiel für einen positiven Rückkopplungseffekt: Das leuchtend weiße Eis hat eine kühlende Rückstrahlwirkung, während die dunkleren Oberflächen des frei werdenden Gesteins oder des Meeres mehr Sonnenwärme aufnehmen und dadurch das weitere Abtauen des Eises beschleunigen. Dieser Me-

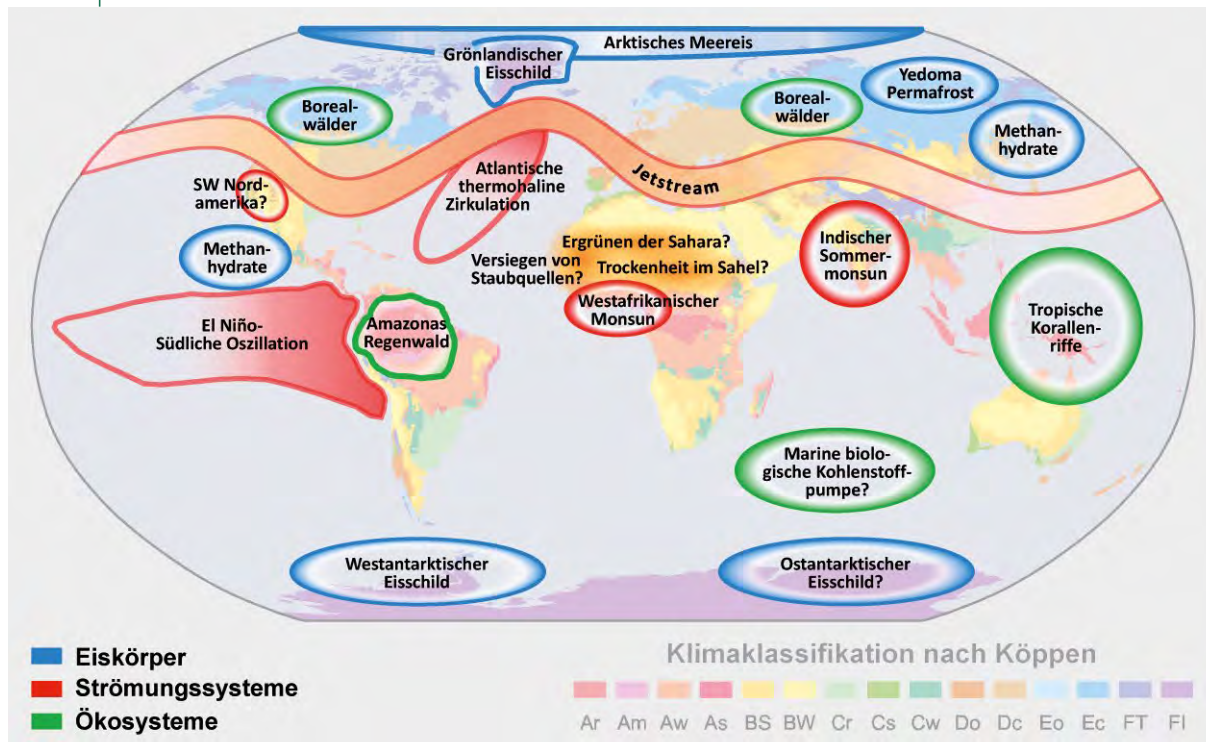
chanismus wird als Eis-Albedo-Rückkopplung beschrieben. Am Beispiel des Verlustes des Grönlandeises lässt sich die Wirkung von Kippelementen verdeutlichen: Der Eisverlust in Grönland hat durch ins Meer fließende Gletscher und verstärktes Abschmelzen im Sommer stark zugenommen. Der stellenweise drei Kilometer starke Eisschild verliert an Höhe, und seine Oberfläche gerät in niedrigere, wärmere Luftschichten. Das verstärkt das Abschmelzen, das letztlich einen Meeresspiegelanstieg von sieben Metern verursachen kann [6]. Zu den wichtigsten Kippelementen im System Erde (Abbildung 4) zählen:

- Schmelzen des arktischen Meereises
- Verlust des Grönlandeises
- Auftauen von Dauerfrostböden (mit Freisetzung von Methan und CO₂)
- Methanausgasung aus den Ozeanen
- Abschwächung der „Atlantischen Thermohalinen Zirkulation“
- Destabilisierung des indischen Monsuns
- Störung des El Niño-Phänomens
- Umwandlung des Amazonas-Regenwaldes
- Abschwächung der marinen Kohlenstoffpumpe
- Zerstörung von Korallenriffen.

Das Anthropozän

Zu Beginn unseres noch jungen Jahrtausends kam ein Begriff in die Welt, der bereits eine beeindruckende Karriere hinter sich hat: Das Anthropozän. Er macht in neuer Dimension sehr nachdenklich über den Einfluss des Menschen auf den Planeten Erde und die damit verbundenen

ABB. 4 | KIPPELEMENTE IM ERDSYSTEM



Die wichtigsten Kippelemente im Erdsystem lassen sich in drei Klassen einteilen: schmelzende Eiskörper, sich verändernde Strömungssysteme von Ozeanen und Atmosphäre und bedrohte, überregional bedeutende Ökosysteme. Quelle: PIK [6].

Folgen, wird von Vertretern unterschiedlicher Wissenschaftsdisziplinen äußerst kontrovers diskutiert und ist dabei auch zum Leitthema ganzer Tagungen und sogar großer Kunstprojekte geworden. Das Anthropozän umschreibt eine neue erdgeschichtliche Epoche, das Zeitalter des Menschen. Bislang wird die gegenwärtige Epoche – die rund 12.000 Jahre seit dem Ende der jüngsten Eiszeit – als Holozän bezeichnet. Aus der Erkenntnis heraus, dass mittlerweile der Mensch die stärkste gestaltende Kraft im System Erde ist, verhalf der niederländische Meteorologe und Chemie-Nobelpreisträger Paul J. Crutzen dem Konzept des „Anthropozän“ zum Durchbruch. Crutzen zählt in seiner sehr häufig zitierten kurzen Vorstellung des Anthropozänkonzepts aus dem Jahr 2002 eine Auswahl von Belegen für die gravierenden Veränderungen des Systems Erde durch den Menschen auf [7], unter anderem:

- 30–50 Prozent der Landfläche sind von der Menschheit umgestaltet worden.
- Die tropischen Regenwälder und mit ihnen unzählige Arten werden rasant vernichtet, was zum Anstieg des CO₂-Gehalts in der Atmosphäre beiträgt.
- Flusssysteme werden unter anderem durch Staudämme umgestaltet, und mehr als die Hälfte des verfügbaren Süßwassers wird genutzt.
- Durch Düngemittel wird in der Landwirtschaft mehr Stickstoff eingebracht, als natürlicherweise in allen terrestrischen Ökosystemen fixiert wird.
- Die Verbrennung von fossilen Energieträgern und die Landwirtschaft haben zu einer gravierenden Zunahme der Konzentrationen von Treibhausgasen in der Atmosphäre geführt: Der Kohlendioxidgehalt ist (zum Zeitpunkt der Veröffentlichung) um 30 Prozent und der Methangehalt um mehr als 100 Prozent gestiegen. Damit sind alle Werte der letzten 400.000 Jahre nachweislich übertroffen, und die Konzentrationen steigen weiter an.

Die Umgestaltung der Landfläche der Erde, die Veränderung der Atmosphäre und die Eingriffe in die Ozeane beschleunigen sich mit der wachsenden Zahl der Menschen und mit der wachsenden Ressourcenintensität ihres Lebensstils. Seit dem Ende des 18. Jahrhunderts lässt sich in der Luft, die im polaren Eis eingeschlossen ist, ein globaler Anstieg der Treibhausgase belegen. So könnte man diesen Zeitpunkt als Beginn des Anthropozäns festlegen. Waters et al. (2016) stellen eine Reihe von Belegen dafür zusammen, dass die Menschheit mit zunehmender Geschwindigkeit die Erde verändert, und zwar mit signifikanten Auswirkungen auf langfristige geologische Prozesse [8]. Entscheidend für die Beurteilung, ob eine neue geologische Epoche nach dem Holozän begonnen hat, ist die stratigraphische Nachweisbarkeit in Sedimenten und im Eis mit deutlichen Unterschieden zum Holozän. Zu den anthropogenen Ablagerungen zählen „Technofossilien“ wie elementares Aluminium, Beton oder Plastik. Weltweit sind außerdem verschiedenartige Kohlenstoffpartikel (Flug-

asche) als Folgeprodukte der Verbrennung fossiler Energieträger verteilt. Außerdem sind starke anthropogene Sedimentflüsse zu registrieren, etwa durch Erosion in Folge von Entwaldung. Geochemisch ist die Anreicherung polyaromatischer Kohlenwasserstoffe (z. B. PCB) und von Pestizidrückständen belegbar, aber auch von Industriemetallen und Seltenen Erden. Auch die Verdoppelung des Eintrags von Stickstoff und Phosphor im zurückliegenden Jahrhundert lässt sich in Seesedimenten und im grönländischen Eis nachweisen. Die Atomwaffentests in der 2. Hälfte des 20. Jahrhunderts haben ebenfalls ihre Spuren (Radionuklide) hinterlassen. Die Erderwärmung in Höhe von knapp 1 °C seit 1900 überschreitet die Bandbreite des Holozäns während der letzten 14.000 Jahre; ähnlich verhält es sich mit dem Anstieg des Meeresspiegels um durchschnittlich rund 3,2 mm pro Jahr. Seit dem Jahr 1500 liegen die Aussterberaten von Arten deutlich über den natürlichen „Hintergrundraten“, ab dem 19. Jahrhundert stiegen sie weiter deutlich an; außerdem ist der weltweite Austausch von Arten durch entsprechende biologische Invasionen und die Nutztierhaltung ohne Vorbild in der Erdgeschichte. Waters et al. (2016) verzeichnen unübersehbare geologische Auswirkungen der menschlichen Einflüsse in vielen Bereichen seit Mitte des 20. Jahrhunderts. Sie lassen hier mit der „Großen Beschleunigung“ das eigentliche Anthropozän beginnen, allerdings mit Vorläufern in der Ausbreitung von Landwirtschaft und Entwaldungen, dem Austausch von Arten seit der Entdeckung Amerikas und der Industriellen Revolution seit etwa 1800.

Die Große Beschleunigung

Die „Große Beschleunigung“ setzte unmittelbar nach dem Zweiten Weltkrieg etwa um das Jahr 1950 herum ein [9]. Statistiken zu den unterschiedlichsten Themenfeldern belegen eindrucksvoll die rapide Vervielfachung der wirtschaftlichen Aktivitäten und des Konsums – zum Beispiel steigen der Papierverbrauch, der internationale Tourismus oder der Wasserverbrauch seither exponentiell an, zunächst ganz wesentlich getrieben durch die wirtschaftlichen Aktivitäten in den westlichen Industrieländern. Parallel dazu lassen sich die Veränderungen im System Erde belegen. So zeigen die Konzentrationen der Treibhausgase CO₂, Lachgas und Methan, die Überfischung der Meere oder der Verlust tropischer Wälder ähnliche „Wachstumsraten“.

Alle sozialen und wirtschaftlichen Prozesse sind mit anderen Teilen des Erdsystems wie dem Klima und den Ozeanen gekoppelt. Insofern kann man im globalen Maßstab durchaus von einem sozial-ökologisch-geophysikalischen System sprechen. Die Konsequenz daraus lautet, dass sich im globalen Maßstab die sozialen und ökonomischen Prozesse – die sich unter anderem im globalisierten Handel, in der Finanzwelt und in der weltweiten Kommunikation manifestieren – signifikant auf andere Teile des Systems wie die Atmosphäre und die Biosphäre auswirken. Daraus lässt sich unmittelbar die Erkenntnis ableiten,

dass die Lebensgrundlagen für zukünftige Generationen auf der Erde nur erhalten bleiben können, wenn die Menschheit sich aktiv und verantwortungsbewusst dafür einsetzt [9].

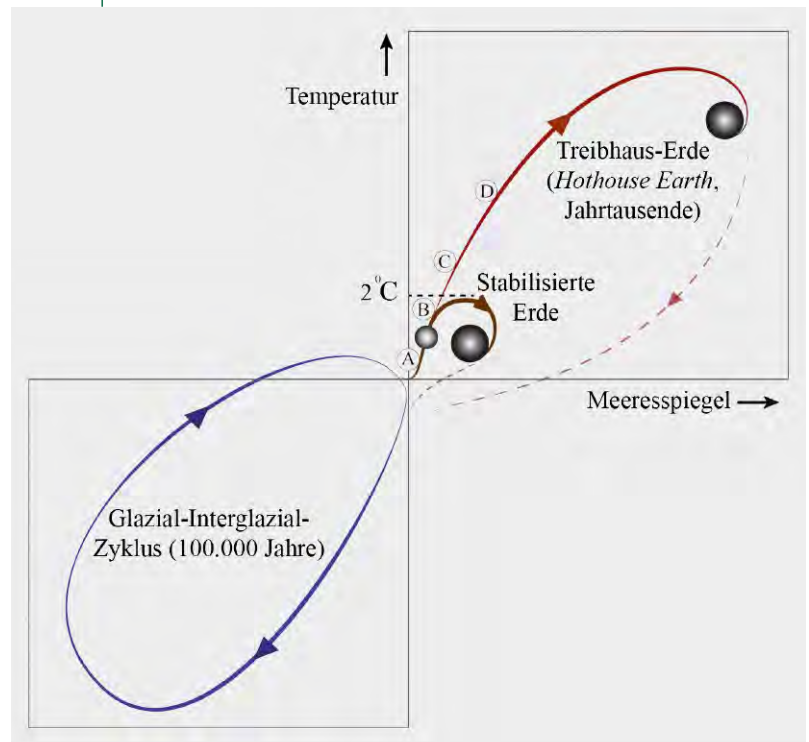
Negative Megatrends: Klimawandel und Biodiversitätsverluste

Es ist von größter Bedeutung, dass die globale Erwärmung gestoppt wird, weil sie – bezogen auf die Zeiträume, die für die Zukunft der nachfolgenden Generationen von Bedeutung sind – irreversibel ist. Für mindestens 1.000 Jahre bleibt eine einmal erreichte Temperaturerhöhung nahezu unverändert bestehen, selbst wenn keine weiteren CO₂-Emissionen mehr erfolgen [10].

Ein in ferne Zukunft reichender Prozess, der durch den Temperaturanstieg ausgelöst wird, ist die Erhöhung des Meeresspiegels. Die Ergebnisse der Berechnungen verschiedener Wissenschaftlerteams ergeben, dass ein Meeresspiegelanstieg von deutlich über einem Meter bis zum Jahr 2100 wahrscheinlich ist. Mit diesem Wert kalkulieren inzwischen Küstenschützer. Danach wird sich der Anstieg jedoch unausweichlich fortsetzen, denn die Wärme dringt nur sehr langsam von der Oberfläche der Ozeane in die Tiefsee vor. Die dadurch bedingte Ausdehnung des Meerwassers ist neben dem Abschmelzen des Festlandeseis ein wesentlicher Faktor zur Erhöhung des Meeresspiegels [11].

Im Jahr 2018 sorgte mitten im außergewöhnlich heißen mitteleuropäischen Sommer eine Publikation zum Risiko einer nahenden „Heißzeit“ für die Erde für große öffentliche Aufmerksamkeit [12]. Darin wird beschrieben, dass die Erde sich bezogen auf die Temperatur im Holozän eigentlich am oberen Rand eines geschlossenen Zyklus befindet (Punkt A in Abbildung 5), der den regelmäßigen Wechsel von Eiszeiten und Zwischeneiszeiten beschreibt und sich jeweils über 100.000 Jahre erstreckt. Im Anthropozän verlässt die Erde nun sehr zügig den Temperaturrahmen, innerhalb dessen dieser Zyklus abläuft, und bewegt sich auf neue, deutlich heißere klimatische Bedingungen mit einer völlig veränderten Biosphäre zu. Mit der aktuellen Temperaturerhöhung von rund 1 Grad nähern wir uns den wärmsten Verhältnissen, die jemals in den Zwischeneiszeiten der vergangenen 1,2 Millionen Jahre erreicht wurden. Da auf dem weiteren Pfad gleichzeitig zahlreiche biogeophysikalische Rückkopplungsprozesse greifen, die durch die menschengemachte Veränderung der Biosphäre noch verstärkt werden, ist zu befürchten, dass ab einem bestimmten Punkt diese Rückkopplungen zu einem dominierenden Faktor werden und die Erde beschleunigt in eine Jahrtausende währende „Heißzeit“ („Hothouse Earth“) treiben (Abbildung 5). Der Schwellenwert für eine solche Entwicklung wird bei einer Temperaturerhöhung von 2 Grad Celsius (möglicherweise auch schon darunter!) angenommen. Treiber dieser Entwicklung sind die bereits beschriebenen Kippelemente, die durch den Temperaturanstieg aktiviert werden können,

ABB. 5 | MÖGLICHE ZUKUNFTSPFADE DES IRDISCHEN KLIMAS



Links unten ist der typische Zyklus von Eiszeiten und Zwischeneiszeiten skizziert. Die x-Achse liegt auf Höhe der vorindustriellen globalen Durchschnittstemperatur, die kleine Kugel repräsentiert die aktuelle Position der Erde auf ihrem Pfad in eine Heißzeit – oder die Stabilisierung durch umsichtiges Handeln der Menschheit bei Nicht-Überschreiten kritischer Schwellenwerte (Kippunkte). Abb. aus [12].

was zu weiterer Erwärmung führen und dominoartig weitere Kippelemente aktivieren kann („Tipping Cascades“). Die Autoren setzen dieser Entwicklung die wünschenswertere Zukunft einer stabilisierten Erde entgegen, in der die Menschheit sich als integraler Bestandteil des Erdsystems begreift und stabilisierenden Einfluss auf das Klimageschehen nimmt – Reduktion von Treibhausgasemissionen, Schutz und Förderung biologischer Kohlestoffsinken, technologische und gesellschaftliche Innovationen, Anpassungen an den nicht mehr vermeidbaren Klimawandel sind Stichworte [12].

Niemand kann genau sagen, wie viele Arten wir zurzeit verlieren – geschätzt werden bis zu 150 pro Tag. Das im Jahr 2019 erschienene „Globale Assessment“ des Weltbiodiversitätsrats IPBES stellt fest, dass innerhalb der kommenden Jahrzehnte 25 Prozent der Spezies in den analysierten Tier- und Pflanzengruppen, insgesamt etwa eine Million Arten, unmittelbar vom Aussterben bedroht sind [13]. Um die globalen Ausmaße des Artenschwunds zu gewichten, wird zum Vergleich oft die natürliche Aussterberate herangezogen. Das Ergebnis ist davon abhängig, von wie vielen existierenden Arten und von welcher Zahl an aussterbenden Arten man ausgeht. Die aktuelle Aussterberate übertrifft die natürliche Rate mindestens um den



ABB. 6 Der Riesenalk (*Pinguinus impennis*), ein 85 cm großer, flugunfähiger Seevogel, war einst im Nordatlantik weit verbreitet. Schon seit Mitte des 19. Jahrhunderts ist er ausgerottet – und heute nur noch im Museum zu betrachten, wie hier im Landesmuseum Hannover. Foto: H. Petrischak.

Faktor 100 bis 1.000 [14]. Damit verbunden ist die Einschätzung vieler Wissenschaftler, dass wir kurz vor oder bereits in dem sechsten großen Massenaussterben der Erdgeschichte stehen. Die fünf bisherigen Massenaussterben ereigneten sich am Ende der Erdzeitalter Ordovizium, Devon, Perm, Trias und Kreide, zuletzt also am Übergang der Kreide zum Tertiär vor rund 65 Millionen Jahren. Gewaltige Meteoriteneinschläge und gravierende Veränderungen des Klimas waren jeweils die Ursachen. Die Definition für ein Massenaussterben lautet, dass mindestens 75 Prozent aller Arten innerhalb von höchstens zwei Millionen Jahren aussterben. Dieser Wert ist zwar bei den bis jetzt untersuchten Tiergruppen noch nicht erreicht. Das kann aber in wenigen Jahrhunderten bereits der Fall sein, denn die Aussterberate ist heute bereits höher als bei den fünf erdgeschichtlichen Ereignissen [15].

Aussterbeereignisse sind irreversibel (Abbildung 6). Die menschlichen Eingriffe entscheiden aber nicht nur über die Existenz einzelner Arten, sondern sind für die Zukunft des Lebens auf dem Planeten viel umfassender: Die Voraussetzungen für die weitere biologische Evolution auf der Erde werden massiv verändert. Weil nicht nur Arten, sondern darüber hinaus in großem Umfang Populationen mit ihren entsprechenden Genpools aussterben und großflächige Lebensräume (Regenwälder, Korallenriffe, Feuchtgebiete) verloren gehen, werden Evolutionszentren wie die Tropen möglicherweise nicht mehr dieselbe Rolle wie nach früheren Massenaussterben übernehmen können. Bleibt der Einfluss des Menschen auch über geologisch längere Zeiträume bestehen, wären beispielsweise Artbildungsprozesse bei größeren Säugetieren gar nicht mehr vorstellbar. Außerdem werden nur solche Arten stark gefördert, die sich an vom Menschen geprägte Lebensräume anpassen können. Eine erwartbare Erholung und Reorganisation der Lebensvielfalt hat nach früheren

Massenaussterben meist rund fünf Millionen Jahre in Anspruch genommen [16]. Auf der Analyse von Populationstrends auf regionaler und globaler Ebene beruht der Living Planet Index (LPI). In die Untersuchungen im Living Planet Report 2020 des WWF sind Berechnungen aus 20.811 Populationstrends von 4.392 Wirbeltierarten eingeflossen. Ergebnis: Von 1970 bis 2016 zeigt der globale LPI einen kontinuierlichen Rückgang um 68 Prozent, in Süßwassersystemen sogar um 84 Prozent [17].

Veränderung der Stoffkreisläufe: Beispiel Stickstoff

Durch menschliche Aktivitäten werden die globalen Stoffkreisläufe in jüngster Zeit gravierend verändert. Besonders massiv ist dies beim Stickstoff der Fall. Die menschlichen Eingriffe in den Stickstoffkreislauf sind vielfältig, unter anderem sind folgende Faktoren von besonderer Bedeutung:

- Vor allem bei der Verbrennung fossiler Energieträger in Kraftwerken und Motoren entstehen als Nebenprodukte Stickoxide (hauptsächlich aus dem Luftstickstoff).
- Mit der Entwicklung des Haber-Bosch-Verfahrens zu Beginn des 20. Jahrhunderts konnte Stickstoff großtechnisch auf chemischem Wege fixiert werden. Damit konnten nun große Mengen an Kunstdünger hergestellt werden, was die landwirtschaftliche Produktion auf den zuvor stark ausgelaugten Böden erheblich erleichtert und der „Grünen Revolution“ mit ihren ertragreichen Getreidesorten den Weg geebnet hat.
- Auch das großflächige Anpflanzen von Nutzpflanzen wie Sojabohnen, die als Leguminosen eine effiziente Symbiose mit N-fixierenden Bakterien eingehen, trägt zur Stickstofffixierung in großem Maßstab bei.

Das hat neben den Vorteilen für die Produktion von Nahrungsmitteln auch unerwünschte Folgen:

- Stickoxide sind an der Bildung von gesundheitsschädlichem Ozon in der unteren Atmosphäre beteiligt und verursachen sauren Regen.
- Ein großer Teil des chemisch oder biologisch fixierten Stickstoffs wird aus den Böden ausgewaschen und führt zur Eutrophierung von Seen, Flüssen und Küstengewässern.
- Ein Teil des Stickstoffs findet seinen Weg im Lachgas (N_2O) zurück in die Atmosphäre – ein hoch wirksames Treibhausgas, das zudem in der Stratosphäre an der Zerstörung von Ozon beteiligt ist.
- Vor allem in unseren Breiten hat eine massive Überdüngung zum Rückgang artenreicher Lebensräume geführt. Der Überschuss an Stickstoff beträgt im deutschlandweiten Durchschnitt aktuell rund 90 Kilogramm pro Hektar und Jahr.

Die Dimensionen der Veränderungen im Stickstoffkreislauf werden durch entsprechende Zahlen aus dem 2005 erschienenen Millennium Ecosystem Assessment deutlich:

Vorindustriell betrug der globale Stickstofffluss aus der Atmosphäre in Land- und Wasserökosysteme 90–140 Millionen Tonnen Stickstoff pro Jahr, was durch einen entsprechenden Rückfluss aufgrund der Denitrifizierung ausgeglichen wurde. Diesem Wert fügen wir jährlich rund 210 Millionen Tonnen Stickstoff hinzu, davon allein 120 Millionen Tonnen durch Kunstdünger und den Anbau von Pflanzen, die durch Symbiose mit N-fixierenden Bakterien effizient Luftstickstoff festlegen [18].

Zusammenfassung

Alle Erkenntnisse über das System Erde zeigen deutlich auf, dass die Menschheit so massiv in die Prozesse des Systems eingreift, dass sich die Rahmenbedingungen für die Zukunft – allerdings schon heute spürbar – deutlich verschlechtern. Die Ergebnisse der unterschiedlichen Konzepte weisen übereinstimmend in die gleiche Richtung: Mehrere Sicherheitsgrenzen sind überschritten. Stoffkreisläufe werden im globalen Maßstab umgestaltet. Die Menschheit ist mit sich weiter beschleunigender Wirkung zur stärksten gestaltenden Kraft auf der Erde geworden. Mit dem Klimawandel und der Vernichtung von Biodiversität sind irreversible Prozesse eingeleitet, und die Funktionalität von Ökosystemen wird zunehmend eingeschränkt. Eine nachhaltige Entwicklung, die nicht zuletzt die Lebensgrundlagen der Menschheit sicherstellt, ist jedoch nur innerhalb der biophysikalischen Grenzen des Systems Erde denkbar. Unsere Konsum- und Produktionsmuster müssen sich in allererster Linie an diesen Grenzen orientieren, um nachhaltig zu sein.

Summary

The biophysical guardrails for sustainable development: How human activities change the Earth system

All scientific findings about the Earth system show clearly that humanity intervenes so massively in Earth system processes that the conditions for future generations – but already noticeable today – will deteriorate significantly. The results of different concepts point in the same direction consistently: Several planetary boundaries have been exceeded, biochemical cycles are being reshaped on a global scale, humanity has even become the most powerful formative force on earth, irreversible processes like climate change and loss of biodiversity are accelerating, the functionality of ecosystems is decreasing. Sustainable development, which ensures the safe and comfortable existence of human societies on Earth, is conceivable only within the biophysical boundaries of the Earth system. Our consumption and production patterns must first and foremost be oriented towards these boundaries in order to be sustainable.

Schlagworte:

System Erde, Planetare Grenzen, Kippelemente, Anthropozän, Stoffkreisläufe, Große Beschleunigung, Nachhaltigkeit.

Literatur

- [1] WBGU (Wissenschaftlicher Beirat der Bundesregierung Globale Umweltveränderungen), Hauptgutachten: Welt im Wandel – Gesellschaftsvertrag für eine Große Transformation, 2011.
- [2] J. Jäger, Was verträgt unsere Erde noch? Wege in die Nachhaltigkeit. S. Fischer, Frankfurt/Main, 2007.
- [3] J. Rockström et al., A safe operating space for humanity. *Nature*, 2009, 461, 472–475.
- [4] W. Steffen et al., Planetary boundaries: Guiding human development on a changing planet. *Science*, 2015, <https://doi.org/10.1126/science.1259855>
- [5] T.M. Lenton et al., Tipping elements in the Earth's climate system. *PNAS*, 2008, 105, 1786–1793.
- [6] PIK (Potsdam-Institut für Klimafolgenforschung), Kippelemente – Achillesfersen im Erdsystem. www.pik-potsdam.de/services/infothek/kippelemente
- [7] P. J. Crutzen, P. J., Geology of mankind, *Nature*, 2002, 415, 23.
- [8] C. N. Waters et al., The Anthropocene is functionally and stratigraphically distinct from the Holocene. *Science*, 2016, 351, <https://doi.org/10.1126/science.aad2622>
- [9] W. Steffen et al., The Anthropocene: From global change to planetary stewardship. *Ambio*, 2011, 0044–7447, <https://doi.org/10.1007/s13280-011-0185-x>
- [10] S. Solomon et al., Irreversible climate change due to carbon dioxide emissions. *PNAS*, 2009, 106, 1704–1709.
- [11] P. Horton et al., Estimating global mean sea-level rise and its uncertainties by 2100 and 2300 from an expert survey. *npj Climate and Atmospheric Science*, 2020, 3, <https://doi.org/10.1038/s41612-020-0121-5>
- [12] W. Steffen et al., Trajectories in the Earth System in the Anthropocene. *PNAS*, 2018, 115, 8252–8259.
- [13] IPBES, Summary for policymakers of the global assessment report on biodiversity and ecosystem services. 2019.
- [14] S. L. Pimm et al., The future of biodiversity. *Science*, 1995, 269, 347–350.
- [15] A. D. Barnosky et al., Has the Earth's sixth mass extinction already arrived? *Nature*, 2011, 471, 51–57.
- [16] N. Myers, A.H. Knoll, The biotic crisis and the future of evolution. *PNAS*, 2001, 98, 5389–5392.
- [17] WWF, Living Planet Report 2020.
- [18] Millennium Ecosystem Assessment, Ecosystems and human well-being. Volume 1: Current state and trends. Island Press, Washington, Covelo, London, 2005.

Der Autor



Hannes Petrischak studierte Biologie in Kiel. Von 2006 bis 2016 war er im Saarland für die Bildungsinitiative „Mut zur Nachhaltigkeit“ tätig, ab 2010 als Geschäftsführer der Stiftung Forum für Verantwortung. Seit 2016 leitet er den Geschäftsbereich Naturschutz der Heinz Sielmann Stiftung. Am Umwelt-Campus Birkenfeld (Hochschule Trier) ist er Dozent im berufs begleitenden Masterstudiengang „Sustainable Change – Vom Wissen zum Handeln“.

Korrespondenz:

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

Über den Beitrag der Biomasse zur Nachhaltigkeit Der Kohlenstoffkreislauf im globalen Wandel

KARL-JOSEF DIETZ

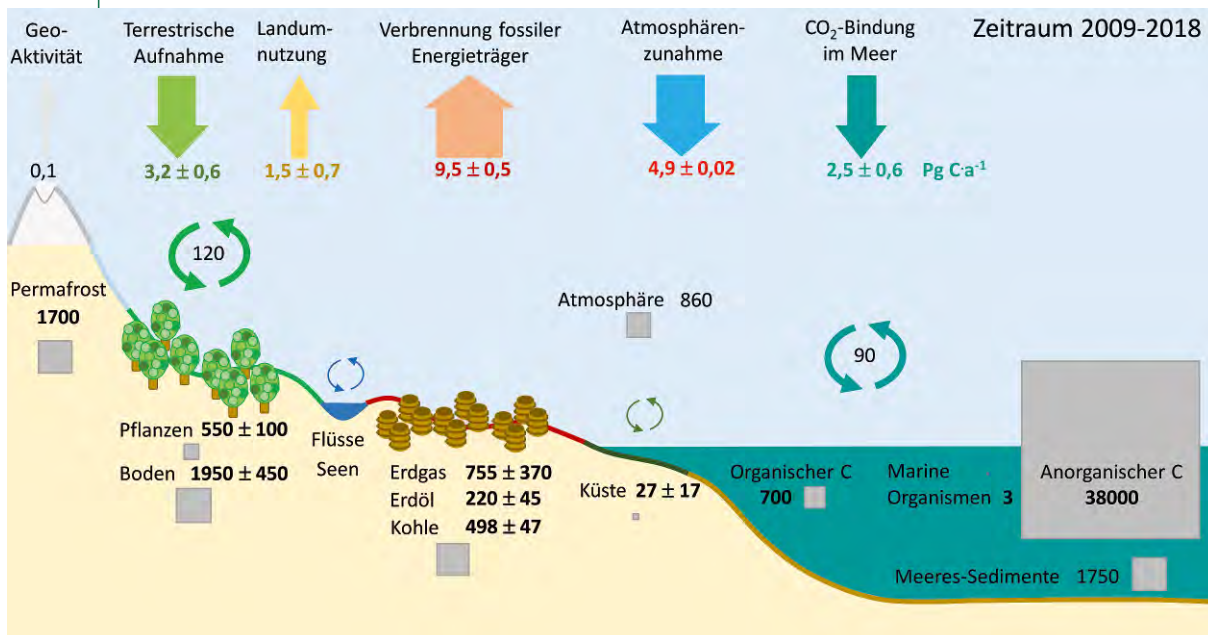


Anthropogene Störungen des globalen Kohlenstoff-(C)-Kreislaufs führen zur Erhöhung der CO₂-Konzentration in der Atmosphäre und gefährden natürliche Biome und etablierte land- und forstwirtschaftliche Produktionssysteme. Diese Übersicht beschreibt die dynamischen globalen C-Flüsse, die wesentlich durch die Biosphäre bestimmt werden und erörtert den Beitrag der Biomasse zur Bindung von CO₂. Die Verfügbarkeit von Stickstoff und anderen Mineralien begrenzt den Biomassenzugewinn. Zudem übt der Ansatz, über Biomasse die CO₂-Zunahme zu reduzieren, einen starken Druck in Richtung Umnutzung der Landflächen mit prognostizierten negativen Konsequenzen u. a. auf die Nahrungsmittelpreise aus. Im Ausgleich der Nachhaltigkeitsziele wird neben der Reduktion der CO₂-Emission die Entwicklung von nicht-biologischen negativen Emissionstechnologien wichtig werden.

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 45 erklärt.

Der globale Kohlenstoff-(C)-Kreislauf mit all seinen natürlichen Prozessen und anthropogenen Störungen übt einen massiven Einfluss auf die Biosphäre und unser Klima aus. Die prägnanteste Folge der steigenden CO₂-Konzentration ist der Anstieg der Temperatur. Diese Erkenntnis hat den Fokus derzeitiger Forschung auf die Beschreibung und Untersuchung der Folgen steigender CO₂-Konzentration gelenkt, auch mit dem Ziel, die akute Dringlichkeit von Maßnahmen aufzuzeigen und zu wissenschaftlichen und nachhaltigen Lösungen beizutragen (Kasten 1). Dieser Artikel unternimmt eine aktuelle Bestandsaufnahme des globalen C-Kreislaufs, der keinesfalls isoliert betrachtet werden darf. Er ist eng mit anderen globalen Kreisläufen verflochten, insbesondere mit der Stickstoff-(N)- und Phosphor-(P)-Verfügbarkeit. Pflanzengesellschaften reagieren unterschiedlich auf die Zunahme der CO₂-Konzentration in der Atmosphäre und unterscheiden sich hinsichtlich ihres zusätzlichen Bedarfs an N und P. Es wird herausgearbeitet, dass Biomasse und deren Degradationsprodukte zur C-Speicherung beitragen. So wird zur CO₂-Erniedrigung häufig die Aufforstung als biologische Maßnahme diskutiert, die neben die notwendige Verminderung der C-Verbrennung als Energiequelle treten soll. Weitere „Negative Emissionstechnologien“ („negative emission technology“, ► NET) umfassen die Energiegewinnung aus Biomasse und CO₂-Speicherung („bioenergy with carbon capture and storage“, ► BECCS) und die Entwicklung technischer Verfahren zur CO₂-Bindung („direct air capture“, ► DAC). Zur Vorhersage globaler Abhängigkeiten werden integrative Modelle („integrative assessment modelling“, IAM) erstellt, die die verfügbaren Daten zu mathematischen Computermodellen zusammenfassen. Sie zeigen, dass DAC-Technologien den Druck auf die Umnutzung der verfügbaren Landflächen senken werden. Sie können außerdem dazu beitragen, natürliche Biome zu schützen und die bedrohliche Gefahr, dass die Nahrungsmittelpreise um bis auf das Sechsfache insbesondere in Afrika steigen werden, abzuwenden. Der Artikel wird nicht auf andere Ansätze zur Stabilisierung landwirtschaftlicher Produktionssysteme im Zeitalter des Klimawandels wie Agroforstwirtschaft eingehen können.

ABB. 1 | DER GLOBALE KOHLENSTOFFKREISLAUF



Das Schema beschreibt die globalen C-Speicher, die jährlichen globalen C-Flüsse und die anthropogenen Störungen. Die Daten geben Mittelwerte aus der Dekade von 2009–2018. Die Größe der grauen Quadrate und die zugehörigen fettgedruckten Zahlen repräsentieren die gespeicherten C-Mengen, beispielsweise 550 Pg C in Pflanzen. Die angegebenen \pm -Werte schätzen die Spannweiten und Ungewissheiten der hierzu verfügbaren Daten und Modellergebnisse ab. Die Pfeildicke und die Zahlen beschreiben die jährlichen Veränderungen der C-Flüsse. Nach oben gerichtete Pfeile stellen CO₂-Freisetzung dar, nach unten gerichtete Pfeile die Verteilung des freigesetzten CO₂ auf terrestrische Senken, das Meer und die Atmosphäre (Daten aus [1]).

Der globale C-Kreislauf zeigt das Ausmaß der anthropogenen Störung

Der globale C-Kreislauf besteht aus den dynamischen Prozessen der CO₂-Freisetzung, CO₂-Verteilung und CO₂-Bindung, sowie aus C-Speichern. Beteiligte Systeme sind die terrestrischen Gebiete der Erde, die Ozeane und übrigen Gewässer sowie die Atmosphäre (Abbildung 1). Den größ-

ten Speicher mobilen Kohlenstoffs stellt das im Meer gelöste Carbonat, das nach Hydratisierung des gelösten CO₂ und Deprotonierung der entstandenen Kohlensäure ($\text{CO}_2 + \text{H}_2\text{O} \rightarrow \text{H}_2\text{CO}_3 \rightarrow \text{H}^+ + \text{HCO}_3^- \rightarrow 2 \text{H}^+ + \text{CO}_3^{2-}$) oder durch Auflösen mineralischer Carbonate entsteht. Der Weltklimarat (IPCC, 2018) stellt die relevanten Daten zu den Treibhausgasen, vor allem CO₂, Methan (CH₄) und

IN KÜRZE

- Die anthropogene CO₂-Freisetzung übersteigt momentan 5 Prozent des globalen Kohlenstoffkreislaufs. Der damit verbundene Anstieg der CO₂-Konzentration in der Atmosphäre **stimuliert die Photosynthese**.
- Allerdings hängt dieser Düngeneffekt von der **ausreichenden Verfügbarkeit mineralischer Nährstoffe** ab. Modellierungen zeigen, dass unter ungünstigen Nährstoffbedingungen die biologisch festgelegte Biomasse global sogar trotz steigenden CO₂-Gehalts sinken kann.
- Die durch Aufforstung und Kultivierung von Bioenergiepflanzen herbeigeführte Landum-nutzung erhöht zudem den Druck auf die Lebensmittelpreise und interferiert mit **anderen Nachhaltigkeitszielen**.
- Vor diesem Hintergrund werden **nicht-biologische negative Emissionstechnologien** zur Erniedrigung des CO₂-Gehalts der Atmosphäre neben Verringerung der Verbrennung in der Zukunft wichtig werden.

NACHHALTIGKEIT BEDEUTET AUSGEGLICHENE STOFFKREISLÄUFE

Nachhaltiges Wirtschaften des Menschen bedeutet schonenden Umgang mit der Umwelt, Nutzung möglichst geschlossener Materialkreisläufe und Einsatz regenerativer Energien. Dadurch lassen sich Störungen der biologischen Prozesse auf der Erde minimieren und im besten Fall vermeiden. Das Dilemma ist, dass sich dieser Maßstab für menschliches Handeln bei steigender Bevölkerung und ausgeglichener Teilhabe aller Menschen an Wohlstand und Mobilität nicht konsequent als Primat anwenden lässt. Die 17 Nachhaltigkeitsziele der Vereinten Nationen zeigen die Notwendigkeit zu ökologischem, ökonomischem und sozialem Ausgleich. So haben die Vereinten Nationen bei der Festlegung der Ziele für nachhaltige Entwicklung („sustainable development goals“: SDG) die Beseitigung von Armut, gute Ernährung und Gesundheit an die ersten Stellen der 17 Ziele gesetzt. Allerdings ist dies nicht unbedingt eine wertende Reihung. Zudem sind die Ziele eng vernetzt. Starke Störungen des Klimas (SDG 13) beispielsweise werden zu Armut und Hungersnöten führen, wenn Trockenheit, Hitze und Erosion Böden degradieren und für die Landwirtschaft unbrauchbar machen. In diesem Kontext stellen der hohe Energiebedarf der Menschheit, die CO₂-Emission durch Verbrennung Kohlenstoff-(C)-haltiger Energieträger und der Klimawandel die zentralen, global wirksamen und offensichtlichsten Probleme nicht-nachhaltigen Wirtschaftens dar.

Distickstoffmonoxid (N₂O), kontinuierlich zusammen und veröffentlicht Statusberichte als Basis für wissenschaftliche Forschung und politische Entscheidungen.

Abbildung 1 präsentiert die Mittelwerte der C-Flüsse und C-Speicher und die anthropogenen Störungen aus den Jahren 2009–2018 [1]. Bei den C-Speichern leisten der Boden, die Meeressedimente und die Permafrostgebiete ähnliche Beiträge in Höhe von 1700 bis 1950 ▶ Petagramm C. Sie speichern organisches Material in großen Mengen. In der Biomasse der Pflanzen sind mit etwa 550 Pg C wesentlich geringere Kohlenstoffmengen gebunden, wobei etwa 120 Pg C · a⁻¹ durch Abbau und Umsetzung, insbesondere auch im Boden, freigesetzt und durch Pflanzen wieder gebunden werden. Der äquivalente C-Umsatz im Meer wird auf 90 Pg C · a⁻¹ geschätzt. Schließlich ist der C-Gehalt der Atmosphäre mit etwa 860 Pg C interessant, da die Atmosphäre als Puffer für einen Teil des freigesetzten C dient. Drei Prozesse ändern das globale C-Gleichgewicht: (1) Anthropogene Störungen durch C-Verbrennung setzten zwischen 2009 und 2018 im Mittel 9,5 Pg C · a⁻¹ frei, (2) Umnutzung von Landflächen, wozu Abholzung, aber auch die Vernichtung von Mooren und der damit verbundene Verlust an C-Speicherung im Torf u. ä. gehören, führten zu 1,5 Pg C · a⁻¹ und (3) geologische Aktivitäten zu 0,1 Pg C · a⁻¹ zusätzlicher CO₂-Emission. Diese freigesetzte C-Menge von 11,1 Pg C · a⁻¹ verteilt sich auf die vermehrte Biomassenproduktion der terrestrischen Vegetation (3,2 Pg C · a⁻¹), Bindung im Meer (2,5 Pg C · a⁻¹) und den Verbleib in der Atmosphäre (4,9 Pg C · a⁻¹). Die Ungenauigkeit der Datenschatzung erklärt die Diskrepanz

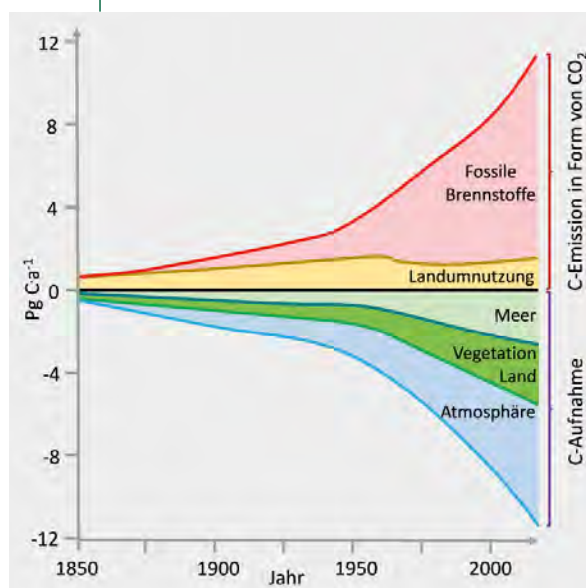
zwischen der Freisetzung und der Verteilung. Die Werte illustrieren das Ausmaß der anthropogenen Störung: Die C-Freisetzung durch Verbrennung und Landumnutzung beträgt jährlich 5,2 Prozent des terrestrischen und marinen C-Kreislaufs (210 Pg C · a⁻¹) [1]. Die Entwicklung dieser anthropogenen Störung ist seit 1850 in besorgniserregendem Ausmaß progressiv (Abbildung 2) und führte zum breiten Konsens, dass Gegenmaßnahmen unverzüglich und umfassend ergriffen werden müssen.

Begrenzung der terrestrischen Photosyntheseleistung durch Nährstoffe

Die biologische CO₂-Fixierung erfolgt im Wesentlichen in der Photosynthese der grünen Pflanzen auf dem Land und durch Algen im Wasser, z. B. Grün-, Kiesel-, Braun- und Rotalgen, sowie Cyanobakterien. Wenn wir den möglichen Beitrag der pflanzlichen CO₂-Fixierung zum C-Kreislauf abschätzen wollen, muss der Prozess der Photosynthese und die Zusammensetzung der Pflanzen betrachtet werden, da zunächst zur Photosynthese benötigte Strukturen aufgebaut werden müssen. Die Zusammensetzung aus essentiellen Nährelementen variiert dabei in recht engen Grenzen. Neben Kohlenstoff, Sauerstoff und Wasserstoff, die aus aufgenommenem Wasser und CO₂ bereitgestellt werden, nimmt der Bedarf an Nährelementen etwa in der Reihenfolge Stickstoff (N), Kalium (K), Phosphor (P), Magnesium, Calcium und Schwefel ab. NKP-Dünger werden daher standardmäßig in der Landwirtschaft eingesetzt, um Erträge zu erhöhen. Je nach spezifischer Nährstoffverfügbarkeit im Boden werden die Dünger durch Mg, S und in manchen Fällen Ca und Mikronährelemente wie Bor und Zink ergänzt.

Eine Erhöhung der CO₂-Konzentration in der Luft steigert die photosynthetische CO₂-Fixierung von Blättern [2]. Allerdings beeinflusst die Nährstoffverfügbarkeit die Antwort der Photosynthese auf die erhöhte CO₂-Konzentration, wie sie seit Beginn der Industrialisierung beobachtet wird [3]. Die CO₂-Konzentration der Atmosphäre an der Mauna-Loa-Messstation auf Hawaii beispielsweise lag am 27.9.2020 bei 411,01 ppm im Vergleich zu etwa 280 ppm vor 200 Jahren. Bei Erhöhung der CO₂-Konzentration der Umgebungsluft nimmt die Photosyntheseleistung zunächst zu. Bei dauerhaftem Wachstum bei hohem CO₂-Gehalt und gleichzeitig geringer N-Versorgung erfolgt eine Akklimatisierung durch Abbau der Ribulose-1,5-Bisphosphat-Carboxylase/Oxygenase (RubisCO), dem CO₂-fixierenden Enzym im Calvin-Benson-Zyklus, so dass die Photosyntheserate wieder fällt. Die RubisCO repräsentiert den größten organischen N-Speicher im Blatt und katalysiert mit niedriger Rate die CO₂-Fixierung. Dabei entsteht 3-Phosphoglycerat, das im Calvin-Benson-Zyklus und in den sich anschließenden Stoffwechselwegen zu Kohlenhydraten umgesetzt wird. Bei hoher N-Verfügbarkeit unterbleibt der Abbau der RubisCO und die CO₂-stimulierte Photosynthese hält an. Dieser Zusammenhang ist beispielhaft für Baumwolle in Abbildung 3a gezeigt [4]. Die Pflan-

ABB. 2 | GLOBALES C-BUDGET SEIT 1850



Dargestellt sind die CO₂-Emissionen aus fossilen Energieträgern und die Veränderungen aufgrund von Landumnutzung. Dem gegenüber stehen die C-Senken im Ozean, auf dem Land und die Atmosphäre, die das restliche CO₂ aufnimmt (Daten von [1]).

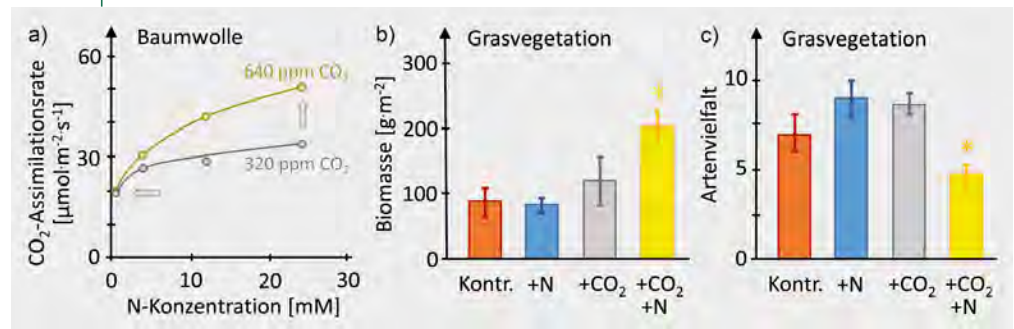
zen wurden bei steigender Nitratdüngung in Kombination mit niedriger (320 ppm CO₂, der damaligen CO₂-Konzentration in der Atmosphäre) oder doppelter CO₂-Konzentration (640 ppm) angezogen. Im Alter von 40 Tagen wurde unter den gleichen Bedingungen die Photosyntheserate gemessen. Während bei hohen Stickstoffkonzentrationen die Photosynthese durch die Verdoppelung der CO₂-Konzentration um 50 Prozent zunahm, war bei der niedrigsten Stickstoffkonzentration keine Stimulation der Photosyntheserate in Hoch-CO₂ zu messen [4]. Diese Daten zeigen, wie wichtig ausreichende N-Düngung ist, um den stimulierenden Effekt der erhöhten CO₂-Konzentration auf die Photosyntheserate zu sehen.

Für die in Biomasse gespeicherte C-Menge ist die Zusammensetzung der Biomasse wichtig, denn sie beschreibt, welche weiteren Elemente pro Gramm C festgelegt werden. Wegen der herausragenden Rolle von Holz als C-Speicher ist der Blick auf seinen N-Gehalt und das C/N-Verhältnis wichtig. Der N-Gehalt in der Trockenmasse von tropischen Hölzern variiert zwischen 0,07 und 0,52 Prozent, der von Laubbäumen temperater Klimazonen zwischen 0,03 und 0,3 Prozent. Dies entspricht C:N-Werten von 350–500 für die Mehrzahl der Baumarten und 1000–1250 für Nadelbäume ([5] und Zitate darin). Bei Annahme eines durchschnittlichen N-Gehalts des Holzes von 0,2 Prozent ergibt sich ein Stickstoffgehalt von 2 g N je 1000 g C. In anderen Pflanzenorganen ist der N-Anteil höher: So finden sich in Blättern vielfach C:N-Verhältnisse von 20–30. Den 860 Pg C in der Atmosphäre steht etwa die 2000-fache N-Menge in Form gasförmigen N₂ gegenüber. N ist somit im hohen Maß vorhanden, aber als N₂ für die überwiegende Zahl der Organismen nicht verfügbar. Neben der atmosphärischen Stickstoffoxidation, die den Pflanzen Nitrat bereitstellt, ist die Reduktion des atmosphärischen N₂ wichtig. Nur wenige Bakterien und Cyanobakterien sind dazu in der Lage, so dass die effektive N-Verfügbarkeit an natürlichen Standorten vielfach die Biomassenbildung begrenzt. Die CO₂-Bindung durch photoautotrophe Pflanzen und Bakterien hängt vom Aufbau biochemischer und zellulärer Strukturen ab. Dies ist nur bei adäquater Verfügbarkeit weiterer essentieller Nährelemente möglich, wobei hier an erster Stelle der N-Bedarf steht.

Wirkung steigender CO₂-Konzentration auf den Biomassenertrag

Die Frage ist, welchen Beitrag die Produktion und Speicherung von Biomasse zur Reduktion der klimawirksamen CO₂-Erhöhung leisten kann. Wälder mit ihrem hohen

ABB. 3 | WIRKUNG VON ERHÖHTEM CO₂- UND N-GEHALT AUF PFLANZEN



Gezeigt ist die kombinatorische Wirkung von erhöhter CO₂-Konzentration in der Luft und N-Düngung auf die Photosynthese von Baumwollpflanzen (a) und auf den jährlichen Biomassenzuwachs (b) sowie die Artenvielfalt („species richness“) (c) einer alpinen Grasvegetation in der Tibetischen Hochebene. a) Baumwollpflanzen wurden in Erde bei niedriger oder erhöhter CO₂-Konzentration kombiniert mit 0,6, 4, 12 oder 24 mM NO₃⁻ angezogen. Die Rate der photosynthetischen CO₂-Assimilation wurde im Alter von 40 Tagen in Abhängigkeit der CO₂-Konzentration gemessen [4]. b, c) Die natürliche CO₂-Konzentration in der Umgebung einer natürlichen Grasvegetation wurde um 100 ppm erhöht und die natürliche N-Verfügbarkeit von etwa $0,6 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{a}^{-1}$ um $5 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{a}^{-1}$ gesteigert. Die dargestellten Ergebnisse wurden im 5. Jahr nach Beginn des Experiments ermittelt. Methoden und Daten siehe [6]. Die kombinierte Behandlung verdoppelte den Biomassenertrag (b) und führte zu einem signifikanten Verlust an Artenvielfalt (c). Der Stern zeigt einen signifikanten Unterschied zur Kontrollgruppe.

C-Speicherpotenzial im Bestand stehen hier ebenso im Fokus wie die Anreicherung organischen Materials im Boden oder die Rekultivierung von Mooren. Bastin et al. [7] errechneten in Modellen, dass die weltweite Aufforstung einer Fläche von $9 \cdot 10^6 \text{ km}^2$, der Fläche Europas ohne Skandinavien, möglich wäre und dauerhaft zwischen 133 bis 276 Pg C speichern könnte. Diese Studie wurde kontrovers diskutiert und schließlich korrigiert, u. a. weil eine massive Landumnutzung mit dem Verlust natürlicher Biome verbunden wäre, besiedelte Flächen übersehen worden waren und die C-Speicherung derzeitiger Vegetationsformen unterschätzt wurde (siehe Erratum zu [7] und [8]). Unstrittig ist, dass Aufforstung einen wertvollen Beitrag zur Rejustierung des globalen C-Kreislaufs leisten könnte. Allerdings müssen begrenzende Faktoren wie Wasserverfügbarkeit, Temperatur und Nährstoffe berücksichtigt werden.

Ökologische Freilandstudien, bei denen das natürliche N-Angebot erhöht wurde, liefern solide Daten zur Abschätzung des N-Effekts. Allerdings ist eine Verallgemeinerung der Befunde nicht möglich, da verschiedene Pflanzengesellschaften unterschiedlich auf eine CO₂-Erhöhung und N-Zufuhr reagieren. Abbildung 3b und c zeigen exemplarisch den Biomassenzugewinn einer alpinen Graslandschaft im Tibetischen Hochland nach Zudüngung von $5 \text{ g N} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{a}^{-1}$ oder nach Erhöhung der CO₂-Konzentration um 100 ppm. Erst bei Kombination beider Behandlungen wurde die Biomassenbildung um etwa den Faktor 2 stimuliert. Die Autoren sehen darin den Hinweis auf eine Co-Limitierung des Biomassengewinns durch N und CO₂ [6]. Eine wichtige Beobachtung war darüber hinaus, dass der Artenreichtum bei der kombinierten Gabe von CO₂ und N stark abnahm. Hier ist hinzuzufügen, dass erhöhter

N-Eintrag die Artenvielfalt häufig unabhängig vom CO₂-Angebot reduziert. Die Autoren weisen darauf hin, dass der hier beobachtete synergistische Effekt nicht für jeden Vegetationstyp gilt und diese Art von Zusammenhängen für verschiedene Vegetationsformen erforscht werden müsse.

Die Ergebnisse belegen, dass N eine entscheidende Größe im globalen C-Kreislauf darstellt. Nitratdüngung steigert die C-Assimilation und C-Speicherung, erhöht die oberirdische Biomasse und führt zu erhöhtem Eintrag von C als Streu in den Boden [9]. Differenziert betrachtet zeigt sich unterirdisch ein anderes Bild. Im Einklang mit der Beobachtung, dass das Wurzelsystem bei hohem Nährstoffangebot meist weniger ausgeprägt ist, war der C-Eintrag durch Feinwurzeln nach erhöhter N-Gabe eher vermindert. Auch nahm die mikrobielle Atmung im Durchschnitt um 7 Prozent und die Menge an mikrobiell gebundenem C um 20 Prozent ab. Alles in allem erhöht sich nach erhöhter N-Zugabe aber die C-Speicherung im Boden insbesondere durch Erhöhung des C-Gehalts in der organischen Schicht des Bodens [9]. Eine Metaanalyse deutet an, dass der N-Effekt besonders stark in Grasvegetationen war, gefolgt von temperaten Nadelwäldern und ähnlich in temperaten Laubwäldern und tropischen Wäldern [9]. Diese verschiedenen Untersuchungen belegen die Bedeutung der Nährstoffverfügbarkeit für die Biomassenproduktion und C-Speicherung einzelner Vegetationstypen unter erhöhter CO₂-Konzentration.

Modellierung der Nettoprimärproduktion bei erhöhtem CO₂- und N- und P-Mangel

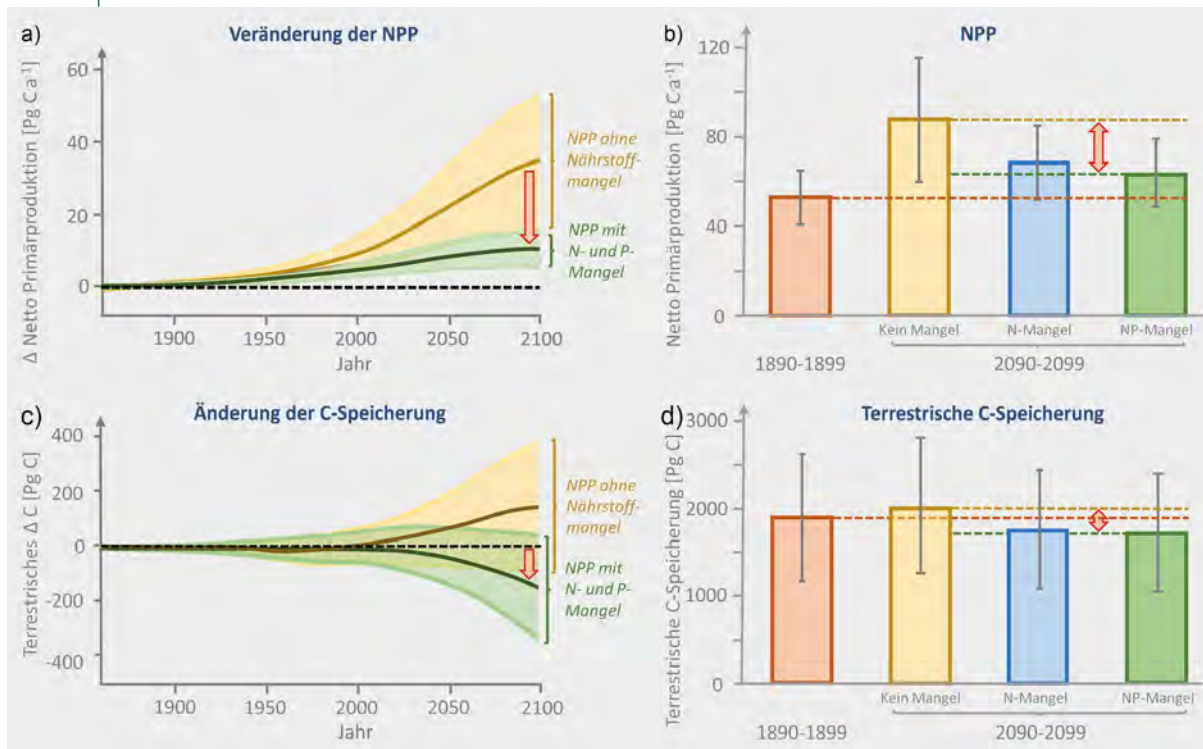
Die Kapazität und tatsächliche Leistung der biologischen CO₂-Bindung auf dem Land lassen sich nur punktuell und mit großem Aufwand experimentell messen. Da die Zahl der durchgeführten Studien klein und exemplarisch ist, können diese Größen auf globaler Ebene nur in Modellen mit hoher Unsicherheit abgeschätzt werden. Zentral geht es um die Frage, ob die zunehmende CO₂-Konzentration in der Atmosphäre dazu führt, dass sich die Photosynthese und damit die biologische CO₂-Fixierung und CO₂-Speicherung erhöhen und einen Beitrag zur Dämpfung der Klimaeffekte leisten. Solche Modelle sind wichtig, um die Rückkopplung zwischen atmosphärischem CO₂-Anstieg und globalem Kohlenstoffzyklus zu verstehen. Sie liefern Grundlagen für politische und gesellschaftliche Entscheidungen. Die Modelle unterstützen die Annahme, dass die terrestrische Biomassenproduktion durch Pflanzen eine CO₂-Senke darstellt, die potenziell durch die zunehmende CO₂-Konzentration stimuliert wird. Diesem CO₂-Düngeeffekt läuft allerdings die Begrenzung durch andere Faktoren, insbesondere die N- und P-Verfügbarkeit, entgegen (siehe oben). Dies führt dazu, dass die globale C-Speicherung im Vergleich zu den historischen und im Modell verwendeten initialen Werten von 1890–1899 sogar abnehmen könnte [10] (Abbildung 4). Modelle ohne Nährstoffbegrenzung sagen im Mittel eine Steigerung der Nettoprimär-

produktion (NPP) um 63 Prozent von $53 \pm 27 \text{ Pg C} \cdot \text{a}^{-1}$ auf $88 \pm 28 \text{ Pg C} \cdot \text{a}^{-1}$ durch den Anstieg der CO₂-Konzentration bis zum Jahr 2100 voraus. Eine Begrenzung der N- und P-Verfügbarkeit erniedrigen den modellierten Zuwachs auf $64 \pm 15 \text{ Pg C} \cdot \text{a}^{-1}$. Im Kontext der Nachhaltigkeit ist es wichtig zu erkennen, dass trotz Erhöhung der CO₂-Konzentration in der Atmosphäre die in der Biomasse gespeicherte C-Menge durch die Begrenzungen im N- und P-Angebot sogar abnehmen könnte (Abbildung 4). Im Mittelwert der Ergebnisse der verschiedenen Modelle würden dadurch trotz erhöhter CO₂-Konzentration in der Atmosphäre knapp 8 Prozent weniger C in der Biomasse aller Biome gespeichert [10].

Die Bedeutung der mineralischen Ernährung für die Biomassenproduktion auch der Wälder geht weit über die N- und P-Verfügbarkeit hinaus [11]. In ihrer Studie mit mehr als 3100 Messungen auf 425 Messflächen in 25 europäischen Ländern an *Fagus sylvatica* (Rotbuche), *Quercus petraea* (Traubeneiche), *Quercus robur* (Stieleiche), *Abies alba* (Weißtanne), *Picea abies* (Gemeine Fichte) und *Pinus sylvestris* (Gemeine Kiefer) beobachteten diese Autoren verbreitete S-, Ca-, Mg- und K-Defizienz in europäischen Wäldern. Als eine der Ursachen wurde das beschleunigte Wachstum der Bäume aufgrund erhöhten CO₂- und N-Eintrags gesehen, wodurch der Mineralstoffbedarf steigt [11] und in der Folge Mangelerscheinungen (z. B. Mg, Ca) auftreten (die sog. neuartigen Waldschäden der 80er Jahre).

Erhöhtes N-Angebot stimuliert die Freisetzung anderer klimawirksamer Gase

Die scheinbar positive Wechselwirkung zwischen den C- und N-Kreisläufen mit Blick auf die CO₂-Bindung durch gesteigerte Photosynthese könnte zu dem Schluss führen, dass weitflächige N-Düngung in natürlichen Beständen eine Lösung ist, den CO₂-Gehalt der Atmosphäre zu senken. Aus Naturschutz- und Biodiversitätsgründen und vielen weiteren Aspekten ist dieser Ansatz allerdings zu verwerfen. Denn ein erhöhter N-Eintrag wirkt sich zusätzlich negativ auf die Zusammensetzung und den Metabolismus der Rhizosphäre aus. So setzen methanogene Archaeen bei erhöhter N-Verfügbarkeit im Boden vermehrt das klimawirksame Gas Methan (CH₄) und denitrifizierende sowie nitrifizierende Bakterien Stickoxide, insbesondere N₂O, frei [12]. Beide Autoren führten eine Metaanalyse von über 109 Studien durch und kamen im Mittel auf eine Steigerung der CH₄-Emission auf 197 Prozent und der N₂O-Freisetzung auf 316 Prozent, wenn N zugeführt wurde. Gleichzeitig erniedrigte sich die CH₄-Aufnahme um 38 Prozent. Die Klimawirksamkeit von CH₄ und N₂O übertrifft die von CO₂ um das 23- bzw. 296-fache. Dies führt zu einer zu beachtenden Klimawirksamkeit, obwohl die CO₂-Konzentrationen in der Atmosphäre mit 411 ppm (parts per million) die von CH₄ (1,9 ppm) und N₂O (0,3 ppm) vielfach übersteigt. Aus diesem Grund könnten die positiven Effekte der Verringerungen an CO₂ durch

ABB. 4 | EINFLUSS VON N- UND P-MANGEL AUF DIE GLOBALE NETTOPRIMÄRPRODUKTION


Modellierte Auswirkung von N- und P-Mangel auf die Zunahme der globalen Nettoprimärproduktion (NPP) und der C-Speicherung seit 1860 mit Projektion bis 2100 (Daten aus [10]). a, b) Die Erhöhung des atmosphärischen CO_2 stimuliert die CO_2 -Fixierung durch die Photosynthese, allerdings ist das Ausmaß durch Nährstoffmangel geringer als bisher angenommen. a) Dargestellt ist die Veränderung bezogen auf den Vergleichswert von 1860. Der Berechnung liegt das Modell RCP8.5 zum Anstieg der CO_2 -Konzentration in der Atmosphäre zugrunde. b) Absolute Werte der NPP in der Dekade von 1890–1899 sind den errechneten Werten für 2090–2099 gegenübergestellt. Die Prognose vergleicht drei Modelle, denen keine Nährstofflimitierung, N- oder N/P-Begrenzung zugrunde gelegt sind. c) Die Beschränkung durch Nährstoffe hat Auswirkungen auf die in Biomasse auf dem Land gespeicherte C-Menge. Ohne Düngung nimmt nach diesem Modell die auf dem Land gespeicherte C-Menge trotz erhöhter CO_2 -Konzentration in der Luft ab. d) Einfluss der Nährstoffverfügbarkeit auf die auf dem Land in Pflanzen und im Boden gespeicherte C-Menge im Vergleich zur C-Speicherung ohne Nährstoffbegrenzung und zur C-Speicherung während der Referenzdekade von 1890–1899 [10].

N-Düngung durch gegenläufige Effekte der N-Düngung auf die atmosphärischen CH_4 - und N_2O -Gehalte zunichtegemacht werden [12].

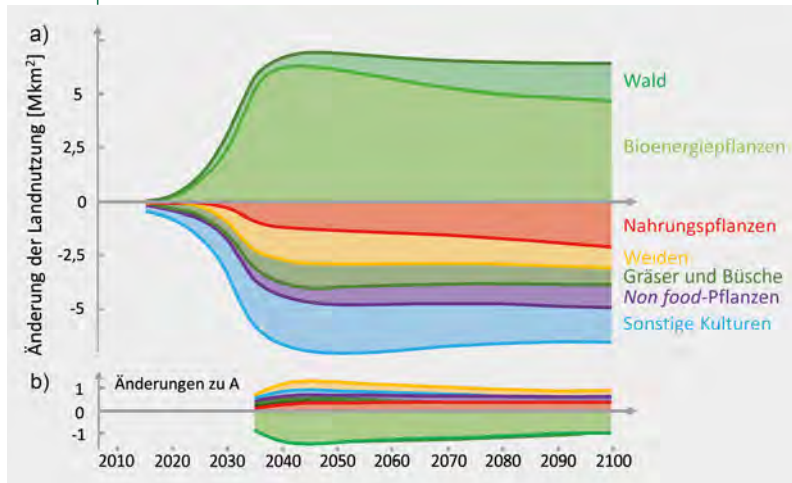
Technische Lösungen müssen zur CO_2 -Bindung beitragen

Aufforstung und nachhaltige Landwirtschaft mit geringem Energieaufwand sind Beispiele, wie die Steigerung der biologischen CO_2 -Fixierung durch die Photosynthese und C-Speicherung in der Biomasse einen Beitrag zur Verringerung des atmosphärischen CO_2 -Anstiegs leisten können. Allerdings reichen diese biologischen Mechanismen nicht aus. Vorrangige Aufgabe der Landwirtschaft muss die Versorgung der weiter wachsenden Weltbevölkerung mit Nahrungsmitteln und die Überwindung des Hungers sein. Konkurrenz um Landnutzung zwischen Ernährung und Biomassenproduktion zur Speicherung oder zur Gewinnung von regenerativer Energie sollte weitgehend vermieden werden (Abbildung 5). Um das Ziel zu erreichen, den weltweiten Temperaturanstieg auf $1,5^\circ\text{C}$ zu begren-

zen, müssen „negative Emissionstechnologien“ (NET) entwickelt und eingesetzt werden. Mitte des Jahrhunderts müsste hierzu ein Nullemissionsszenario umgesetzt werden [15]. Integrierende Bewertungsmodelle (Integrated Assessment Modelling „IAM“) werden angewendet, um den Anstieg an Klimagasen zu prognostizieren. Fuhrman et al. [13] simulierten Szenarien, wie CO_2 -Freisetzung vermieden und welchen Beitrag biologische und technische CO_2 -Bindung leisten können. Biologische Methoden sind die vermehrte Nutzung von Bioenergie und Aufforstung. Neben der Konkurrenz um Landfläche sind der Wasser- und Nährstoffverbrauch weitere kritische Gesichtspunkte biologischer NETs. Vor diesem Hintergrund werden technische Lösungen zur direkten CO_2 -Bindung aus der Luft („direct air capture“, „DAC“) interessant und wichtig.

Beim DAC wird CO_2 aus der Luft gebunden und in geeignete geologische Schichten injiziert, wo es im Gestein fixiert wird. Die entscheidenden Fragen zur Umsetzung dieser technischen Möglichkeit, die Atmosphäre zu decarbonisieren, betreffen die Kosten, den Energiebedarf

ABB. 5 | ÄNDERUNG DER LANDNUTZUNG BIS 2100



Prognostizierte Änderung der weltweiten Landnutzung für das Szenario, in dem Bioenergie und Aufforstung einen wesentlichen Beitrag zur Bindung des freigesetzten CO₂ leisten sollen. a) Der zunehmende Flächenbedarf für die biologische CO₂-Bindung führt in diesem Modell zur Verringerung der Flächen für die übrigen Nutzungstypen wie den Anbau von Nahrungspflanzen oder Weiden. Der Wert von 5–6 Mio km² entspricht etwa 10 Prozent der landwirtschaftlich genutzten Fläche der Erde [14]. b) Sofern ab 2035 preiswerte DAC-Verfahren zur direkten Bindung und Mineralisierung von CO₂ aus der Atmosphäre eingesetzt werden, sinkt die Umnutzung. Gezeigt ist die Differenz mit DAC.

und die ökologischen Nebenwirkungen. Der geringere Wasser- und vernachlässigbare Landverbrauch im Vergleich zu biologischen NETs sind positive Aspekte. Fuhrman et al. [13] verglichen in Modellen die Auswirkungen der drei Decarbonisierungsmethoden BECCS (Bioenergie mit CO₂-Bindung und -Lagerung), Aufforstung und DAC auf die Nahrungsproduktion, die Energienutzung und den Wasserverbrauch. Sofern der hohe Druck auf Reduzierung der CO₂-Emission anhält, sehen die Autoren ab 2035 einen signifikanten Beitrag von DAC zur Decarbonisierung als wichtig an. Die Nutzung von DAC-Technologien ist nötig, um die negativen Folgen der biologischen NETs durch Konkurrenz auf die Landnutzung zu verringern. Hier sind eine absehbare Erhöhung der Nahrungsmittelpreise, die Zunahme des Düngemittel- und Wasserbedarfs und negative Effekte auf die Biodiversität zu nennen. So wird beispielsweise für afrikanische Länder eine Versechsfachung der Nahrungsmittelpreise vorhergesagt, wenn der Druck auf die Landnutzung durch Priorisierung biologischer Verfahren zur Decarbonisierung wie Aufforstung und BECCS anhält [13]. Nach diesen Modellrechnungen steigen die Nahrungsmittelpreise in allen Ländern um das 2,5- bis 4-fache, wenn keine DAC-Technologien genutzt werden.

Dieser Artikel fokussierte sich auf die Biomassenerzeugung auf dem Land. Interessante Perspektiven könnten sich durch Steigerung der photosynthetischen Biomassenproduktion in den Ozeanen ergeben. So führte die Düngung mit Eisen zu einer Phytoplanktonblüte [16]. Diese zusätzliche Biomasse bindet CO₂ aus der Atmosphäre. Allerdings bedarf es auch bei diesem Ansatz einer kriti-

schen Bewertung der ökologischen Konsequenzen, wie es in diesem Artikel für die N- und P-Düngung terrestrischer Systeme erfolgt ist. Somit bleiben als vorrangige Ziele und Maßnahmen, die anthropogenen CO₂-Emissionen zu vermindern, die Vernichtung von Wäldern zu stoppen und Moore zu erhalten.

Zusammenfassung

Biologische Prozesse sind die wesentlichen Triebkräfte im globalen C-Kreislauf. Das Ausmaß der anthropogenen CO₂-Freisetzung ist nicht tolerabel und gefährdet die Biosphäre. Die steigende CO₂-Konzentration der Atmosphäre ist Ausdruck des Akkumulationseffekts seit Beginn der Industrialisierung und muss gestoppt werden. Die Steigerung der Photosynthese durch die erhöhte CO₂-Konzentration in der Atmosphäre könnte einen größeren Beitrag zur Bindung des zusätzlichen CO₂ leisten, wenn nicht andere Wachstumsfaktoren, insbesondere die N- und P-Verfügbarkeit, das Wachstum begrenzen. Düngung könnte helfen, diese Limitierung zu überwinden. Allerdings würde dies die natürlichen Biome stören, die Bodenzusammensetzung ändern, vielfach zu Verlusten an Biodiversität führen und vermehrt andere klimaschädliche Gase wie CH₄ und N₂O freisetzen. Deshalb ist ein solcher Ansatz nur sehr eingeschränkt anwendbar und keine globale Lösung. Weltweite Aufforstung kann einen wichtigen Beitrag zur CO₂-Reduktion leisten. Allerdings wird die Kapazität dieser Maßnahme in manchen Modellen überschätzt. Die Konsequenzen insbesondere für die Landnutzung, den Erhalt natürlicher Biome, die Kosten für Nahrungsmittel und sozio-ökonomische Traditionen sind zu bedenken. Die Reduktion der CO₂-Emission durch weniger Verbrennung muss hohe Priorität erhalten. Daneben müssen die technische Entwicklung und ökonomische Umsetzung „negativer Emissionstechnologien“ einen Beitrag leisten. Die Entscheidungen im Kontext des Klimawandels müssen in den Gesamtrahmen weiterer Nachhaltigkeitsziele wie die Überwindung der Armut und der Zugang zu bezahlbarer und gesunder Nahrung eingebettet sein.

Summary

The carbon cycle in the era of global change and the contribution of biomass to the sustainability goals

Biological processes represent the major driving forces in the global carbon (C) cycle. The extent of anthropogenic CO₂ release threatens our future and is not tolerable. The increase in atmospheric CO₂ reflects the cumulative effect of human activities over more than a century and must be stopped. The contribution of photosynthesis to the binding of excess CO₂ could be increased if other limitations such as limited N- and P-availability were overcome. The productivity of various types of vegetation increases upon application of fertilizers. However, N-fertilization jeopardizes natural biomes, alters the rhizosphere, decreases the biodiversity and stimulates the release of potent greenhouse gases such as CH₄ and N₂O. Therefore, fertilization must be restricted

and fails as global solution to increase CO₂ binding in biomass in context of climate action. Worldwide afforestation appears a powerful action. However, its capacity to reduce CO₂ is sometimes overestimated. The consequences of afforestation on land use change, conservation of natural biomes, crop food prices and socio-economic traditions need to be considered. High priority must be given to the reduction of CO₂ emission by combustion. In addition, there is urgent need to technically develop and economically implement negative emission technologies. Decisions in context of climate actions must be placed in the framework of all sustainable development goals including no poverty and no hunger.

Schlagworte:

Ernährung, Kohlenstoffkreislauf, Landnutzung, Negative Emissionstechnologien, Photosynthese, Stickstoffdüngung.

Literatur

- [1] P. Friedlingstein et al., Global Carbon Budget 2019. *Earth Syst. Sci. Data*, 2019, 11, 1783–1838.
- [2] K. J. Dietz, An evaluation of light and CO₂ limitation of leaf photosynthesis by CO₂ gas-exchange analysis. *Planta*, 1986, 167, 260–263.
- [3] M. Stitt, A. Krapp, The interaction between elevated carbon dioxide and nitrogen nutrition: the physiological and molecular background. *Plant, Cell and Environment*, 1999, 22, 583–621.
- [4] S. C. Wong, Elevated atmospheric partial pressure of CO₂ and plant growth I. Interactions of nitrogen nutrition and photosynthetic capacity in C3 and C4 plants. *Oecologia (Berl.)*, 1979, 44, 68–74.
- [5] C. Martius, Density, humidity, and nitrogen content of dominant wood species of floodplain forests (várzea) in Amazonia. *Holz als Roh- und Werkstoff*, 1992, 50, 300–303.
- [6] J. Zhu et al., Synergistic effects of nitrogen and CO₂ enrichment on alpine grassland biomass and community structure. *New Phytologist*, 2020, <https://doi.org/10.1111/nph.16767>.
- [7] J. F. Bastin et al., The global tree restoration potential. *Science*, 2019, 365, 76–79. Erratum: *Science*, 2020, 368 (6494): eabc8905.
- [8] E. Luedeling et al., Forest restoration: Overlooked constraints. *Science*, 2019, 366 (6463), 315.
- [9] L. Liu, T. L. Greaver, A global perspective on belowground carbon dynamics under nitrogen enrichment. *Ecology Letters*, 2010, 13, 819–828.
- [10] W. R. Wieder et al., Future productivity and carbon storage limited by terrestrial nutrient availability. *Nature GeoScience*, 2015, 8, 441–445.
- [11] M. Jonard et al., Tree mineral nutrition is deteriorating in Europe. *Global Change Biology*, 2015, 21, 418–430.
- [12] L. Liu, T. L. Greaver, A review of nitrogen enrichment effects on three biogenic GHGs: the CO₂ sink may be largely offset by stimulated N₂O and CH₄ emission. *Ecology Letters*, 2009, 12, 1103–1117.
- [13] J. Fuhrman et al., Food-energy-water implications of negative emission technologies in a +1.5°C future. *Nature Climate Change online first*, 2020, doi.org/10.1038/s41558-020-0876-z
- [14] A. Jering et al., Globale Landflächen und Biomasse: nachhaltig und ressourcenschonend nutzen. *Umweltbundesamt*, 2013.
- [15] IPCC Special Report on Global Warming of 1.5 °C (eds Masson-Delmotte, V. et al.), WMO, 2018.
- [16] K. H. Coale et al., A massive phytoplankton bloom induced by an ecosystem-scale iron fertilization experiment in the equatorial Pacific Ocean. *Nature*, 1996, 383, 495–501.
- [17] <https://www.carbonbrief.org/explainer-the-high-emissions-rcp8-5-global-warming-scenario>.

GLOSSAR

BECCS: Bei diesem NET-Verfahren wird Biomasse zur Energieerzeugung genutzt. Das dabei freigesetzte CO₂ wird wie beim DAC-Verfahren in geologische Schichten gepresst, wo es mineralisiert und dauerhaft gebunden bleibt.

DAC: „Direct Air Capture“ ist eine rein technische NET, bei der CO₂ aus der Luft gebunden und in geeignete geologische Schichten gepumpt wird. Dort setzt dann ein Mineralisierungsprozess zu Carbonaten ein, so dass das CO₂ dauerhaft der Atmosphäre entzogen bleibt.

NET: Negative Emissionstechnologien, die die CO₂-Konzentration der Atmosphäre erniedrigen.

RCP8.5: Globale Zukunftsszenarien zum Klimawandel basieren auf Annahmen über die zukünftige Entwicklung der CO₂-Emission. Das „representative concentration pathways“ (RCP8.5)-Modell geht von einer Fortsetzung und Steigerung der bisherigen Emissionen an Treibgasen aus („business as usual“) [17]. Darin wird angenommen, dass die CO₂-Konzentration bis zum Ende dieses Jahrhunderts auf 1370 ppm CO₂ von heute 425 ppm ansteigt. Dieses Modell ist wegen seiner drastischen Annahmen strittig. Es gibt weitere mildere Szenarien wie RCP6, RCP4,5 und RCP2.6-PD. Das zuletzt genannte RCP2.6PD-Modell sieht effiziente Maßnahmen der Menschheit zur Reduktion der Treibhausgasemissionen vor. Dadurch wird nach der maximalen Belastung („peak“) eine Abnahme („decay“) der Konzentrationen in der Atmosphäre ermöglicht. So könnte sich die atmosphärische CO₂-Konzentration bis zum Jahr 2100 nach einem Maximum bei 490 ppm wieder erniedrigen.

Pg C: Petagramm Kohlenstoff sind 10¹⁵g C oder 10⁹ Tonnen C. Im deutschen Sprachgebrauch wird alternativ Gigatonnen C genutzt. Ein m³ Holz enthält etwa 250 kg C. Dies bedeutet, dass die im Text angegebene Menge an 550 Pg C in der Vegetation ausgedrückt in Holzäquivalenten einem Holzkubus von 13 km Kantenlänge entspricht.

Der Autor



Karl-Josef Dietz studierte Biologie an der Universität Würzburg. Dort wurde er 1985 zu dem Thema *Limitierung der Photosynthese in Blättern* promoviert. Nach einem Postdoc-Aufenthalt an der Harvard University (1985–1987) zum Erlernen molekularbiologischer Ansätze, wurde er 1990 in Würzburg habilitiert, wobei ihn die Wechselwirkung zwischen der mineralischen Ernährung und der Photosynthese und die Funktion der Vakuole, insbesondere vakuolärer Transporter, beschäftigte. Im Jahr 1997 erhielt er die Professur für Biochemie und Physiologie der Pflanzen an der Universität Bielefeld. Seitdem befasst sich seine Forschung mit Themen der abiotischen Stressanpassung von Pflanzen, dem redoxregulatorischen Signalnetzwerk der Zelle, der intrazellulären molekularen Kommunikation und der Wirkung kombinatorischer Stresses. 2011 erhielt er den Gay-Lussac-Humboldt-Preis. Er war von 2012–2019 Präsident der Deutschen Botanischen Gesellschaft und ist seit Ende 2020 Präsident des VBiO.

Korrespondenz:

Prof. Dr. Karl-Josef Dietz
Biochemie und Physiologie der Pflanzen
Universität Bielefeld
33615 Bielefeld
E-Mail: karl-josef.dietz@uni-bielefeld.de

Speicherung von Kohlenstoff im Ökosystem und Substitution fossiler Brennstoffe

Klimaschutz mit Wald

E. D. SCHULZE | J. ROCK | F. KROIHER | V. EGENOLF | N. WELLBROCK | R. IRSLINGER |
A. BOLTE | H. SPELLMANN

Die "Fridays for future"-Bewegung hat die öffentliche Debatte über den Klimaschutz sehr belebt. Vordringliches Ziel eines effektiven Klimaschutzes ist die Reduzierung des Verbrauchs fossiler Brennstoffe [1]. Die geplante Schließung der deutschen Braunkohlereviere ist hierfür ein deutliches Zeichen. Darüber hinaus müssen auch die Landnutzungsformen alle Einsparungspotenziale nutzen, um die anspruchsvollen politischen Ziele bei nach wie vor wachsendem Gesamtenergiebedarf zu erreichen. Kontrovers wird in diesem Zusammenhang die Nutzung der Wälder diskutiert, weil hier sehr unterschiedliche Interessen aufeinanderprallen. Es geht nicht nur um Klimaschutz, sondern auch um Artenvielfalt, die Gemeinnützigkeit von Eigentum, die Rechte der Eigentümer sowie die Nachhaltigkeit der Nutzung. Im Folgenden sollen verschiedene Optionen für den Beitrag des Waldes zum Klimaschutz dargestellt werden.

Der Weg des Holzes vom Wald über dessen Verarbeitung in Holzprodukten bis hin zu seinem mikrobiellen Abbau oder seiner energetischen Nutzung führt über viele Stationen (Abbildung 1). Neben der Bereitstellung von Holz erfüllt der Wirtschaftswald weitere Ökosystemleistungen, insbesondere die Regulation der Stoffkreisläufe, Trinkwasserbereitstellung, Artenvielfalt und Erholung. Seine Funktion im Klimaschutz zu klären, ist Ziel dieser Arbeit. Alternativ könnte die Waldfläche auch für eine technische Energieerzeugung genutzt werden. Bei der

Waldbewirtschaftung werden in der Regel unterschiedliche menschliche Ansprüche auf derselben Fläche umgesetzt. Diese Ansprüche reichen von der Bereitstellung von Holz, über die Versorgung mit sauberem Wasser, bis hin zur Erholungsnutzung. Trotz einer vorliegenden, umfangreichen Analyse zum Klimaschutz in der Land- und Forstwirtschaft [2] werden aktuell in der Öffentlichkeit und in der Forstwirtschaft fünf verschiedene Optionen diskutiert, wie der Wald noch effektiver zum Klimaschutz beitragen kann (Abbildung 2):

Option 1: Im Wald wird auf Holznutzung verzichtet, um ihn eigendynamisch wachsen und sterben zu lassen. Tote Biomasse verrottet dabei im Wald und setzt photosynthetisch gebundenen Kohlenstoff über mikrobielle Atmung wieder frei.

Option 2: Holz wird geerntet und an Holzverwender und Energieerzeuger geliefert. Bis zur Hiebsreife der Bäume verbleibt auch bei Holznutzung ein großer Teil des Zuwachses im Wald und führt zu einem Aufbau der in der Biomasse gespeicherten Kohlenstoffvorräte.

Option 3: Das geerntete Holz wird in Produkten gespeichert und ersetzt konkurrierende Bau- und Werkstoffe, die mit hohem Energiebedarf hergestellt werden (materielle Produktsubstitution).

Option 4: Das Holz wird direkt oder nach vorheriger Verwendung in Holzprodukten energetisch genutzt und ersetzt den Verbrauch fossiler Brennstoffe (energetische Substitution).

Option 5: Waldfläche wird zur Energieerzeugung mit Windkraft- oder Solaranlagen genutzt. Dies wäre eine Änderung der Landnutzung bzw. eine Einschränkung der Waldbewirtschaftung.

Auch wenn es in diesem Beitrag vor allem um die Holzmenge geht, sind die Nutzungsmöglichkeiten von der Vielfalt der Holzgewächse abhängig. Die Nutzung der Baum-

artenvielfalt unterliegt aber nach Menge und Art großen Veränderungen. In der Forstnutzung von Soravia (1877) [3] werden 63 Gehölzarten beschrieben: 52 Arten wurden medizinisch genutzt, aus 40 Arten wurden Gegenstände gefertigt, 32 Arten waren für die Herstellung von Farben nötig, Brennholz wurde aus 32 Gehölzen gewonnen. Etwas mehr als ein Jahrhundert später ist von dieser Vielfalt der Nutzung wenig übriggeblieben [4]. Bis zum Ende des 20. Jahrhunderts wurden viele der Verwendungen ersetzt durch Metall, Plastik und chemische Produkte. Zwanzig Gehölzarten wurden zu Zierpflanzen und sechs der früher verwendeten Arten stehen inzwischen auf der „Roten Liste“, wiederum 25 Gehölzarten werden nur noch im Landschaftsschutz eingesetzt. Der bewirtschaftete Wald besteht heutzutage zu über 70 Prozent aus nur vier Baumarten (Fichte, Kiefer, Buche und Eiche). Das Beispiel zeigt, dass der Wald in der Vergangenheit intensiver und vielfältiger genutzt und nicht geschützt wurde. Historische Nutzungsformen wie Hute- oder Niederwälder mit hoher Baumartenvielfalt werden kaum noch praktiziert, andere Waldtypen sind auf Sonderstandorte zurückgedrängt. Dies ist einerseits bedauerlich, andererseits hat diese Änderung in der Nutzung der Baumarten keine Auswirkung auf die Klimawirksamkeit des Waldes. Mit abnehmender Zahl genutzter Baumarten steigt jedoch das Risiko klimabedingter Schäden.

Die Erfassung der Leistungen des Waldes für den Klimaschutz folgt den IPCC-Guidelines [5]. Der Fluss von Kohlenstoff aus lebender und toter Biomasse vom Wald über Holzprodukte und Energienutzung zurück in die Atmosphäre lässt sich schematisch beschreiben (Abbildung 3). Dabei werden die Widersprüchlichkeiten der tatsächlichen Kohlenstoffflüsse und des Holztransportes zur Verwendung, und deren Verrechnung in der Klimaschutzleistung deutlich. Waldbewirtschaftung gehört hier zum Sektor „LULUCF“ (Land Use, Land-Use Change, and Forestry). Der Kohlenstoff im Holz, der aus dem Wald entfernt wird, gilt als unmittelbar „emittiert“. Um Doppelzählungen bei Emissionen zu vermeiden, werden im Sektor „Energie“ Emissionen aus Holz bei dessen Verbrennung nicht erneut erfasst und dem Sektor „Energie“ nicht zugerechnet (siehe Kasten 1 „Treibhausgasmonitoring und -anrechnung“).

ABB. 1 | DER WEG DES HOLZES

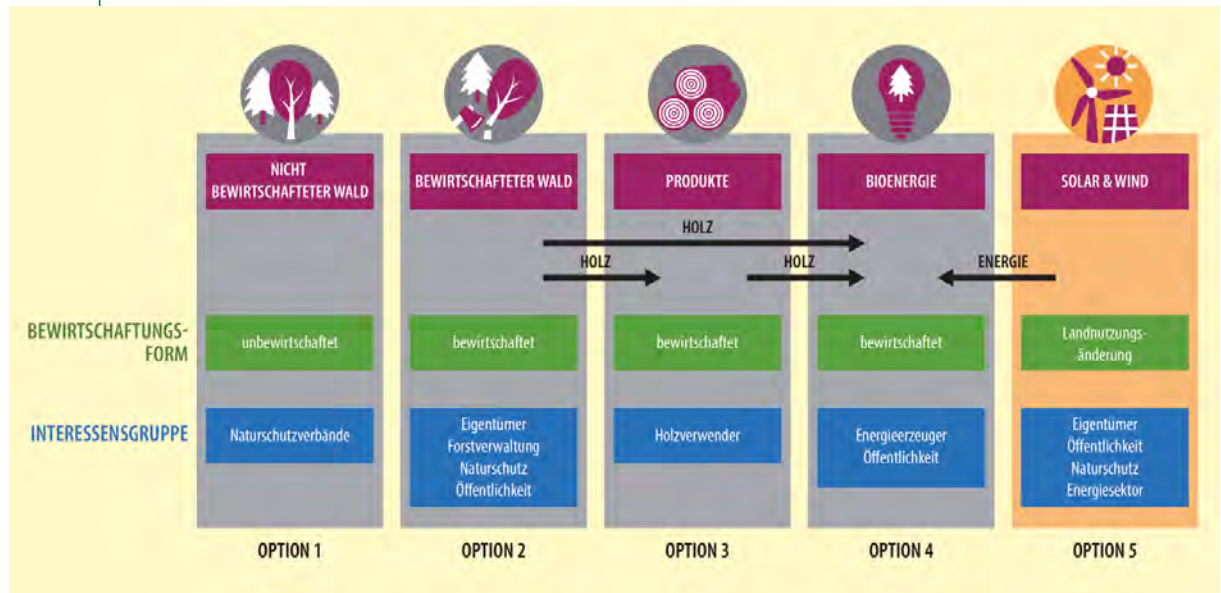


Der Weg des Holzes vom Wald über dessen Verarbeitung in Holzprodukten bis hin zu seinem mikrobiellen Abbau oder seiner energetischen Nutzung führt über viele Stationen. Neben der Bereitstellung von Holz erfüllt der Wirtschaftswald weitere Ökosystemleistungen, insbesondere die Regulation der Stoffkreisläufe, Trinkwasserbereitstellung, Artenvielfalt und Erholung. Alternativ könnte die Waldfläche auch für eine technische Energieerzeugung genutzt werden.

IN KÜRZE

- Nachhaltig bewirtschaftete Wälder enthalten in Deutschland zum Zeitpunkt der Ernte gleich hohe Mengen an Holzbiomasse pro Hektar Waldfläche wie nicht bewirtschaftete Wälder. Nachhaltige Bewirtschaftung orientiert sich **an der natürlichen Entwicklung eines Waldes**.
- Holzprodukte vermeiden den Einsatz von Bau- und Werkstoffen mit hohem Energiebedarf in der Herstellung („Produkt-Substitution“) und **ersetzen fossile Brennstoffe als Energieträger** („Energie-Substitution“).
- Die Atmosphäre wird bei der energetischen Nutzung von Holz nicht zusätzlich belastet, denn Holz enthält **rezent durch Photosynthese gebundenen Kohlenstoff**, der alternativ auch durch Verrottung freigesetzt würde.
- Waldbewirtschaftung und Holzverwendung **verbessern die Treibhausgasbilanz Deutschlands** zurzeit um etwa 11 % bis 14 %.
- Die Effizienz der Flächennutzung für energetische Zwecke im Wald könnte durch Wind- und Solaranlagen erhöht werden. Dies würde aber zu **Beeinträchtigungen anderer Wald-Ökosystemleistungen** führen und ist daher umstritten.

ABB. 2 | KLIMASCHUTZOPTIONEN IM WALD UND DER DABEI ZU BERÜCKSICHTIGENDEN INTERESSENSGRUPPEN



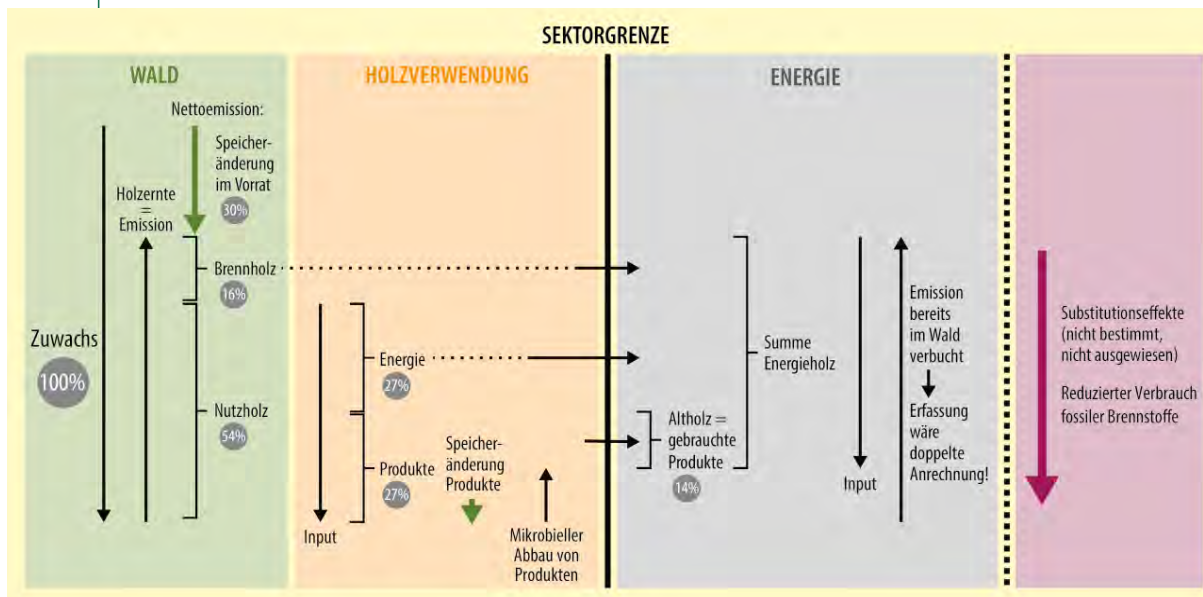
TREIBHAUSGASMONITORING UND -ANRECHNUNG

Die Klimarahmenkonvention (KRK) verlangt, dass das Monitoring der Emissionen und der Bindung der Treibhausgase (THG) unabhängig davon erfolgt, wer für Änderungen in der Treibhausgasbilanz verantwortlich ist. Das Protokoll von Kyoto (KP) [20, 21] führte für die Unterzeichnerstaaten rechtlich verbindliche Ziele zur Reduktion der Emissionen ein. Die Übernahme der Verantwortung für den anthropogenen Teil des Kohlenstoffkreislaufs erfolgt jedoch nach teilweise anderen Regeln als die Berichterstattung nach der KRK, weshalb man Werte aus beiden Systemen nicht gleichsetzen kann. So führt die nach sieben Sektoren differenzierende Berichterstattung dazu, dass Kohlenstoff in Holz, das den Wald verlässt, als emittiert gilt und deshalb bei der Energieerzeugung nicht als „Input“ verbucht wird. Diese Vereinfachung ist für die Berichterstattung [5, 6] der Nationalstaaten nicht bedeutsam. Für die Beurteilung von Sektorübergreifenden Maßnahmen (wie Waldbewirtschaftung mit Holznutzung bis zur Energiegewinnung) ist die sektorale Betrachtung jedoch ungeeignet, weil die Emissionsoptimierung in einem Sektor zu Mehremissionen in anderen Sektoren führen kann. Zwei Aspekte sind wichtig: Das KP lief Ende 2020 aus und wird de facto durch das Übereinkommen von Paris (ÜvP) und eine EU-Verordnung (LULUCF-VO) abgelöst. Die exakten Regeln für die Anrechnung von THG-Vorratsänderungen sind noch nicht festgelegt, werden sich aber auf die Methodik der IPCC 2006 Guidelines [5] stützen. In Zukunft werden für Deutschland Zahlen zum Komplex Wald aus vier verschiedenen Systemen (KRK, KP, ÜvP und LULUCF-VO) vorliegen, die aufgrund der Systemunterschiede nicht unmittelbar vergleichbar sind. Es gibt eine Pflicht zur permanenten Verbesserung der Inventare, d. h. mit besseren Methoden oder neuen Datenquellen müssen auch die Werte der zurückliegenden Jahre neu berechnet werden. Es sind daher nur die jüngsten Berichte gültig [6].

Diese rechnerische Anrechnung aller Emissionen aus Holz bei der Forstwirtschaft ist ein wesentlicher Kritikpunkt an den bisherigen Anrechnungsregeln, da die Emissionen dem Wald und die Reduktion des Verbrauchs fossiler Brennstoffe anderen Wirtschaftszweigen zugeschrieben werden. Verschiedene Interessensgruppen möchten darüber hinaus bei der Waldbewirtschaftung ihre jeweils eigenen Schwerpunkte realisiert sehen, oftmals ohne für ihre Anliegen Verfügungsrechte zu haben. Die Zersplitterung der Verantwortlichkeiten und das Bemühen verschiedener Sektoren, ihre Einflussnahme auszuweiten, um die Anrechnung „ihres“ Beitrages zum Klimaschutz zu maximieren, erschwert eine Gesamtbeurteilung der Leistungen des Forst- und Holzsektors für den Klimaschutz.

Speicherung von Kohlenstoff in lebender und toter Biomasse im Wald (Option 1 und 2)

In der Treibhausgas-(THG)-Berichterstattung werden entweder die Zu- und Abgänge zu verschiedenen Speichern (im Wald: lebende und tote pflanzliche Biomasse, Böden, Holzprodukte) oder die Veränderung der Größe dieser Speicher über die Zeit bilanziert [6]. Die Holzbiomasse der Baumbestände wurde in Deutschland zuletzt durch die Bundeswaldinventur (BWI) 2012 und die Kohlenstoffinventur 2017 auf einem Teilnetz der BWI 2012 erfasst [7]. Beide weisen Vorräte und Vorratsänderungen im Baumbestand und die damit korrelierenden Kohlenstoffmengen aus. Nach den Ergebnissen der zweiten und dritten Bundeswaldinventur (2002 bzw. 2012) in Deutschland betragen der Holzzuwachs 1.252 Mio. m³ und die Abgänge (Nutzungen + Mortalität) 1.091 Mio. m³, so dass der Holzvorrat von 3.436 Mio. m³ auf 3.663 Mio. m³ anstieg. Zwischen 2012 und 2017 erhöhte sich dieser Holzvorrat noch

ABB. 3 | KOHLENSTOFFFLUSS VOM WALD ÜBER HOLZPRODUKTE UND ENERGIENUTZUNG ZURÜCK IN DIE ATMOSPHÄRE


Da die photosynthetische Bindung in Abhängigkeit von der Bewirtschaftung nicht berichtet wird, werden die respiratorischen Emissionen auch nicht berichtet. Horizontale Pfeile zeigen den Transport vom Holz der Forst- und Holzwirtschaft zur Energieerzeugung. Vertikale schwarze Pfeile zeigen die „Inputs“ und die tatsächlichen Emissionen, deren Salden die dicken grünen Pfeile ergeben (Daten nach [5]). Diese repräsentieren die aktuell berichteten Speicheränderungen im Baumbestand des Waldes und in Holzprodukten. Die Länge des grünen Pfeils beim Produktspeicher ist überhöht. Der durchschnittliche Kohlenstoffgehalt beträgt etwa 25 Prozent des Volumens von frischem Holz. Die blauen Pfeile bilden die rechnerischen Emissionen durch die Holzernte (Nutzung) bzw. den mikrobiellen Abbau von Holzprodukten ab. Emissionen aus Bereitstellung und Verarbeitung des Holzes sind hier nicht erfasst.

einmal um 205 Mio. m³ und erreichte eine Rekordhöhe von 3.868 Mio. m³. Damit waren im Jahr 2017 1.230 Mio. Tonnen Kohlenstoff in der lebenden Biomasse gebunden. Die jährliche Speicherrate in der lebenden Biomasse betrug zwischen 2012 und 2017 1,1 Tonnen C m³ ha⁻¹ Jahr⁻¹ (Kasten 2 „Das Wachstum eines Waldes“). Da der Flächenanteil der zuwachsstarken Altersklassen 21 bis 60 Jahre um 7 Prozent sank, ist der Zuwachs in der Periode 2012–

2017 gegenüber der Periode 2002 bis 2012 von 11,3 auf 10,7 m³ ha⁻¹ Jahr⁻¹ zurückgegangen. In der lebenden Biomasse und im Totholz wurden aber dennoch pro Jahr netto 13,2 Mio. Tonnen Kohlenstoff zusätzlich im Wald akkumuliert [8].

„Nachhaltigkeit“ ist das „Zauberwort“, das H. C. von Carlowitz 1732 in seiner „Anweisung zur wilden Baumzucht“ geprägt hat: „Wird *derhalb* die größte Kunst, Wissenschaft,

DAS WACHSTUM EINES WALDES

Das Wachstum eines Waldes hängt von der Baumart, der Struktur und dem Alter der Bestände sowie den Standorten ab [22]. Ein Baum bildet alljährlich einen neuen Jahrring, der den wasser- und nährstoffleitenden lebenden Teil des Holzes (den Splint) erweitert. Gleichzeitig stirbt im Stamminnen der Splint kontinuierlich ab und bildet zusätzliches Kernholz [23]. Die Menge an Kohlenstoff, die aus der Atmosphäre entnommen wird, entspricht aber nicht dem Zuwachs eines einzelnen Baumes, sondern dem Zuwachs aller Bäume auf einer Fläche, die sich aus vorherrschenden, mitherrschenden und unterdrückten Individuen zusammensetzen. Die gleiche Bodenfläche kann entweder von vielen kleinen oder von wenigen großen Bäumen besiedelt werden. Bei der Buche sind es mehr als 300.000 Sämlinge/ha in einer Naturverjüngung, die sich im Hochwald auf etwa 300 Stämme/ha im Alter von 120 Jahren

reduzieren. Trotz aller Verbindungen zwischen den Bäumen über Wurzelverwachsungen oder über Mykorrhizapilze sterben schwächere Bäume kontinuierlich ab (der Prozess wird als Selbstausdünnung bezeichnet). Nur die höchsten und vitalsten Bäume überleben. Dabei steigt der lebende Anteil des Holzes in Wurzel und Splint im Verhältnis zur Blattmasse [22]. Bei der Buche steigt die lebende Biomasse im Holz (Splintbiomasse) von ca. 40 t C_{splintholz} ha⁻¹ im Alter 30 auf ca. 140 t C_{splintholz} ha⁻¹ im Alter von 120 Jahren an, gleichzeitig sinkt die Blattmasse von ca. 2 t C ha⁻¹ im 30jährigen Bestand auf ca. 1 t C ha⁻¹ im 140jährigen Bestand [23]. Somit steigt das Verhältnis von atmen den Geweben zu photosyntheseleistenden Geweben ständig an, während der Zuwachs sinkt. Änderungen im Holzvorrat entsprechen dem Zuwachs minus aller Verluste durch Absterben oder Nutzung.

Fleiß und Einrichtung biesiger Lande darin beruhen, wie eine sothane Conversation und Anbau des Holzes anzustellen, dass es eine kontinuierliche beständige und nachhaltende Nutzung gebe, weil es eine unentbehrliche Sache ist, obnwelche das Land in seinem Esse (lat. = Wesen) nicht bleiben mag.“ Das Ziel von Carlowitz war es, sogenanntes Grubenholz für den Bergbau zu liefern, das die Schachtanlagen des Herzogs von Sachsen sicherte. Carlowitz sagt nichts zu den anzustrebenden Bestandesvorräten. Es wurde nur festgelegt, dass die Nutzung nicht den Zuwachs auf Betriebsebene übersteigt. Damit werden die Holzvorräte auf Betriebsebene konstant gehalten. Es geht nicht um das Leben eines einzelnen Baumes, sondern um Waldbestände auf Landschaftsebene. Die Höhe des angestrebten Vorrates wird betrieblich festgelegt.

Die Ursachen für die periodischen Zu- und Abnahmen der Holzvorräte im Wald sind vielfältig. Primär wirken sich die Altersstruktur und Baumartenzusammensetzung aus. Darüber hinaus beeinflussen Standort- und Umweltbedingungen, Kalamitäten sowie hohe oder niedrige Marktpreise die Höhe der Vor- und Endnutzungen und damit die Bestandesvorräte. Allgemein sind die älteren und höheren Bestände mit hohen Holzvorräten stärker durch biotische und abiotische Risiken (Holzfäulepilze, Borkenkäfer, Windbruch) gefährdet. Vor diesem Hintergrund treffen Waldeigentümer ihre Entscheidungen ab einer Betriebs-

größe von 50 ha auf der Basis von Betriebsgutachten und ab 100 ha auf der Basis von Forsteinrichtungswerken, die auf 10 Jahre die Produktion und Nutzung vorausplanen und einer hoheitlichen Prüfung unterliegen. Übernutzungen werden damit verhindert. Ein Zwang zur Holznutzung besteht nicht. Die forstbetrieblichen Ziele decken sich in der Regel nicht mit dem Ziel der Option 1, allein Vorräte zu erhöhen. Es ist vielmehr das Ziel der überwiegenden Zahl der Eigentümer, nachhaltig zu wirtschaften und dadurch Einkommen zu generieren.

Bestandesvorräte und Bodenkohlenstoff im bewirtschafteten und nicht bewirtschafteten Wald

Ein Vergleich der maximalen und mittleren Holzvorräte im deutschen Wald auf bewirtschafteten und nicht bewirtschafteten Flächen (Tabelle 1) gibt Auskunft über das aktuelle, reale Potenzial beider Nutzungsformen. Nadelwälder haben im Mittel höhere nutzbare Vorräte als Laubwälder. In Fichtenbeständen gibt es statistisch keine Unterschiede in den mittleren und maximalen Vorräten bewirtschafteter und nicht bewirtschafteter Bestände. Im Laubwald sind die mittleren Vorräte bei Bewirtschaftung zwar niedriger, die maximalen Vorräte zum Zeitpunkt der Ernte unterscheiden sich aber nicht zwischen bewirtschafteten und nicht bewirtschafteten Beständen. Ein signifikanter

TAB 1. MITTLERE UND MAXIMALE BESTANDESVORRÄTE, MITTLERE FLÄCHENGEWICHTETE BESTANDEALTER UND ZUWÄCHSE IN NICHT BEWIRTSCHAFTETEN UND BEWIRTSCHAFTETEN LAUB- UND NADELWÄLDERN [7]

	Laubwald (Buche)			Nadelwald (Fichte)		
	unbewirtschaftet	bewirtschaftet	Signifikanz	unbewirtschaftet	bewirtschaftet	Signifikanz
Mittlere Bestandesvorrat (m ³ ha ⁻¹ lebendes&totes Holz)	435±34, n = 332	366±6, n = 9104	***	421±37, n = 308	425±6, n = 15073	n. s.
Maximaler Bestandesvorrat (m ³ ha ⁻¹ lebendes&totes Holz, ab incl. 95.Perzentile)	981±148, n = 46 von 732	919±195, n = 776 von 15519	n. s.	1118±202, n = 43 von 859	1098±201, n = 1456 von 29113	n. s.
flächengewichtetes Alter	115	101		94	69	
Derbholzzuwachs (m ³ ha ⁻¹ Jahr ⁻¹)	8,99±0,9, n = 327	10,28±0,16, n = 8746	***	9,01±1,04, n = 271	13,95±0,16, n = 14219	***

TAB 2. C-VORRÄTE IM BODEN BIS 1 M TIEFE IN NICHT BEWIRTSCHAFTETEN UND ANGRENZENDEN BEWIRTSCHAFTETEN PARZELLEN VON ALTEN SCHUTZGEBIETEN EUROPAS

Bodenschicht	Ort	Standortsanzahl	nicht bewirtschaftet	bewirtschaftet	Signifikanz
Org. Auflage (t C/ha)	Fontainbleau	20	11,3±7,3	7,0±4,4	n. s.
	Bialowieza	20	6,2±4,1	20,3±11,4	n. s.
	Hainich	465	7,2±4,5	5,3±3,5	n. s.
	Bodenzustandserhebung	41 unbew./156 bew.	15,8±19,7	13,5±25,1	n. s.
Mineralboden (t C/ha)	Fontainbleau	20	35,5±6,1	32,0±5,9	n. s.
	Bialowieza	20	59,5±18,2	66,9±8,9	n. s.
	Hainich	465	102,9±20,8	98,5±27,3	n. s.
	Bodenzustandserhebung	41 unbew./156 bew.	80,28±41,0	81,10±40,1	n. s.

Quelle: Verschiedene Untersuchungen des MPI-Biogeochemie in Laubwäldern und des Thünen-Instituts in Buchenbeständen sowie nach den Ergebnissen der BZE II in Deutschland.

Unterschied zwischen Wirtschaftswald und nicht bewirtschaftetem Wald besteht im Zuwachs. Der Wirtschaftswald hat höhere Zuwächse, die gleichbedeutend mit einem höheren Beitrag zum Klimaschutz sind. Ein Nutzungsverzicht führt zu wirtschaftlichen Verlagerungsprozessen, wobei der Holzbedarf durch Importe aus anderen Regionen der Welt gedeckt wird, deren Nachhaltigkeitsstandards oft geringer sind, oder das Holz durch andere Materialien ersetzt wird, die in ihrer Herstellung emissionsintensiver sind.

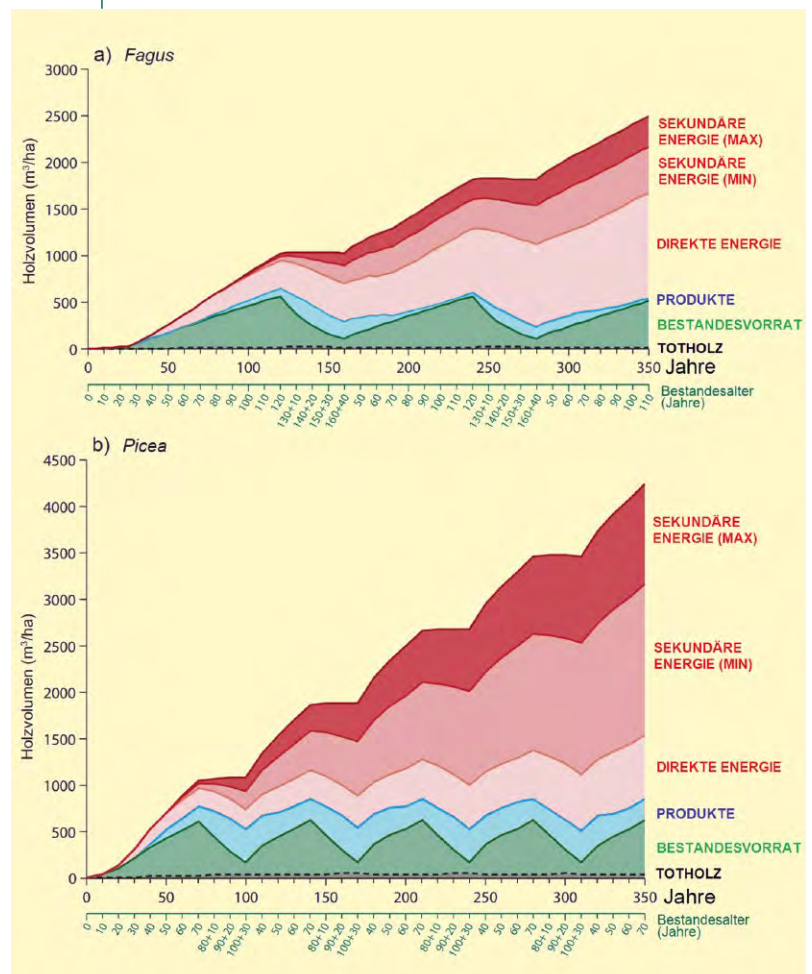
Kohlenstoff wird nicht nur im Holz, sondern auch im Mineralboden und im Auflagehumus gespeichert, wobei der höhere Anteil im Mineralboden gelagert ist. Weder in der organischen Auflage noch im Mineralboden gibt es signifikante Unterschiede zwischen bewirtschafteten und nicht bewirtschafteten Beständen (Tabelle 2). Dies widerspricht Untersuchungen, die auf einzelnen Versuchsfeldern erfolgten [9], aber nicht die Bedingungen auf der Landschaftsebene repräsentieren. Die zweite Bodenzustandserhebung (BZE II) in Deutschland zeigt, dass der Bodenkohlenstoff im Wald bei der derzeitigen Bewirtschaftung zunimmt (ca. $0,41 \text{ t C ha}^{-1} \text{ Jahr}^{-1}$) [10].

Speicherung von Kohlenstoff in Holzprodukten und der Produktsubstitution (Option 3)

Die Verarbeitung von Holz hat zweierlei Auswirkungen auf den Klimaschutz: (1) Es wird die Menge an Kohlenstoff beeinflusst, die in Holzprodukten festgelegt ist (Produktspeicher), und (2) es werden Bau- und Werkstoffe ersetzt, die bei der Herstellung mehr fossile Energie benötigen als Holzprodukte (Produktsubstitution, stoffliche Substitution). Nach derzeitigen internationalen Abkommen wird zurzeit nur der Produktspeicher als Beitrag des Forst- und Holzsektors zum Klimaschutz angerechnet. Die Produktsubstitution wird als Abnahme im Verbrauch fossiler Brennstoffe registriert, aber nicht als solche ausgewiesen, oder gar zugunsten der Forst- und Holzwirtschaft angerechnet. Holzprodukte umfassen ein breites Spektrum an Verwendungen, die vom Bauholz über Möbelholz bis hin zum Toilettenpapier reichen (Abbildung 1). Neben der Nutzung als Sägeholz werden Holz geringerer Qualität und Holzabfälle aus der Verarbeitung (z. B. Sägemehl) in Spanplatten verarbeitet oder energetisch genutzt. Vom Nadelholz wird derzeit in der ersten Verarbeitungsstufe 84 Prozent stofflich genutzt, während beim Laubholz der Großteil (70 Prozent) unmittelbar energetisch genutzt wird [11–13]. Angestrebt wird eine Kaskadennutzung, bei der Holz über mehrere Verwendungsstufen für verschiedene Produkte wiederverwendet und erst am Ende dieser Nutzungskette energetisch genutzt wird. Ziel ist es, den Produktspeicher in Zukunft zu erhöhen, um den darin gespeicherten Kohlenstoff, der über die Photosynthese aus der Atmosphäre entnommen wurde, längerfristig und in größeren Mengen zu binden.

Ein wichtiger Parameter zur Beurteilung der Wirksamkeit des Produktspeichers ist dessen mittlere Lebensdauer.

ABB. 4 | LEBENSZYKLUS VON BUCHE UND FICHTE



Gezeigt sind die Veränderungen von Bestandsbiomasse, Produkten und Energieholz über die Dauer eines Lebenszyklus der beiden Baumarten. Es werden alle Parameter (auch die Energie) in Holzvolumina umgerechnet, um vergleichbar mit den Vorräten und Zuwächsen im Wald zu sein. Die Buche hat ein höheres Gewicht pro Volumen als die Fichte und wird damit unterbewertet. Die Produktsubstitution wird wegen der Unsicherheiten in der Erfassung nicht gezeigt. Bei der energetischen Nutzung wird zwischen primärer Energie (Brennholz) und sekundärer Energie (Abfallstoffe und Gegenstände nach ihrer Nutzung) unterschieden. Da eine energetische Substitution nicht rückgängig gemacht werden kann, addieren sich die Effekte in der Einsparung fossiler Energieträger. Die energetische Substitution leistet langfristig einen deutlich größeren Beitrag zum Klimaschutz als der Waldbestand selbst. Abb. nach [19].

Für Produkte aus Buchenholz ist wegen des zurzeit hohen Brennholzanteils die mittlere Lebensdauer mit drei Jahren niedriger als die mittlere Zeitdauer, mit der Buchenholz im Wald verrottet (11 Jahre). Für Fichte sind die Abbauraten von Produkten und verrottenden Baumstämmen etwa gleich (22 Jahre). Nadelholz verrottet langsamer, und es wird in genutzter Form länger gespeichert als Laubholz [11]. Die Untersuchung des Lebenszyklus von Holz (Abbildung 4) zeigt, dass der Produktspeicher (Holzmenge in Produktform) bei derzeitiger Verwendung über längere Zeiträume fast konstant bleibt. Der Produktspeicher ist ein Zwischenspeicher vor der energetischen Endverwertung.

Eine Erhöhung des Produktspeichers kompensiert die Treibhausgase in der Atmosphäre, ohne den Verbrauch fossiler Brennstoffe direkt zu reduzieren.

Grundsätzlich sind alle Holzprodukte auch aus anderen Bau- und Werkstoffen herstellbar. Der Käufer entscheidet, ob Holz oder ein anderes Material verwendet wird. Die Nutzung von Holzprodukten vermeidet aber Bau- und Werkstoffe, die in ihrer Herstellung einen höheren Energieaufwand erfordern (Produktsubstitution). So verursacht die Herstellung eines Holzhauses einen 35 bis 50 Prozent geringeren Energieaufwand als ein funktionsäquivalenter Massivbau [2]. Die Produktsubstitution wird mit einem Faktor geschätzt, der die Einsparung von Kohlenstoffemissionen (in Tonnen Kohlenstoff) je Tonne Kohlenstoff im Holzprodukt beschreibt. Die bisher ermittelten durchschnittlichen Substitutionsfaktoren [14–16] liegen zwischen 1,2 und 2,1 t C/t C und besitzen eine große Unsicherheit. Auf der Basis dieser Faktoren werden in Deutschland jährlich zwischen 28 und 53 Millionen Tonnen CO₂-Äqv aus fossilen Quellen vermieden. Das sind 2,8 bis 4,9 CO₂-Äqv ha⁻¹ Jahr⁻¹ inklusive des Verbrauchs fossiler Brennstoffe bei der Verarbeitung. Die Produktsubstitution wird nicht in der Treibhausgasbilanz nach den IPCC-Richtlinien [5] ausgewiesen. Die Produktsubstitution reduziert den Verbrauch fossiler Brennstoffe und hat damit eine andere Qualität als die Speicherung. Die Herstellung neuer Stoffe aus Holz, die auf einer Vergasung der Biomasse oder einer Umstrukturierung der Zellulose beruhen, wurde hier nicht berücksichtigt.

Energetische Nutzung von Biomasse (Option 4)

Die Verwendung von Holz als Brennstoff gehört zu den ältesten Nutzungen durch den Menschen. Auch heutzutage wird relativ viel Holz direkt energetisch genutzt (Brennholz, Hackschnitzel, Pellets). In der Holzverarbeitung anfallende Rest- und Abfallstoffe werden ebenso energetisch verwendet (z. B. in Trocknungsanlagen) wie Holzprodukte

am Ende ihres Lebenszyklus. Die energetische Nutzung von Produkten nach ihrem Gebrauch gelingt nur zum Teil, z. B. über Sperrmüll oder Altholz bei Bausanierungen. Andere Holzprodukte verrotten vor Ort, wie z. B. ein Zaunpfahl auf einer Wiese. Aktuell werden nur etwa 54 Prozent der Holzprodukte energetisch genutzt [11]. Die Quantifizierung der Energieholzmengen ist problematisch, weil ein Teil des Holzeinschlages nicht erfasst und als „Zugabe“ bei der Holzvermessung mit dem Holz aus dem Wald transportiert wird (Rinde, Übermaß). Ein anderer Teil wird für den privaten Gebrauch geerntet und statistisch nicht berücksichtigt [11]. Die offizielle „Holzeinschlagsstatistik“ ist daher unvollständig. Vom jährlichen Gesamtzuwachs werden im deutschen Wald mehr als 70 Prozent genutzt. Der Anteil der industriellen Nutzung am jährlichen Gesamtzuwachs beträgt etwa 46 Prozent.

In der Diskussion über die energetische Nutzung von Holz wird oft angemerkt [17, 18], dass das Holz eine geringere Energiedichte als fossile Brennstoffe hat und damit die Atmosphäre mehr belasten würde als die Nutzung fossiler Brennstoffe. Hierbei wird vernachlässigt, dass in nachhaltig bewirtschafteten Wäldern das ausgestoßene CO₂ in absehbarer Zeit wieder gebunden wird, während eine Neubildung fossiler Brennstoffe Millionen von Jahre dauert. Durch die Ökosystematmung werden im nicht bewirtschafteten Wald etwa 92 Prozent und im Wirtschaftswald 75 Prozent des photosynthetisch gebundenen Kohlenstoffs in relativ kurzer Zeit mikrobiell abgebaut. Der Abbau des Totholzes und der Abbau von Schlagabraum (Zweige und Äste) bei Bewirtschaftung speisen die Ökosystematmung. Durch energetische Holznutzung wird die chemisch gebundene Energie im Holz nicht durch Mikroorganismen, sondern durch den Menschen genutzt. Nur dadurch werden energiereiche, fossile Brennstoffe ersetzt. Dies betrifft fast 10 Prozent des gesamten CO₂-Kreislaufes. Die Emission bei der Biomasseverbrennung wird durch geringere Ökosystematmung ausgeglichen. Waldbewirtschaftung und Holzverwendung verbessern die jährliche Treibhausgasbilanz Deutschlands zurzeit um etwa 11–14 Prozent, die sich näherungsweise zu gleichen Teilen auf den Waldspeicher (lebende und tote Biomasse sowie Waldboden) und die Holzverwendung (Produktspeicher, stoffliche und energetische Substitution) verteilen.

Die Nutzung der Waldfläche für Windkraft und Solaranlagen (Option 5)

Die Photosynthese nutzt etwa ein Prozent der eingestrahelten Sonnenenergie. Das sind ca. 4 Prozent der Leistung, die auf gleicher Fläche durch Windkraftanlagen, und 0,1 Prozent der Leistung, die durch Solaranlagen erzeugt werden könnte [11]. Solarzellen sind unter Laborbedingungen in der Lage, bis zu 34 Prozent der Sonnenenergie zu nutzen. Zur Erreichung der ambitionierten Klimaschutzziele in Deutschland besteht daher die Frage, ob nicht für diesen Zweck Waldflächen für den Bau von Windkraft und Solaranlagen umgewandelt werden sollten (Option 5). Eine Aus-

TAB 3. HOLZBILANZ DEUTSCHLANDS

	(Millionen m ³ /Jahr)	%
Waldzuwachs in Deutschland	121,6	100
Vorratsänderung der Bestände	15,3	13
Totholz im Wald	10,4	9
Holzreste des Einschlags	10,1	8
Rinde & Zugaben beim Holzverkauf	10,1	8
Brennholz	19,7	16
industriell genutztes Holz	56,0	46
	(m ³ _{diesel} ha ⁻¹ Jahr ⁻¹)	(t CO ₂ ha ⁻¹ Jahr ⁻¹)
Substitution energiereicher Produkte	1,1 bis 1,9	2,8 bis 4,9
Substitution von Heizöl durch Holzverbrennung	1,1 bis 1,2	2,9 bis 3,2

Grün: Im Wald gewachsene Holzmenge, Rot: Holznutzung, Gelb: Klimaeffekte unter Berücksichtigung des Verbrauchs fossiler Brennstoffe bei der Holzernte und Holzverarbeitung [12].

weitung von Windkraftanlagen in Wäldern hat vor allem Auswirkungen auf die Tierwelt (v. a. Insekten, Fledermäuse und Vögel) und das Landschaftsbild. Der Flächenverbrauch ist vergleichsweise gering, aber nicht zu unterschätzen [11]. Solaranlagen erscheinen technisch sinnvoller, erfordern aber die Rodung des vorhandenen Waldes mit einem Verlust von Lebensräumen für Pflanzen und Tiere. Sie werden daher eher kritisch gesehen. Ökonomisch bleiben diese alternativen Landnutzungsformen für den Eigentümer aber solange interessant, bis er die Ökosystemleistungen jenseits der Holznutzung angemessen vergütet bekommt. Die Diskussion ist daher noch nicht abschließend geführt.

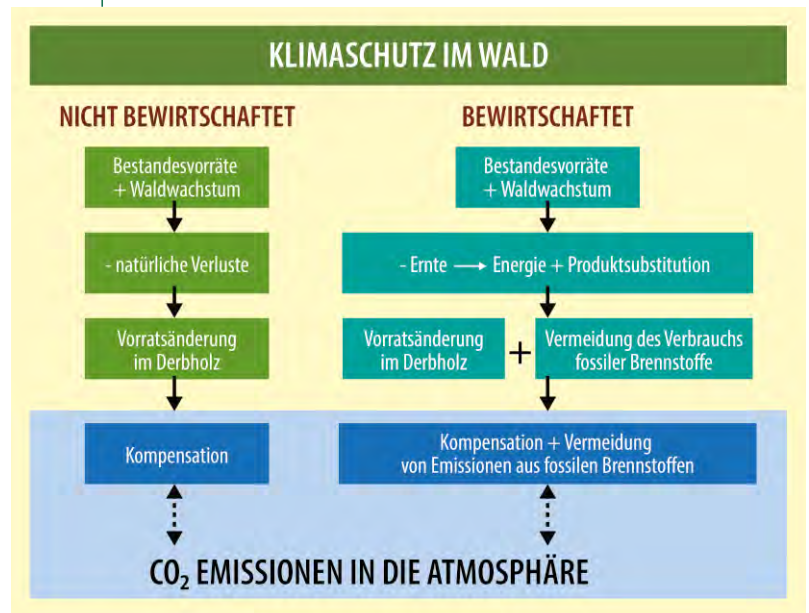
Schlussfolgerung

Die offizielle Klimaschutzbilanzierung für den Wald ist unvollständig. Die Bedeutung der Waldbewirtschaftung und der Holzverwendung für den Klimaschutz kommt nicht zum Ausdruck (Abbildung 5). Der Verzicht auf Holznutzungen („Stilllegung der Waldnutzung“) zum weiteren Ausbau des Kohlenstoffspeichers im Wald ist mit hohen Risiken behaftet und nicht dauerhaft. Es kommt zusätzlich zu Verlagerungseffekten durch Waldnutzung in Wäldern außerhalb Deutschlands, um den Holzbedarf zu decken. Die Bereitstellung von Holz für die holzbe- und verarbeitende Industrie ermöglicht die Nutzung von Holzprodukten als Ersatz von Bau- und Werkstoffen, die in ihrer Herstellung energieintensiver sind und mehr Emissionen verursachen (stoffliche Substitution). Die energetische Nutzung von Holz ersetzt fossile Brennstoffe (energetische Substitution) und belastet bei nachhaltiger Waldbewirtschaftung nicht zusätzlich die Atmosphäre, weil der im Holz gebundene Kohlenstoff alternativ durch Verrottung freigesetzt wird. Stoffliche und energetische Substitution werden bisher nicht als Leistung einer Waldbewirtschaftung angerechnet. Die Forderung nach Anerkennung dieser Leistungen wurde bereits 1999 gestellt [17, 18]. Bei Umwandlung von Wald z. B. in Solaranlagen würde sich die Effizienz der Energiegewinnung pro Hektar Landfläche erheblich steigern, aber viele Ökosystemleistungen des Waldes würden drastisch beeinträchtigt. Sofern die Landnutzungsart von Waldflächen nicht geändert wird, leistet eine nachhaltige Bewirtschaftung und die stoffliche und energetische Nutzung des dabei geernteten Holzes langfristig einen größeren Beitrag zum Klimaschutz als die natürliche Waldentwicklung ohne Holznutzungen.

Zusammenfassung

Optionen für den Beitrag des Waldes zum Klimaschutz verfolgen den Weg des Holzes vom Wald bis zur energetischen Verwertung. Nachhaltig bewirtschafteter Wald kann mit der Bereitstellung von Holz 6 bis 8 Tonnen $\text{CO}_2 \text{ ha}^{-1} \text{ Jahr}^{-1}$ Emissionen aus fossilen Brennstoffen vermeiden, während nicht bewirtschafteter Wald durch die Speicherung von Kohlenstoff im Ökosystem Emissionen aus fossilen Brennstoffen kompensiert, aber keine fossilen Brennstoffe einspart.

ABB. 5 | LEISTUNGEN DES WALDES FÜR DEN KLIMASCHUTZ



Summary

Climate mitigation by forests

This is an overview of options by which forest management contributes to the mitigation of climate change effects. We follow the wood from harvest to its final energy use. By supply of wood, forest management can substitute 6 to 8 tons $\text{CO}_2 \text{ ha}^{-1} \text{ yr}^{-1}$ of fossil fuel emissions while under non-management conditions storage of carbon compensates fossil fuel emissions without reducing fossil fuel use.

Schlagworte:

Produktsubstitution, Energiesubstitution, Kohlenstoffspeicherung, Anrechnung von Emissionen, Klimawirksamkeit.

Danksagung:

Wir danken Frau Annett Börner (www.dn.com.au/annett-boerner.html) für die Gestaltung der Abbildungen.

Literatur

- [1] EU, 2020, <https://ec.europa.eu/clima/policies/strategies/2030de>
- [2] Beirat für Agrarpolitik, Ernährung und gesundheitlicher Verbraucherschutz und Wissenschaftlicher Beirat Waldpolitik beim BMEL. Klimaschutz in der Land- und Forstwirtschaft sowie den nachgelagerten Bereichen Ernährung und Holzverwendung. Gutachten, Berlin, 2016, 409 Seiten.
- [3] Soravia P, 1877, Technologie botanico della Provincia di Belluno, Belluno Reprint 1987.
- [4] WBGU, Welt im Wandel, Erhaltung und nachhaltige Nutzung der Biosphäre. Jahrgutachten 1999, Springer, 482.
- [5] IPCC Guidelines, 2006, <https://www.ipcc-nggip.iges.or.jp/public/2006gl/vol4.html>
- [6] NIR, 2020, <https://unfccc.int/sites/default/files/resource/deu-2020-nir-15apr2020.zip>
- [7] BWI (Bundeswaldinventur). <https://www.bundeswaldinventur.de/>, Ergebnisse unter <https://bwi.info>
- [8] Henning et al., Produktivität der Wälder. AFZ-DerWald, 2019, 14, 28–31.

- [9] M. Mayer et al., Influence of forest management activities on soil organic carbon stocks: A knowledge synthesis. *Forest Ecology and Management*, 2020, 466, 118127.
- [10] N. Wellbrock, A. Bolte, Status and dynamics of forests in Germany. *Ecol. Studies Vol 237*, Springer Verlag, Heidelberg, 2019, 384.
- [11] E. D. Schulze et al., The climate mitigation effect of bioenergy from sustainably managed forests in Central Europe. *GCB Bioenergy*, 2020, 12, 186–197.
- [12] D. Jochem et al., Estimation of wood removals and fellings in Germany: a calculation approach based on the amount of used roundwood. *Eur. J. Forest Res.*, 2015, 134, 869–888.
- [13] M. Bösch et al., Physical input-output accounting of the wood and paper flow in Germany. *Resources Conserv. Recycl.*, 2015, 94, 99–109.
- [14] E. Heuer et al., Was tragen Wald und Holz zum Klimaschutz in Deutschland bei? *AFZ-DerWald*, 2016, 15, S. 22–23.
- [15] P. Leskinen et al., Substitution effects of wood-based products in climate change mitigation. *From Science to Policy 7*. European Forest Institute, 2018, 27.
- [16] Wissenschaftlicher Beirat Waldpolitik beim BMEL (Hrsg.), Eckpunkte der Waldstrategie 2050. Stellungnahme. Berlin, 2020, 71.
- [17] ESAC, Multifunctionality and sustainability in the European Union's forests. *European Academies*, 2017. ISBN:978-3-8047-3728-0, 41.
- [18] Wald-Holz-Manifest von 1999, *Jahrbuch der Ökologie*, Beck, München, 281–285.
- [19] E. D. Schulze et al., The climate mitigation potential of managed versus unmanaged spruce and beech forest in Central Europe. In: JCM Pires and AL da Cunha Concalves (eds) *Bioenergy with carbon capture and storage*, Elsevier, The Hague, 2019, 131–149.
- [20] UNFCCC-COP3 (1997), <https://unfccc.int/process-and-meetings/conferences/past-conferences/kyoto-climate-change-conference-december-1997/cop-3>,
- [21] UNFCCC-COP21 (2015), <http://unfccc.int/resource/docs/2015/cop21/eng/l09r01.pdf>
- [22] E. D. Schulze et al., *Plant Ecology*, 2. Edition. Springer, Heidelberg, 2019, 926.
- [23] M. Thurner et al., Sapwood biomass carbon in northern boreal and temperate forests. *Global Ecol. Biogeogr.* 2018, 28, 640–660.
- [24] M. Mund, E. D. Schulze, Impacts of forest management on the carbon budget of European beech (*Fagus sylvatica*) forests. *Allg. Forst u. Jagdzeitung*, 2006, 177, 47–63.

Die Autoren



Prof. emeritus 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.



Dr. Joachim Rock arbeitet am Thünen-Institut für Waldökosysteme in Eberswalde im Bereich Treibhausgasmonitoring. Er studierte Forstwissenschaften, promovierte in Geoökologie und arbeitet seit 20 Jahren über Treibhausgasbilanzierung, Klimawandel und Waldbewirtschaftung.



Franz Kroiher studierte Forstwirtschaft und ist Querschnittsbeauftragter für Naturschutz am Thünen-Institut für Waldökosysteme in Eberswalde.



Vincent Egenolf ist wissenschaftlicher Mitarbeiter am Center for Environmental Systems Research (CESR) der Universität Kassel. Er studierte Biologie und Bioökonomie und untersucht aktuell den Forstfußabdruck der deutschen Bioökonomie und dessen Auswirkungen.



Dr. Nicole Wellbrock leitet am Thünen-Institut für Waldökosysteme die Bodenzustandserhebung im Wald. Sie hat Geographie mit Schwerpunkt Bodenkunde studiert und über kritische Belastungsgrenzen für Stickstoffeinträge promoviert.



Prof. a. D. Roland Irslinger studierte Forstwissenschaften, arbeitete als Professor für Ökologie an der Hochschule für Forstwirtschaft in Rottenburg am Neckar, baute eine Standortkartierung in Brasilien auf und begründete in Rottenburg eine Professur für Ökobilanzierung und Klimawandel.



Prof. Dr. Andreas Bolte studierte Forstwissenschaften, ist außerplanmäßiger Professor für Waldökologie an der Univ. Göttingen und leitet das Thünen-Institut für Waldökosysteme.



Prof. Dr. Hermann Spellmann editierte dieses Dokument. Er leitete bis zum 31.03.2020 die Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, lehrte in der Abteilung Waldbau und Waldökologie der gemäßigten Zonen der Uni Göttingen, und war bis zum 31.12.2019 Vorsitzender des Wissenschaftlichen Beirates für Waldpolitik beim Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft.

Korrespondenz:

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

Ein Biodiversitätshotspot an der Belastungsgrenze

Naturschutz und Klimawandel im Leipziger Auwald

CHRISTIAN WIRTH | ROLF A. ENGELMANN | NORA HAACK | HENRIK HARTMANN | RONNY RICHTER | FLORIAN SCHNABEL | MATHIAS SCHOLZ | CAROLIN SEELE-DILBAT

Weltweit sterben Wälder unter dem Einfluss der Klimawandels. Jetzt trifft dieses Phänomen auch Deutschland mit voller Härte: Eine Waldfläche entsprechend derjenigen des Saarlands ist der Trockenheit und Hitze der beiden Jahre 2018 und 2019 zum Opfer gefallen. Auch den streng geschützten Leipziger Auwald hat es getroffen. Der Artikel erzählt von der akuten Krise eines Hotspots der Biodiversität. Eine wachsende Stadt, Entwässerung, eingeschleppte Schadpilze und der Klimawandel bringen das System nun an seine Belastungsgrenze.



Der Leipziger Hartholzauenwald zieht sich als grünes Band durch die Stadt Leipzig und gilt als zweitgrößter innerstädtischer Auenwald Deutschlands. Seine mächtigen Stieleichen und Eschen wurzeln in einer mehrere Meter dicken Lehmschicht, der typischen „Vega“ der Auen, die dort historisch durch die Überflutungen der drei Hauptflüsse Weiße Elster, Pleiße und Parthe abgelagert wurde. Deren hohe Sedimentfracht speiste sich aus der Bodenerosion im Zuge der bronzezeitlichen und mittelalterlichen Waldrodungen. Die fruchtbaren Böden der Leipziger Aue sind also ein Nebenprodukt der Urbarmachung Mitteldeutschlands durch unsere Vorfahren. Der Blick auf Landkarten des 19. Jahrhunderts zeigt ein dichtes Netzwerk von mäandrierenden Flüssen (Abbildung 1a). Dieses entstand durch die Aufspaltung (Bifurkation) und Wiedervereinigung (Anastomosen) von Flussläufen, die sich bei der plötzlich stark verminderten Fließgeschwindigkeit in der Leipziger Tieflandsbucht ihren Weg durch die abgelagerten Sedimente bahnen mussten und dabei ein Binnendelta bildeten. Die Schneeschmelze in den Mittelgebirgen verursachte damals regelmäßige Frühjahrshochwasser, die nur langsam abflossen und die die Waldvegetation von jeher geprägt haben [1]. Konkurrenzstarke

Baumarten, wie die Rotbuche und der Bergahorn, die auf nährstoffreichen Standorten dank ihrer dichten Kronen und ihrer hohen Schattentoleranz andere Baumarten verdrängen können, sind gleichzeitig am empfindlichsten gegenüber der sauerstoffzehrenden Wirkung von Überstauungen [2]. Sie spielen daher in regelmäßig überfluteten Auenwäldern kaum eine Rolle. Dies ermöglichte in der Leipziger Aue die Entwicklung eines an Baumarten reichen Hartholzauenwaldes (*Quercus-Ulmetum minoris*) (Abbildung 1d).

Der Hartholzauenwald ist natürlicherweise von der Stieleiche (*Quercus robur* L.), den drei Ulmenarten (Feld-, Flatter- und Bergulme – *Ulmus minor* Mill., *U. laevis* Pall., *U. glabra* Huds.) und der Gewöhnlichen Esche (*Fraxinus excelsior* L.; im Folgenden „Esche“) geprägt. Auf seltener überschwemmten Geländekuppen oder trockeneren Sandlinsen wird er durch Sommerlinde (*Tilia platyphyllos* Scop.) und Winterlinde (*Tilia cordata* Mill.), Hainbuche (*Carpinus betulus* L.), Bergahorn (*Acer pseudoplatanus* L.), Wildapfel (*Malus sylvestris* L. (Mill.)), Vogelkirsche (*Prunus avium* L.) und Salweide (*Salix caprea* L.) ergänzt. In dauerhaft vernässten Rinnen treten die Schwarzerle (*Alnus glutinosa* L. (Gaertn.)) und die Traubenkirsche

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 72 erklärt.

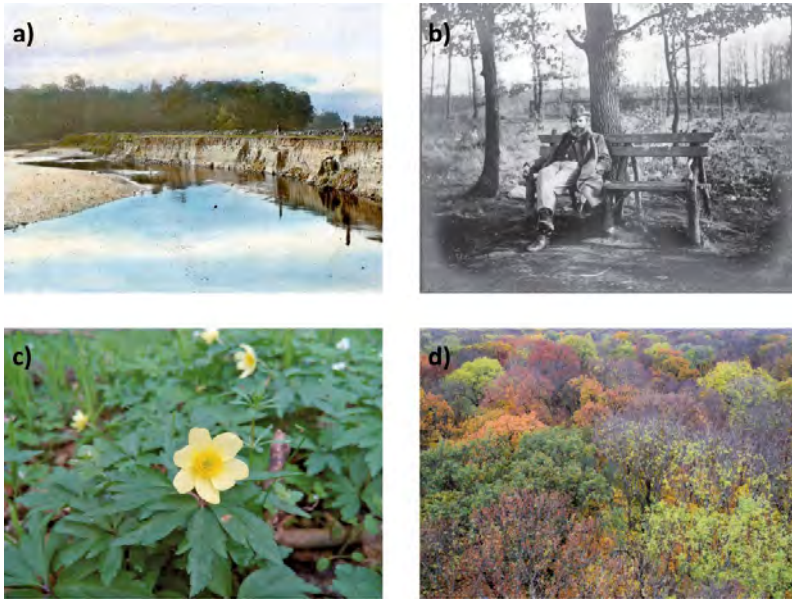


ABB. 1 a) Natürliche Fluss Schleife der Weißen Elster südlich von Leipzig um 1900, b) Mittelwaldfläche um 1910, nach der Ernte der Stockausschläge in der Harth, dem südlichen Ausläufer des Leipziger Auwalds. Auf dem Bild ist Alexander Reichert zu sehen, einer der führenden Entomologen seiner Zeit. c) Leipziger Windröschen (*Anemone x lipsiensis*), d) Leipziger Auwald im Herbst: Die Farbenpracht weist auf den hohen Baumartenreichtum hin. Die Aufnahme erfolgte vom Leipziger Auwaldkran aus. Bildquelle für a) und b): Archiv des Naturkundemuseums Leipzig; zur Verfügung gestellt von Kurator Karl Heyde.

(*Prunus padus* L.) hinzu. Pionierbaumarten wie Hängebirke (*Betula pendula* L.) und Zitterpappel (*Populus tremula* L.) kommen vereinzelt auf Lichtungen und an Waldrändern vor. Die lichtdurchlässigen Kronen der Stieleichen und Eschen fördern eine dichte und reiche Strauch- und Krautschicht mit 12 Straucharten und über 200 Arten von Gräsern und Kräutern [1]. Besonders eindrücklich sind die Vielfalt und Pracht der Frühjahrsblüher. Ihr prominentester Vertreter ist der schon historisch nachgewiesene Bastard aus dem weißen und gelben Buschwindröschen, das Leipziger Windröschen (*Anemone x*

IN KÜRZE

- Habitattradition, Baumartenvielfalt und Nutzungsgeschichte machen den Leipziger Auwald zu einem **Hotspot der Biodiversität** von nationaler Bedeutung.
- Die Entwässerung des Gebiets und das Auftreten neuer Schadpilze haben die typische **Struktur und Baumartenzusammensetzung nachhaltig verändert**.
- Nach **zwei extremen Trockenjahren in Folge**, 2018 und 2019, beginnt die gewöhnliche Esche, die 40 Prozent der Waldfläche ausmacht, großflächig abzusterben.
- Lösungsansätze für die daraus resultierenden Naturschutzprobleme konzentrieren sich auf die **Wiederherstellung eines auentypischen Wasserhaushaltes** und müssen dabei auch den Klimawandel berücksichtigen.

lipsiensis Beck.) (Abbildung 1c). Die Struktur und der Baumartenreichtum des Leipziger Auwalds geht auch auf die historische Waldnutzung zurück, die Bewirtschaftung als sogenannter Mittelwald (Abbildung 1b). Dabei blieben wenige Eichenstämme als „Laßreitel“ für die Bauholzgewinnung und für die Eichelmast der Schweine stehen, während die Mehrzahl der anderen Baumarten regelmäßig „auf den Stock gesetzt“, also jung gefällt wurden. Die Arten des Hartholzauenwalds treiben danach wieder aus den Wurzelstöcken. Wenn diese „Stockausschläge“ Armdicke erreicht hatten, wurden sie meist als Feuerholz, aber auch zum Zaunbau oder zum Schnitzen verwendet. Diese Nutzungsform hat den natürlichen Baumartenreichtum bewahrt, vermutlich die Lindenarten im Gebiet gefördert und gleichzeitig die für den Artenschutz wichtigen starken Stieleichen mit ausladenden und totholzreichen Kronen hervorgebracht.

Der botanische Reichtum und die strukturelle Vielfalt spiegeln sich in einer bemerkenswert hohen und sehr eigenen Biodiversität von Tieren und Pilzen [3, 4]. Unter den Säugetieren sind die Europäische Wildkatze (*Felis silvestris* Schreber) und die elf Fledermausarten hervorzuheben. Im Leipziger Auensystem brüten 105 Vogelarten, darunter allein sieben Spechtarten, deren prominentester Vertreter der an Stieleichen gebundene Mittelspecht (*Dendrocopos medius* L.) ist. Für ihn trägt Deutschland gemäß der EG-Vogelschutz-Richtlinie eine besondere Schutzverantwortung. Die Verantwortung für den Auwald wird an einer Art der ► Flora-Fauna-Habitat-Richtlinie (FFH) besonders deutlich: Der Maivogel (*Euphydryas maturna* L.), ein Schmetterling aus der Gruppe der Schreckenfaller, hat im Leipziger Auwald eines von nur vier Vorkommen in Deutschland. Bemerkenswert ist weiterhin der hohe Anteil von Urwaldreliktarten unter den holzbewohnenden Käfern, darunter der Eremit (*Osmoderma eremita* L.), eine weitere FFH-Art, die durch die Proteste um Stuttgart 21 bundesweit bekannt wurde.

Insbesondere über die Bewohner der Baumkronen ist im Leipziger Auwald viel bekannt. Ein ► Forschungskran auf Schienen inmitten des Waldes ermöglicht detaillierte Untersuchungen mithilfe einer Gondel, die sich in das Blätterdach hinabsenken lässt. Dort können Wissenschaftler*innen Proben nehmen, Experimente durchführen oder Fallen und Sensoren aufhängen. Der Kran wird vom ansässigen DFG-Forschungszentrum ► iDiv und der Universität Leipzig betrieben und dient der Grundlagenforschung zur Biodiversität. Drei Ergebnisse sind für den praktischen Naturschutz besonders wichtig: (1) Der Artenreichtum ist außerordentlich hoch; (2) ein hoher Anteil von Arten ist an eine oder wenige Baumarten gebunden; (3) viele Arten sind selten und in Roten Listen geführt. Dies soll am Beispiel der am besten untersuchten Artengruppe, der Käfer, illustriert werden: In systematischen Erhebungen in 12 bzw. 15 Individuen von drei Hauptbaumarten wurde in den Jahren 2016–2018 mit Hilfe von Kreuzfensterfallen während der Vegetationsperiode alle 14 Tage

die Käferfauna charakterisiert [5]. Allein in den Jahren 2016 und 2017 konnten 568 Käferarten gefunden werden. Von diesen sind 41 nach der Roten Liste entweder stark gefährdet oder vom Aussterben bedroht, und rund ein Viertel von diesen wiederum sind sogenannte Urwaldreliktarten, also Arten mit einer engen Bindung an Wälder, die eine lange Kontinuität des Waldbestandes aufweisen (Habitattradition). Die Urwaldreliktarten treten vermehrt in totholzreichen Strukturen auf. Etwa die Hälfte (47%) der Arten konnten nur in einer der drei Baumarten gefunden werden, und nur etwa ein Drittel der Arten waren Ubiquisten, die auf allen drei Baumarten vorkamen (Abbildung 2). Ähnliche Muster bezüglich der Bindung an Baumarten konnten in weiteren Studien am Forschungskran für viele andere Artengruppen gezeigt werden [4]. Auch die Urwaldreliktarten waren zum Teil an einzelne Baumarten gebunden, wobei Stieleiche und Esche die höchste Anzahl aufwiesen.

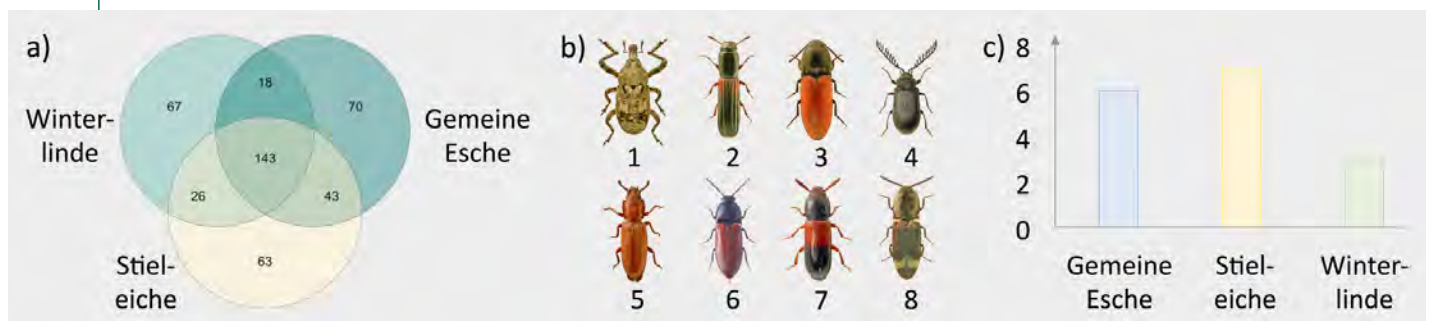
Die Entwässerung der Leipziger Aue und ihre Folgen

Die oben beschriebene Waldvegetation existiert heute im Gebiet nicht mehr. Sie schildert den Zustand des Auwalds Mitte des 19. Jahrhunderts. Wenig später begann die Gründerzeit, in der die Stadt Leipzig als Folge der Industrialisierung mit enormer Geschwindigkeit wuchs. Bekannte Leipziger Stadtteile wie das Musikviertel, die Südvorstadt oder Schleußig wurden in die Aue gebaut. Dies schuf zwei Probleme: Die neuen Quartiere mussten vor Hochwasser geschützt werden, und die sprunghaft angestiegene Last an ungereinigten Industrie- und Siedlungsabwässern musste schnell aus der Stadt abgeführt werden. In den 1930er Jahren wurde die Neue Luppe gebaut (Abbildung 3), ein Entwässerungskanal, der nicht nur Hoch- und Abwasser abführte, sondern auch ganzjährig den Grundwasserspiegel um 1,5–2 Meter senkte. Kleinere Fließgewässer und Mühlgräben versiegten, Altarme und ► Qualmwassersenkten fielen

trocken. Auch die vielen temporären Waldtümpel verschwanden, in denen das Wasser nach den Frühjahrshochwassern bis in den Sommer stand. Bis zu den jüngsten Hochwassern in den Jahren 2011 und 2013 hatte es im Auwald seit 1954, also fast 60 Jahre lang, keine Überschwemmungen mehr gegeben. Ab der Mitte des letzten Jahrhunderts führte der Braunkohletagebau im Leipziger Südraum zu einer zusätzlichen Absenkung des Grundwassers.

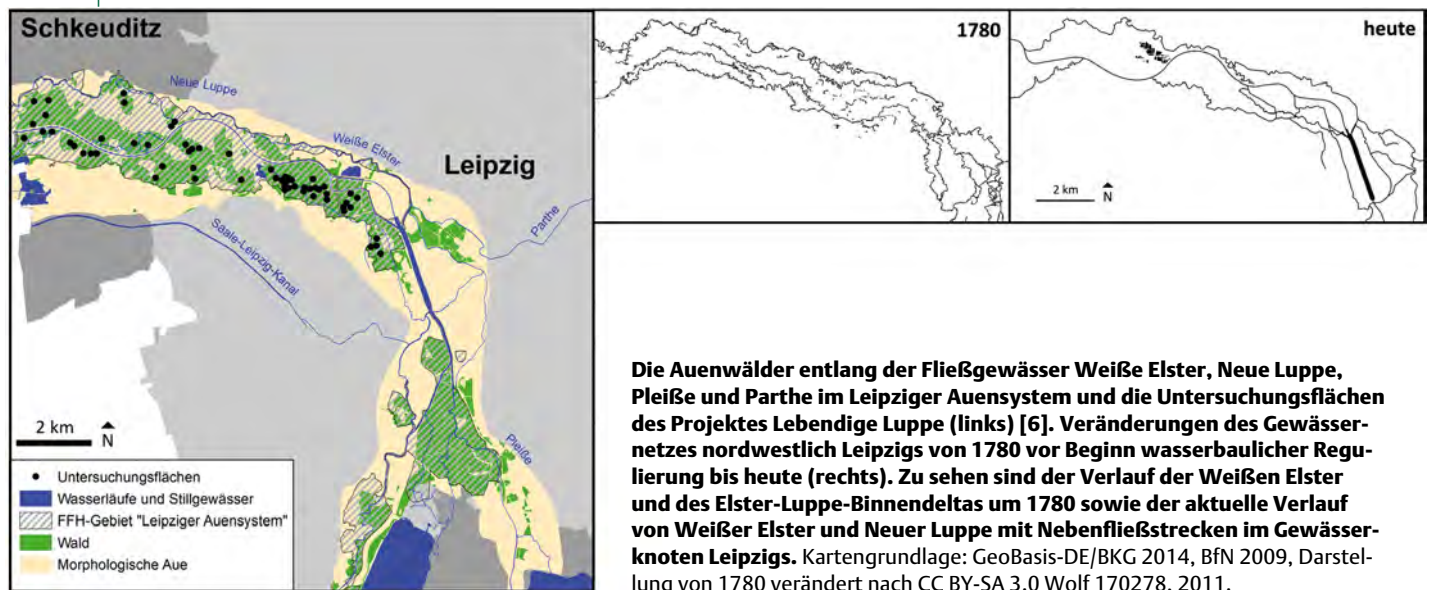
All dies führte dazu, dass sich die Standortbedingungen und damit die Konkurrenzverhältnisse zwischen den Baumarten grundlegend änderten. Das obere Kronendach der heutigen Waldvegetation mit seinen starken Stieleichen und Eschen trägt einen musealen Charakter. Dank der Langlebigkeit von Bäumen spiegelt es noch die Auenshydrologie und den Waldbau des 19. Jahrhunderts wider. Wer wissen möchte, wie der Wald der Zukunft aussieht, muss sich die Verjüngung am Waldboden und in den unteren Baumschichten anschauen. Hier dominieren heute zwei Ahornarten, der Bergahorn und zunehmend auch der Spitzahorn (*Acer platanoides* L.) sowie die Ulmenarten (v. a. der Hybrid aus Feld- und Bergulme *Ulmus x hollandica* Mill.), die es aufgrund des Ulmensterbens allerdings schon seit Jahrzehnten nicht mehr in das Kronendach schaffen (Abbildung 4). Im Projekt „Lebendige Luppe“, das vom Bundesamt für Naturschutz im Rahmen des Bundesprogramms Biologische Vielfalt gefördert wird und sich die Wiederherstellung der Auendynamik zum Ziel gesetzt hat, wurde die Verjüngung auf 60 über den Auwald verteilten Flächen detailliert untersucht (siehe Abbildung 3, schwarze Punkte, [6]). Die genannten Ahornarten machen die Hälfte der Verjüngung aus (47%). Dies liegt darin begründet, dass sie als nährstoffliebende aber stauwasserempfindliche Arten in einer ausgetrockneten Aue ideale Wuchsbedingungen vorfinden. Die Floren des 19. Jahrhunderts weisen den Bergahorn noch als selten aus [z. B. 7]; der Spitzahorn findet darin keine Erwähnung. Seit dem

ABB. 2 | AUWALDBÄUME ALS HABITAT FÜR URWALDRELIKTARTEN



a) Käferarten pro untersuchter Baumart: Gezeigt ist ein Venn-Diagramm der Funde an Käferarten in Kreuzfensterfallen in drei Baumarten des Leipziger Auwalds [5]. 200 Käferarten (47%) konnten nur in einer der drei Baumarten, 143 (33%) in allen drei Bäumen gefunden werden. **b) Urwaldreliktarten, die auf eine lange Habitattradition von Mischwäldern angewiesen sind:** 1: *Gastrocercus depressirostris*, 2: *Colydium filiforme*, 3: *Ampedus cardinalis*, 4: *Cerophytum elateroides*, 5: *Pycnomerus terebrans*, 6: *Ampedus brunnicornis*, 7: *Corticeus fasciatus*, 8: *Lacon querceus*. **c) Urwaldreliktarten pro untersuchter Baumart:** In der Stieleiche und der Esche, typischen Baumarten der Hartholzauenwälder, konnten die meisten Urwaldreliktarten an Käfern gefunden werden. Die Winterlinde repräsentiert eine Begleitbaumart, die auf der Fläche des Leipziger Auwaldkrans besonders stark vertreten ist. Sie bevorzugt seltener überschwemmte Standorte und wurde durch die historische Waldnutzung gefördert. Fotos der Käfer von Lech Borowiec.

ABB. 3 | DAS LEIPZIGER AUENSYSTEM



Die Auenwälder entlang der Fließgewässer Weiße Elster, Neue Luppe, Pleiße und Parthe im Leipziger Auensystem und die Untersuchungsflächen des Projektes Lebendige Luppe (links) [6]. Veränderungen des Gewässernetzes nordwestlich Leipzigs von 1780 vor Beginn wasserbaulicher Regulierung bis heute (rechts). Zu sehen sind der Verlauf der Weißen Elster und des Elster-Luppe-Binnendeltas um 1780 sowie der aktuelle Verlauf von Weißer Elster und Neuer Luppe mit Nebenfließstrecken im Gewässerknoten Leipzigs. Kartengrundlage: GeoBasis-DE/BKG 2014, BfN 2009, Darstellung von 1780 verändert nach CC BY-SA 3.0 Wolf 170278, 2011.

Bau der Neuen Luppe hatte der Bergahorn, verschont von Überschwemmungen, genug Zeit, um bis heute fast ein Fünftel des Bestands zu erobern und ins untere Kronendach aufzuschließen. Von dort aus verbreitet er seine flugfähigen Samen mittlerweile in jede Bestandslücke. Das hat Konsequenzen für die anderen Baumarten, insbesondere die Eiche: Der schattentolerante Ahorn ist in der Lage, aus mehreren Blättern eines Triebes einen dichten Schirm zu bilden, der kaum Licht durchlässt. Ist der Waldboden eines normalen Auwalds eher licht und sonnenfleckig, so ist er unterhalb der durchgehenden Ahornverjüngung gleichmäßig dunkel. Lichtbedürftige Arten wie die Eiche können hier zwar noch keimen und sich als Sämlinge heterotroph von der Stärke der Eichel ernähren, sobald diese aber aufgebraucht ist, gehen sie an Lichtmangel ein. In der genannten Untersuchung waren von insgesamt 9658 entlang von Transekten inventarisierten Jungbäumen nur 14 mehrjährige Eichenschösslinge. Auf die Fläche gerechnet hat die Stieleiche in der Strauchschicht nur einen Anteil von 0,3 Prozent. Der Vormarsch des Ahorns kombiniert mit einer mangelnden Naturverjüngung der Eiche wurde auch in anderen Hartholzauenwäldern Deutschlands beschrieben (Überblick in [8]). Die Forstleute haben dafür sogar einen Begriff geprägt: „Verahornung“. Es sei in diesem Zusammenhang erwähnt, dass die Zunahme der historisch nicht häufigen Esche seit 1850 vor allem auf Anpflanzungen zurückgeht.

Naturschutz und Forstwirtschaft in einem trockenen Auwald

Angesichts der zahlreichen seltenen und charakteristischen Tier- und Pflanzenarten und Biotope verwundert es nicht, dass der Leipziger Auwald einen hohen Schutzstatus genießt. Er ist ausgewiesen als Landschaftsschutzgebiet, als *Special Protection Area* (SPA) der EG Vogelschutz-

Richtlinie und als FFH-Gebiet (Gebiete von gemeinschaftlicher Bedeutung (GGB) bzw. *Special Areas of Conservation* (SAC), u. a. für Lebensraumtyp Hartholzauenwald) und beherbergt vier Naturschutzgebiete. Da der Erhaltungszustand dieses Lebensraumtyps bundesweit insgesamt ungünstig bis schlecht ist [10], kommt dem Leipziger Auwald als sechstgrößtem zusammenhängenden Hartholzauwald mit knapp 720 ha innerhalb eines FFH-Gebietes in Deutschland eine hohe Bedeutung zu [11]. Das Schutzziel des Managementplans, der die Pflege und Entwicklung des ca. 2.824 ha großen Gebietes regelt, ist es daher, den Auwald in einer möglichst typischen Ausprägung zu bewahren. Das beinhaltet, dass die bestimmenden Baumarten Stieleiche und Esche im Ökosystem erhalten bleiben, nicht zuletzt, weil ein großer Teil der schützenswerten Kronen- und Totholzbewohner von diesen Baumarten abhängen. Die Feldulme wird genannt, ist aber während der zweiten Welle der Holländischen Ulmenkrankheit in den 1960er Jahren fast vollständig aus dem Oberstand verschwunden. Die durch den Pilz hervorgerufene Krankheit führt erst bei älteren Bäumen zur Mortalität, so dass die Feldulme trotz relativ starker vegetativer Verjüngung (Abbildung 4d) nicht mehr zum Starkbaum aufwächst.

Die Diskussion um den Erhalt der Stieleiche in Auwäldern bietet interessante Einblicke in den naturschutzinternen Konflikt zwischen Arten- und Prozessschützer*innen. Da die Stieleiche sich in Konkurrenz mit den Ahornarten aus Lichtmangel nicht mehr naturverjüngt, der FFH-Managementplan aber sogar eine Erhöhung des Eichenanteils anmahnt, wird die Stieleiche vom Forst in kleinen Lichtungen (ca. 40 × 40 m), sogenannten Femeln, angepflanzt. Bei der Anlage dieser Femel werden Starkeichen und Biotopbäume ausgespart. Das Saatgut für die Jungeichen wird vor Ort gesammelt. Die Femel werden durch Zäune gegen Wildverbiss geschützt und regelmäßig von Ahorn befreit,

da die fehlenden Überflutungen diesen nicht mehr natürlicherweise zurückdrängen. Die Richtlinien vom Bundesamt für Naturschutz zum Schutz des Lebensraumtyps „Hartholzauenwald“ empfehlen dieses Vorgehen [10], da fehlende Eichennaturverjüngung ein in ganz Deutschland verbreitetes Problem in Auwäldern ist [8]. Von Vertreter*innen des Prozessschutzes, die Eingriffe in Naturschutzgebiete ablehnen, wird dieses Vorgehen kritisiert. Es gibt hier zwei Argumentationslinien. Die erste ignoriert die oben genannten Befunde und behauptet, dass sich die Stieleiche im Leipziger Auwald sehr wohl verjüngt, dies aber von offizieller Seite unterschlagen wird, damit die Nutzung aufrechterhalten werden kann. „Um Eichen nachzuziehen, braucht man keine Löcher in den Wald backen“, so der Vorwurf des bekannten Försters Peter Wohlleben in einer Videobotschaft an die Leipziger Bürger*innen. Die zweite Argumentationslinie appelliert an unsere Geduld und stellt die Hypothese auf, dass Stieleichen sehr langlebig sind und in den nächsten Jahrhunderten Bedingungen auftreten könnten, die ihre Naturverjüngung wieder ermöglichen. Das ist durchaus möglich, vor allem wenn die Aue dereinst wieder dynamisiert sein

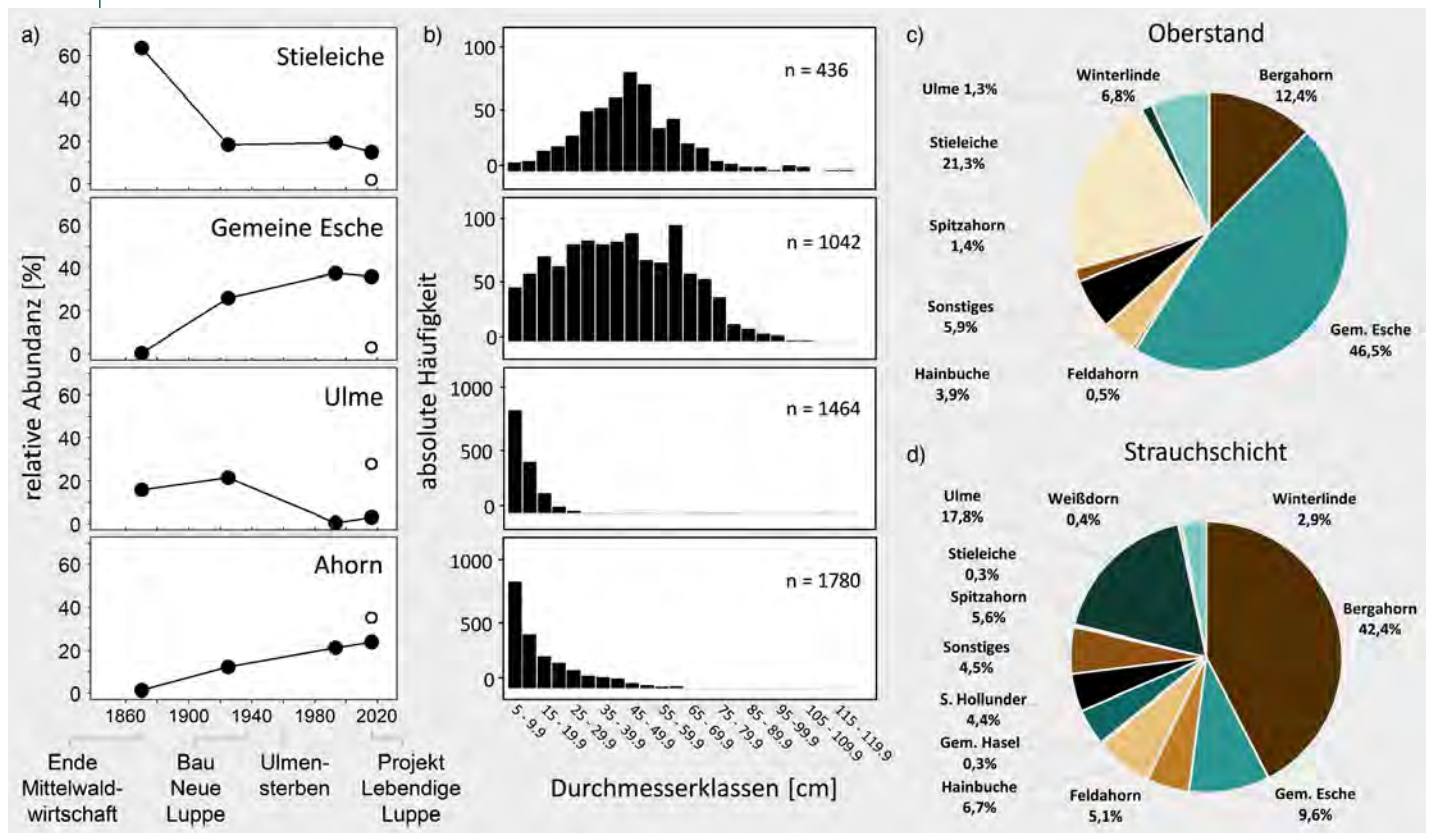
sollte (siehe unten), aber es ist nicht ohne Risiko. Die verbliebenen Alteichen, die noch aus der Zeit der Mittelwaldwirtschaft stammen, könnten bis dahin so stark reduziert sein, dass Populationen von eichenabhängigen Organismen zusammenbrechen.

Es ist wichtig zu verstehen, dass es sich hier nicht um einen Konflikt zwischen Forstwirtschaft und Naturschutz handelt. Die Forstwirtschaft setzt derzeit einen Managementplan um, der von Naturschutzexpert*innen aus Behörden und Verbänden erstellt wurde. Als Randnotiz sei hinzugefügt, dass eingreifender Naturschutz per Sense oder Schafherde – zum Beispiel beim Erhalt von Trockenrasen – Akzeptanz in der Bevölkerung genießt, nicht jedoch der Naturschutz per Motorsäge, die von manchen als Symbol der Naturzerstörung wahrgenommen wird.

Nicht gefeit gegen den Klimawandel

Die schleichenden Änderungen der Artenzusammensetzung haben das Bild des Auwalds für Laien nicht grundlegend verändert. Bis 2018 bot sich dem Besucher der Anblick eines mehrschichtigen geschlossenen Hochwaldes mit vereinzelt Feneln. Einige alte Eschen zeigten eine

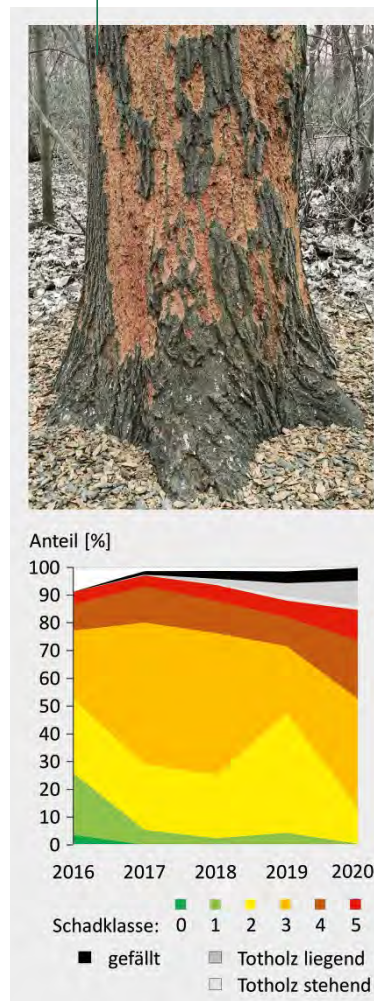
ABB. 4 | VERÄNDERUNGEN DER ARTENGEMEINSCHAFT DES LEIPZIGER AUWALDS



Gezeigt sind die Veränderung der Bestandszusammensetzung in prozentualen Anteilen von 1870 bis heute (a) sowie die absolute Häufigkeit der heutigen Hauptbaumarten sortiert nach Durchmesserklassen (b). Die beiden Kreisdiagramme rechts vergleichen die heutige Artenzusammensetzung der Baumschicht (c) und der Verjüngung im Unterwuchs (d). b–d) Inventur auf den 60 Untersuchungsflächen (je 0,25 ha) des Projekts „Lebendige Luppe“. Die Strauchschicht wurde über eine Transektmethode inventarisiert. Datengrundlage: a) 1870, 1925, 1993 aus Haase & Gläser (2009) [9] sowie für 2009, 2016 aus der Inventur Lebendige Luppe.

erste Auflichtung der Krone, die auf den Befall mit einem Pilzerreger (Eschentriebsterben durch *Hymenoscypha fraxineus* Baral) zurückgeht, der vom Baltikum vordringend spätestens 2010 in Leipzig eintraf. 2018 begann dann eine fast dreijährige Trockenperiode, ein in der jüngeren Geschichte Sachsens beispielloses Ereignis. Das Jahr 2018 war mit einem Dürreindex (► SPEI, DWD Station 2932 Leipzig/Halle) von -1.9 deutlich trockener als das bekannte Trockenjahr 2003 (-1.2; „European Heatwave“). Das Besondere: Das Jahr 2019 war ebenfalls ungewöhnlich trocken (-1.7). Da diese Werte für das ganze Jahr gerechnet wurden, bedeutet dies auch, dass die Wasserreserven über das Winterhalbjahr 18/19 nicht aufgefüllt werden konnten. Das Jahr 2019 begann bereits trocken und blieb es. Ähnliche Bedingungen herrschten in ganz Deutschland, und die Medien berichteten von den dramatischen Schäden. Das Johann Heinrich von Thünen-Institut schätzt die Schadensfläche auf 285.000 ha. Dies entspricht der Waldfläche des Saarlands. Vor allem die Fichtenwälder des Tieflands und die Buche sind betroffen, aber stellenweise waren auch die anderen beiden Hauptbaumarten Deutschlands, die Waldkiefer und die Stieleiche betroffen. Die Gründe für das Absterben der Bäume sind bisher nur unzureichend untersucht. Zwar kann man in manchen Situationen von einem Verdursten oder Vertrocknen der Bäume ausgehen, welches durch das Versagen des Wassertransportes infolge von Emboliebildung im Wasserleitsystem hervorgerufen wird. In den meisten Fällen muss man aber davon ausgehen, dass der Einfluss der Dürre auf die Vitalität der Bäume komplexer ist: Das Schließen der Spaltöffnungen reduziert die Photosyntheseaktivität. Der dadurch verursachte Kohlenstoffmangel („Hunger“) und ein eingeschränkter Zuckerttransport verringern zusätzliches Wurzelwachstum und damit die Wasseraufnahme und können zu einer Schwächung des Abwehrsystems der Bäume führen. Dadurch werden diese anfälliger gegen Krankheiten und Schädlinge [12].

ABB. 5 INVENTUR DES ESCHENSTERBENS



Oben: Vom Eschenbastkäfer befallene Esche der Schadklasse 5. Um an die Larven der Käfer zu gelangen, haben Spechte die äußere Borke entfernt, deren Bruchstücke sich am Stammfuß sammeln. Unten: Ergebnisse der Inventur des Eschentriebsterbens auf den Untersuchungsflächen des Projekts „Lebendige Luppe“ seit dem Jahr 2016 anhand von 1065 adulten Eschen. Der zeitliche Verlauf der Anteile verschiedener Schadklassen (0 = gesund bis 5 = absterbend) ist dargestellt. Der Anteil der toten (stehend, liegend oder geerntet) oder stark geschädigten und absterbenden Individuen ist bis zum Jahr 2020 auf 47% angestiegen. Vitale oder nur leicht geschädigte Individuen gibt es 2020 nicht mehr.

Verschwinden nach den Ulmen nun die Eschen?

Auch im Leipziger Auwald kam es in dieser Zeit zu dramatischen Waldschäden. Das ist bemerkenswert, sollte man doch davon ausgehen, dass Auwälder auf hydrologisch begünstigten Standorten einer Trockenheit leichter standhalten. Besonders schlimm hat es die Esche getroffen, die bereits durch das Eschentriebsterben vorgeschädigt war. Die Vitalität von 1065 adulten Eschen wurde in den Untersuchungsflächen „Lebendige Luppe“ seit 2016 erfasst. Dafür wurde der Boniturschlüssel der Nordwestdeutschen Forstlichen Versuchsanstalt von 2016 verwendet (Abbildung 5). Individuen der Schadklassen 4 und 5 können als irreversibel geschädigt angesehen werden. Sie sind bereits von Eschenbastkäfern befallen (*Hylesinus fraxini* Fabricius, *H. toranio* D'Anthoine und *H. crenatus* Fabricius), ein untrügliches Zeichen des terminalen Zustands. Die hellen Rindenmale der nach Larven hackenden Spechte sind weithin sichtbar. Der Anteil der Individuen, die entweder diesen beiden Schadklassen angehören oder bereits abgestorben sind, ist seit 2016 von 14 auf 47 Prozent angestiegen. Weitere 39 Prozent gehören der nächsten Schadklasse 3 an, die durch aufgelichtete Kronen, vermehrte Totäste und beginnende Stammfußnekrosen charakterisiert ist. Gänzlich gesunde Individuen gibt es seit 2017 nicht mehr. Anekdotisch interessant ist, dass sich im ersten Trockenjahr 2018 mit einer stärkeren Belaubung die Schadenssymptome zunächst leicht besserten (siehe auch Abbildung 5), bevor sie dann im Jahr 2019 umso stärker zunahm. Das zweite Opfer der Trockenheit ist der Bergahorn. Die Rußrinden-Krankheit, eine weitere Pilzerkrankung (*Cryptostroma corticale* Ellis & Everh.), befallt nach Trockenstress vor allem Starkbäume des Bergahorns und kann diese innerhalb von wenigen Monaten abtöten. Eine Erstinventur der Mortalität im Sep-

tember 2020 hat ergeben, dass von einer räumlich verteilten Stichprobe von 1295 Ahornbäumen bereits ein Fünftel (20,1%) innerhalb eines Jahres abgestorben ist. Ein weiteres Drittel (34,3%) zeigt bereits Schadenssymptome.

Trockenstress in Echtzeit

Mithilfe des Leipziger Auwaldkrans, der 2001 von Prof. Wilfried Morawetz etabliert und nun vom DFG-Forschungszentrum iDiv weiter betrieben wird, war es möglich, Bäume mit Messgeräten zu instrumentieren (Abbildung 6). 2017 wurden von fünf Arten (Esche, Stieleiche, Winterlinde, Hainbuche, Bergahorn) 30 große Bäume am Stamm und in der Krone mit verschiedenen Sensoren bestückt, darunter drahtlos vernetzte Temperatursensoren, Zeitrafferkameras, die den Kronenschluss erfassen, und Stammflusssensoren, die die Wassertransportraten der Bäume messen. Ursprüngliches Ziel war die Untersuchung des Mikroklimas und der Kühlwirkung verschiedener Baumarten, aber die Sensoren zeichnen auch ein Bild der arttypischen Reaktionen auf die Trockenheit. Dies ist in Abbildung 7 am Beispiel der Eiche verdeutlicht. Eine automatisierte Bildanalyse der täglich aufgenommenen Kronenbilder für das Trockenjahr 2018 zeigt, wie der Kronenschluss (Anzahl der Bildpixel, die nicht als Himmel klassifiziert werden) von 77 Prozent im Mai auf 67 Prozent Anfang September abnimmt. Ob dies auf Blattfall oder die Änderung der Blattstellung zurückgeht, kann die Methode nicht feststellen. Visuelle Beobachtungen im Kronendach legen aber nahe, dass Strukturveränderungen eine Rolle spielen. Wir beobachteten eine Steilstellung der Blätter und eine Öffnung der Krone dadurch, dass bis zu 5 cm dicke Äste Turgorverlust erleiden und sich herab neigen (Abbildung 7, oben). Der Bergahorn wirft normalerweise seine Blätter nicht vor Ende Oktober ab. 2018 hatte er bis Anfang September 20 Prozent und bis Anfang Oktober 40 Prozent des Kronenschlusses eingebüßt. Hier war vorzeitiger Blattfall der Hauptgrund für die Auflichtung [13].

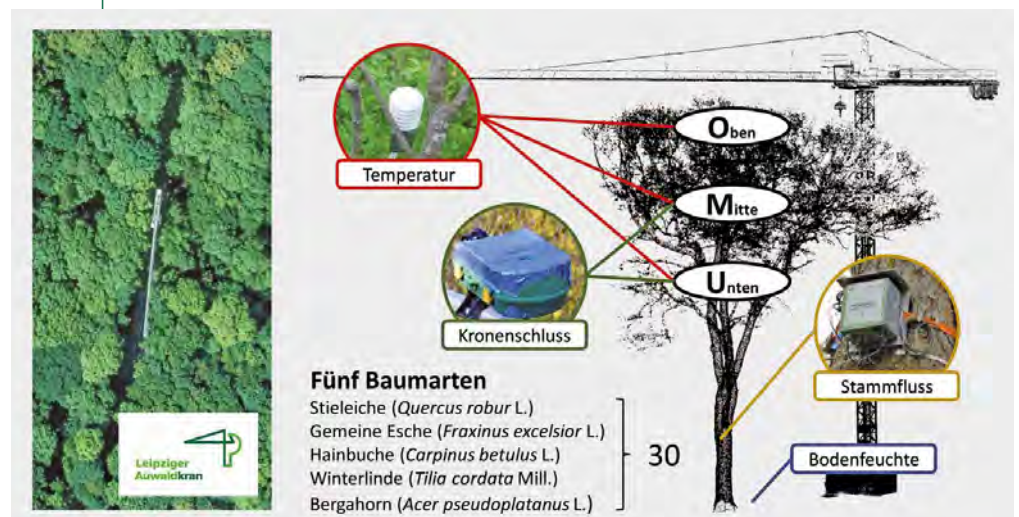
Der Wassertransport der Stieleiche zeigt die verstärkende Wirkung von aufeinander folgenden Trockenjahren besonders deutlich. Als isohydrische Baumart schließt die Eiche unter Trockenstress früh die Spaltöffnungen. Dies führt zu einer Reduktion des Wassertransports durch den Stamm, weil die Transpiration und somit auch die Sogwirkung der Blätter nachlassen. Im Jahr 2018 sinkt der Wassertransport beinahe linear um die Hälfte ab. Dies deutet darauf hin, dass die Wasservorräte des Auenlehms sukzessive entleert werden und damit der Trockenstress kontinuierlich zunimmt. Typischerweise füllen sich die Wasservorräte über die Wintermonate wieder auf. Auch wenn wir es nicht direkt gemessen haben, so scheint dies im Winter 2018/19 nicht geschehen zu sein. Anfang Mai 2019 ist der Wassertransport viermal gerin-

ger als zur gleichen Zeit in 2018 (etwa 0,08 gegenüber 0,32 ml cm⁻² min⁻¹), d. h. die Eiche beginnt die Wachstumsperiode bereits mit stressbedingt geschlossenen Spaltöffnungen. Nach Niederschlägen im Mai erholen sich die Raten kurzzeitig, um dann bei der einsetzenden Juni-Trockenheit auf die Hälfte der Vorjahresflüsse abzufallen – trotz vergleichbarer Witterung. Zum Spätsommer hin setzt dann witterungsbedingt eine leichte Erholung ein. Dieses Verhalten ist ein deutliches Indiz für den kumulativ verstärkenden Effekt der aufeinanderfolgenden Trockenjahre.

Trockenstress auch in der Fläche

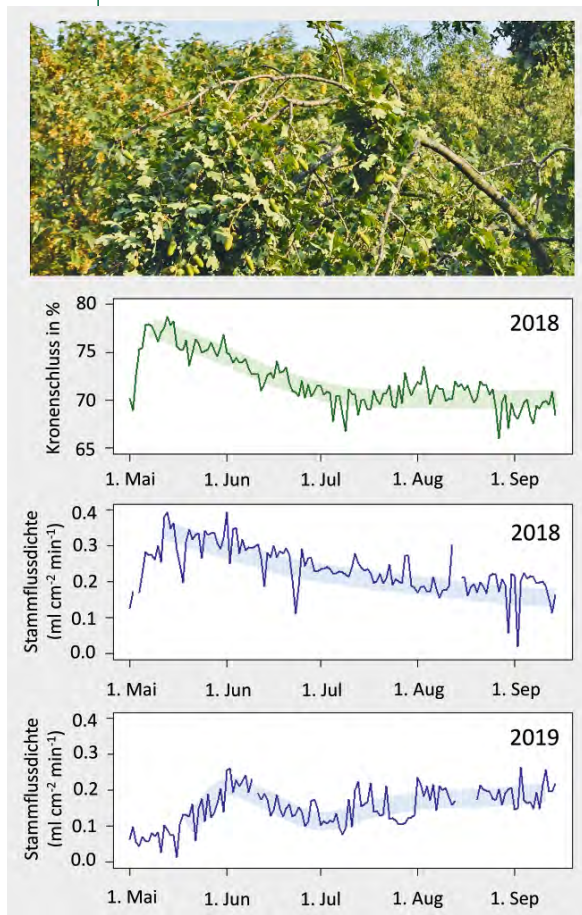
Die untersuchten Bäume befinden sich innerhalb einer kleinen Fläche von 1,6 ha. Da lokale Besonderheiten nicht auszuschließen sind, haben wir nach Möglichkeiten gesucht, das Ausmaß der unmittelbaren Stressreaktion anhand des Wachstums der Bäume im Gesamtgebiet zu quantifizieren. Um Wachstumsraten zu rekonstruieren, wurden im Rahmen der Bachelorarbeit von Sarah Purucker [14] Holzbohrkerne von drei Baumarten (Eiche = 40, Esche = 42, und Bergahorn = 32 Individuen; jeweils ein Kern pro Individuum auf einer Höhe von 80 cm) gewonnen. Für die Standortauswahl haben wir abermals die Untersuchungsflächen des Projekts „Lebendige Lupe“ verwendet. Für jeden Kern wurde nach sorgfältiger Kreuzdatierung die Dicke der Jahrringe vermessen (Jahrringchronologie). Um den Einfluss der Trockenjahre zu quantifizieren, haben wir innerhalb der letzten 20 Jahre nach dem oben genannten Dürreindex klimatische Normaljahre und „normale Trockenjahre“ unterschieden (siehe Abbil-

ABB. 6 | DER FORSCHUNGSKRAN DES LEIPZIGER AUWALDS



Links: Luftbild des Auwaldkrans des Deutschen Zentrums für integrative Biodiversitätsforschung (iDiv) Halle-Jena-Leipzig im Luftbild. Die Schneise wird durch Gleise gebildet, auf denen der Kran über eine Distanz von 120 m bewegt werden kann und damit auf einer Fläche von 1,6 ha Zugang in den Kronenraum ermöglicht. In den Baumkronen und an den Stämmen von 30 Bäumen der fünf häufigsten Baumarten (rechts) wurden Klimasensoren installiert, die über ein drahtloses Netz ausgelesen werden können. Bilder sogenannter „Pheno-Cams“ (Zeitrafferkameras) in die Krone erlauben die Quantifizierung des Kronenschlusses. Stammflusssensoren messen den Transport von Wasser durch das Xylem der Stämme (siehe Abbildung 7).

ABB. 7 | EINFLUSS VON TROCKENHEIT AUF DIE STIELEICHE



Oben: Während der Trockenheit 2018 überhängende Äste im Kronendach von Stieleichen. Unten: Abnahme des Kronenschlusses bei drei Individuen der Stieleiche im Jahr 2018 um etwa 8 Prozent (oben – grün [10]; Bildanalyse mit WinSCANOPY Pro 2009a); Stammflussdichte (mitte und unten – blau) in denselben Individuen, die die Transpirationsleistung im Verlauf der Trockenjahre 2018 und 2019 zeigen. Tageswerte der maximalen Transpiration entsprechen hierbei dem 95 % Quantil der auf der Fläche des Leipziger Auwaldkrans untersuchten Eichen (n = 3).

ding 8). Die mittleren Jahrringbreiten dieser beiden Gruppen wurden dann mit den aufeinander folgenden Extremjahren 2018 und 2019 verglichen. Die Ergebnisse zeigen, dass weder die Stieleiche noch der Bergahorn in normalen Trockenjahren oder im Jahr 2018 dünnere Jahrringe hatten (Abbildung 8). Die Wasserversorgung eines Auenstandorts kann das Wasserdefizit normalerweise abpuffern. Es brauchte für die beiden Baumarten ein Extremjahr in Serie (2019), um eine signifikante Wachstumsreduktion zu induzieren. Die anisohydrische Esche, die ihre Stomata bei Trockenheit erst sehr spät schließt, erwies sich als deutlich empfindlicher. Sie zeigte eine leichte, aber nicht signifikante Wachstumsreduktion in normalen Trockenjahren, eine signifikante im Jahr 2018 und eine extreme im Jahr 2019.

Die genannten Untersuchungen weisen in der Summe erhöhte physiologische Stressreaktionen bei allen untersuchten Baumarten während der beiden Extremjahre nach. Deren Ausmaß erscheint höher als in normalen Trockenjahren, und ohne Ausnahme fällt die Stressreaktion im zweiten Extremjahr 2019 intensiver aus, was die kumulative Wirkung von zwei Trockenjahren in Folge illustriert. Auch wenn wir es nicht unmittelbar belegen können, gehen wir davon aus, dass der physiologische Stress die Abwehrreaktionen gegenüber Pathogenen in Esche und Bergahorn reduziert und letztlich die Sterberaten der Populationen erhöht hat [15].

Und nun?

Von den drei Baumarten, die einen Hartholzauenwald eigentlich ausmachen, stehen zwei für die Erhaltung des entsprechenden FFH-Lebensraumtyps im Kronendach vermutlich nicht mehr zur Verfügung, nämlich die Ulme(n) und die Esche. Beide sind Opfer von eingeschleppten Schadpilzen geworden; bei der Esche hat jüngst der Klimawandel die Schadwirkung potenziert. Es ist an dieser Stelle wichtig, sich zu vergegenwärtigen, was diese durch Trockenheit verstärkten Kalamitäten für den Leipziger Auwald bedeuten: Die Esche ist mit einem Anteil von 40 Prozent die dominante Baumart des Gebiets (Abbildung 4 zeigt nur die Anteile innerhalb der Untersuchungsflächen). Zusätzlich beginnt der Bergahorn auszufallen, der einen Anteil von knapp 20 Prozent des gesamten Auwalds hat. Sollten Esche und Bergahorn weitestgehend zusammenbrechen, öffnen sich bis zu 60 Prozent des Kronendachs. Es entsteht eine Parklandschaft. Für den Erhalt der Biodiversität wäre es besonders wichtig, dass die verbliebenen alten Stieleichen von Kalamitäten verschont bleiben. Allerdings leiden die Stieleichen der benachbarten Elbauen durchaus unter der Trockenheit und einem damit zusammenhängenden Befall mit dem Zweifleckigen Eichenprachtkäfer (*Agrylus biguttatus* Fabricius). Bei unseren Käferstudien wurden bereits einzelne Exemplare des Eichenkernkäfers (*Platypus cylindrus* Fabricius) gesichtet, der als besonders aggressiver Eichenschädling gilt. Wir müssen zugeben, dass wir von der Geschwindigkeit der Entwicklungen in der Leipziger Aue ebenso überrascht worden sind, wie die Forstexpert*innen ganz Deutschlands vom „Waldsterben 2.0“. Dabei hätte man durchaus etwas ahnen können, denn erhöhtes Baumsterben und verstärkte Waldschäden, aufgrund von Dürre- und Hitzeereignissen in der Folge des Klimawandels, wurden schon seit über einem Jahrzehnt weltweit beobachtet (siehe Abbildung 9).

Das Negativszenario sieht folgendermaßen aus: Der Eschenbestand bricht vollends zusammen und auch die alten Mittelwald-Eichen leiden unter erhöhter Mortalität. Das Ahornsterben durch die Rußrinden-Krankheit überschreitet nicht die 50 Prozent, so dass ausreichend Samenbäume verbleiben, um die neu entstandenen Lücken

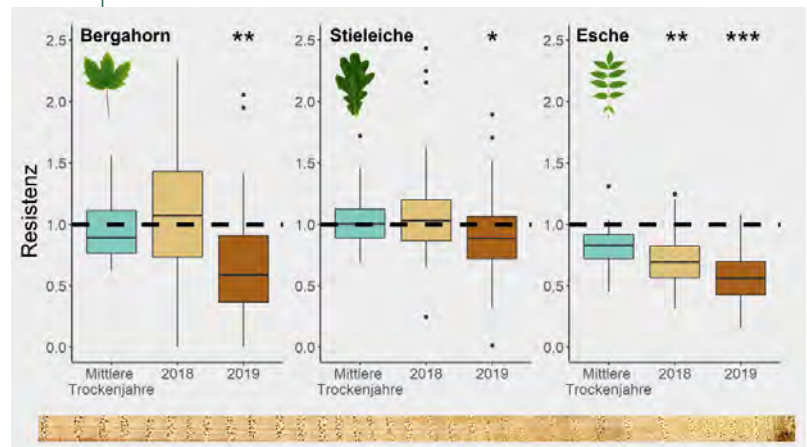
sofort mit Jungwuchs zu besetzen. So beschleunigt sich die „Verahornung“ trotz Rußrinden-Krankheit, und es entsteht als sogenanntes „*novel ecosystem*“ ein für diesen Lebensraum untypischer Dominanzbestand aus Ahornarten. Mit Verlust der charakteristischen Hauptbaumarten verschwinden unzählige an diese gebundene bedrohte Tierarten (siehe Abbildung 2). Der FFH-Schutzstatus geht verloren.

Ein optimistisches Szenario könnte so aussehen: Resistente Genotypen oder epigenetische Reaktionen bewahren die Esche mittelfristig im System. Die Eiche erweist sich als weitestgehend trockenheitsresistent. Sofortmaßnahmen des Landes Sachsen und der Stadt Leipzig stellen zeitnah ein Überflutungsregime wieder her, das den natürlichen Auwaldbedingungen entspricht und somit die Ahornverjüngung zurückdrängt. Die Öffnung des Bestands bei gleichzeitiger Kontrolle des Ahorns erlaubt eine Naturverjüngung der Eiche und der Esche. Die Flatterulme, die unter den drei Ulmenarten den höchsten Grad an Resistenz aufweist, wird gezielt gefördert und etabliert sich wieder.

Wasser ist die Lösung – aber gleichzeitig eine hart umkämpfte und knappe Ressource

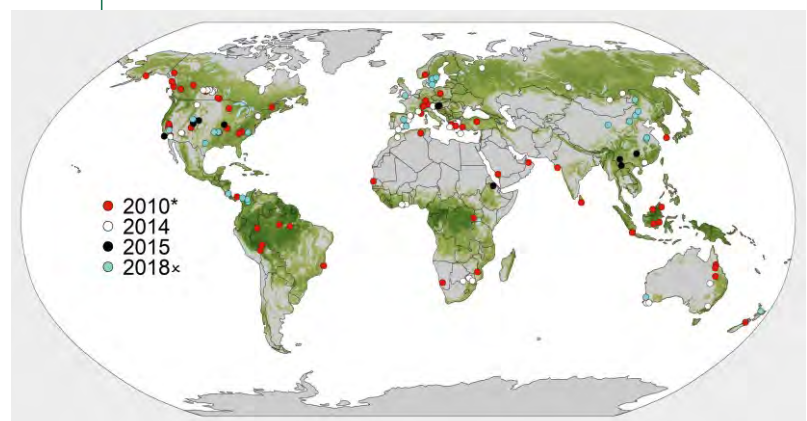
Wir müssen erkennen, dass die heutige Hydrologie der Leipziger Aue nicht die Kapazität hat, die derzeitigen Klimaextreme abzapfen. Bis hin zum Umweltminister von Sachsen, Wolfram Günther, ist die Erkenntnis gereift, dass unser Auwald nicht klimawandelfest ist und als FFH-Gebiet von nationaler Bedeutung Hilfe braucht. Es wurde eine Arbeitsgruppe einberufen, die Sofortlösungen und langfristige Rettungspläne erarbeitet. Die Wiederherstellung einer naturnahen Überflutungs- und Grundwasserdynamik auf möglichst großer Fläche, die auch ökologischen Hochwasserschutz gewährt, steht hierbei im Mittelpunkt. Dafür ist es notwendig, dass die Aue mit ausreichend Wasser versorgt wird. Aber es gibt konkurrierende Bedarfe. Die Stadtwerke benötigen Wasser zur Verdünnung ihrer geklärten Abwässer. Die Seen der Bergbaufolgelandschaft im Süden Leipzigs brauchen eine Wasserzufuhr, um ihren schwach sauren pH-Wert zu neutralisieren. Der Tourismus profitiert von aufgestauten Fließgewässern ohne Dynamik, die stromaufwärts mit Paddelbooten befahrbar sind. Gleichzeitig ist zu befürchten, dass das Wasserdargebot des Einzugsgebiets zurückgeht. Ohne Schnee in den Mittelgebirgen fällt nicht nur die Skisaison, sondern auch das Frühjahrshochwasser aus. Seit 2013 gab es keine nennenswerten Hochwasser mehr. Verdunstung und Rückhalt in Talsperren der Oberläufe aufgrund des Klimawandels könnte die Menge des zu verteilenden Wassers weiter reduzieren. Konkrete Lösungsmöglichkeiten werden in einem jüngst erschienenen Strategiepapier zusammengetragen und naturschutzfachlich bewertet [19]. Der Freistaat Sachsen und das BfN-Projekt „Lebendige Luppe“ erarbeiten derzeit ein Gesamtkonzept für das Leipziger Auensystem.

ABB. 8 | RESISTENZ DES JAHRRINGWACHSTUMS DES BERGAHORNS, DER STIELEICHE UND DER ESCHEN IN TROCKENJAHREN



Die Abbildung zeigt die Resistenz in den Extremjahren 2018 und 2019 im Vergleich zu der mittleren Resistenz in ausgewählten „normalen Trockenjahren“ (2003, 2006 und 2015 – SPEI-Werte < -1 in mindestens zwei von drei Zeitreihen: Ganzes Jahr, April–September, Mai–Juli). Ein Wert um 1 entspricht einem vergleichbaren Wachstum in Trocken- und Normaljahren. Die Abbildung darunter zeigt den Holzbohrkern einer Esche und illustriert den Jahrringzuwachs. Die Resistenz wurde als Jahrringbreite in Trockenjahr(en)/mittlere Jahrringbreite in klimatischen Normaljahren (2005, 2009, 2017 – SPEI-Wert > -1 und < 1) berechnet. Die Jahrringbreiten wurden trendbereinigt. Statistisch signifikante Unterschiede in der Resistenz zwischen den Extremjahren 2018 und 2019 und normalen Trockenjahren wurden mit Linear Gemischten Modellen getestet und sind durch Asterisken über dem jeweiligen Jahr gekennzeichnet (**** $p < 0.001$; *** $p < 0.01$; ** $p < 0.05$). Schwarze Punkte = Extremwerte. Abb. aus [14].

ABB. 9 | EINFLUSS DES KLIMAWANDELS AUF DAS BAUMSTERBEN



Gezeigt ist der zeitliche Verlauf von Beobachtungen erhöhter Mortalität von Bäumen und verstärkter Waldschäden durch klimawandelbedingte Dürre- und/oder Hitzeereignisse. Alle hier markierten Ereignisse sind durch begutachtete wissenschaftliche Publikationen in den angegebenen Jahren belegt. Abb. aus * [16], x [17], Copyright: William Hammond.

Zusammenfassung

Der Leipziger Auwald ist ein streng geschützter Hartholzauenwald mit einer hohen und spezifischen Biodiversität. Diese verdankt er seiner langen Habitattradition, seinem Baumartenreichtum und seiner Nutzungsgeschichte. Flussregulierung und Deichbau in den 1930er Jahren haben das

GLOSSAR

FFH-Schutzgebiet: Hierbei handelt es sich um europäische bedeutsame Natur- und Landschaftsschutzgebiete, die nach der Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie (92/43/EWG, 1992) ausgewiesen wurden. Diese sind Teil des Natura-2000-Netzwerks und dienen dem Erhalt und der Verbesserung besonders schutzwürdiger Lebensraumtypen und deren Charakterarten. Diese sind in den entsprechenden Anlagen zu den FFH-Richtlinien näher beschrieben. Hartholzauenwälder werden hierbei unter der Kennung LRT 91F0 geführt.

Forschungskran im Leipziger Auwald: Im Jahr 2001 hatte der im Jahr 2007 verstorbene Botaniker Prof. Wilfried Morawetz in Kooperation mit der Universität Leipzig, dem Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung (UFZ), der Firma Liebherr und der Stadt Leipzig den Kran im Leipziger Auwald errichten lassen, nachdem er zuvor fünf Jahre lang am oberen Orinoko, im venezolanischen Teil des Amazonastieflandes, Erfahrung mit dieser Art von Baumkronenforschung gesammelt hatte. Das Projekt wird seit 2014 durch das iDiv fortgeführt und fokussiert auf die Erforschung der Biodiversität der Baumkronen. Es ist das einzige Kranprojekt in einem Auwald.

iDiv: Das Deutsche Zentrum für integrative Biodiversitätsforschung (iDiv) Halle-Jena-Leipzig ist ein Forschungszentrum der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) mit über 300 Mitarbeiter*innen und Mitgliedern, die das Ausmaß, die Gründe und die Konsequenzen des Biodiversitätswandels der Erde sowie Möglichkeiten für den Schutz der Biodiversität erforscht (www.idiv.de).

Kreuzdatierung: Eine Methode der Dendrochronologie, bei der die Sequenzen von Jahrringbreiten einzelner Kerne anhand ihrer Korrelation mit regionalen Masterchronologien zeitlich korrekt eingepasst werden. Dies ist deswegen notwendig, weil bei Arten wie dem Bergahorn einzelne Jahrringe entweder komplett ausfallen oder nicht am gesamten Stammumfang ausgebildet werden.

Qualmwasser: Grundwasser, das in Geländesenken bei steigendem Grundwasserspiegel an die Oberfläche tritt und dort temporäre und typischerweise nährstoffarme Gewässer bildet.

SPEI: Standardised Precipitation Evaporation Index [18]. Ein vielfach verwendeter Index zur Charakterisierung von Trockenstress, der aus Niederschlagswerten und potenzieller Evapotranspiration eine Wasserbilanz annähert. Überdurchschnittlich trockene Jahre weisen Werte unter -1 auf.

Gebiet entwässert und die notwendigen Überflutungen unterbunden. Das hat die Struktur und die Artenzusammensetzung des Waldes stark verändert. Standortfremde Ahornarten sind auf dem Vormarsch, wodurch sich die Stieleiche nicht mehr verzüchtet. Die extremen Trockenjahre 2018 und 2019 haben zu einem großflächigen Absterben vor allem der Esche geführt. Ökophysiologische Untersuchungen und Jahrringanalysen zeigen, dass die Stressbelastung in 2019 stark anstieg und das System an seine Belastungsgrenze geführt hat. Um den Hartholzauenwald zu retten, soll nun eine natürliche Überflutungs- und Grundwasserdynamik wiederhergestellt werden.

Summary Biodiversity conservation and climate change in the floodplain forest of Leipzig

The floodplain forest of Leipzig is strictly protected because of its high and unique biodiversity. This exists because of its continuous forest cover, its high richness of tree species and its management history. The river regulation in the 1930s has drained the forest and has prevented flooding which has strongly altered the structure and tree species compo-

sition of the forest. Shade-casting maple species, that were historically rare, are gaining dominance which suppresses the natural regeneration of pedunculate oak. The extreme drought years of 2018 and 2019 have led to a large-scale mortality, in particular of Common ash. Eco-physiological investigations and tree ring analyses show that the stress level in 2019 rose strongly and has pushed the system to its limits. To save the unique forest, revitalisation measures that restore the hydrological dynamics of the floodplain are planned.

Schlagworte

Hartholzauenwald, Naturschutz, Artenschutz, Klimawandel, Trockenheit

Danksagung

Wir danken allen Kolleg*innen und Studierenden, die mit ihrer Arbeit die Forschung im Leipziger Auwald befördert haben. Besonderer Dank gilt den Mitarbeiter*innen des Projekts „Lebendige Luppe“ für die Anlage des Plotnetzes, das uns heute repräsentative Aussagen ermöglicht. Wir danken auch den Kolleg*innen der AG Molekulare Evolution und Systematik der Tiere der Universität Leipzig für ihre entomologische Arbeit am Auwaldkran (Martin Schlegel, Detlef Bernhard, Ronny Wolf) sowie Klaus Henle. Wir danken Sarah Purrucker für ihre hervorragende Bachelorarbeit zu Wachstumsreaktionen auf Trockenstress sowie Andreas Sickert (Stadtforst) und Andreas Padberg (Sachsenforst) für die Möglichkeit, dafür Bohrkerne zu gewinnen. Unser Dank gilt auch Peter Gutte für seine grundlegenden Beiträge zur Botanik des Leipziger Auwalds. Das iDiv und die DFG finanzieren den Forschungskran.

Literatur

- [1] P. Gutte, Das Quercus-Ulmetum minoris Issl. 1942, der Stieleichen-Ulmen-Hartholzauwald, in der Elster-Luppe-Aue bei Leipzig, Mauritiana (Altenburg), 2011, 22, 213–242.
- [2] E. Dister, E. Schneider, M. Scholz, M., Allgemeine Grundlagen, In: E. Schneider, M. Werling, B. Stammel, K. Januschke, G. Ledesma-Krist, M. Scholz, D. Hering, M. Gelhaus, E. Dister, G. Egger (Hrsg.), Biodiversität der Flussauen Deutschlands, Naturschutz und biologische Vielfalt, Bonn, 2017, 163, 25–40.
- [3] G. K. Müller, Die Leipziger Auen – Bestandsaufnahme und Vorschläge für eine Gebietsentwicklung, 1995, Hrsg. Sächsisches Staatsministerium für Umwelt und Landesentwicklung (SMU), 102 S.
- [4] M. Unterseher, W. Morawetz, S. Klotz, E. Arndt (Hrsg.), The canopy of a temperate floodplain forest – Results from five years of research at the Leipzig canopy crane, 2007, Leipzig: Universitätsverlag, Leipzig.
- [5] N. Haack et al., Patterns of richness across forest beetle communities – a methodological comparison of observed and estimated species numbers. Ecology and Evolution, 2020, <https://doi.org/10.1002/ece3.7093>
- [6] R. A. Engelmann et al., Reiner Prozessschutz gefährdet Artenvielfalt im Leipziger Auwald, 2019, UFZ Discussion Papers 08/2019, Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung GmbH – UFZ, 14 S.
- [7] O. Kuntze, Taschen-Flora von Leipzig. Leipzig und Heidelberg, 1867, 298 S.
- [8] W. Härdtle et al., Pflanzengesellschaft des Jahres 2021: Hartholz-Auenwald (Ficario-Ulmetum). Tuexenia, 2020, 40, 373–399.
- [9] D. Haase, J. Gläser, Determinants of floodplain forest development illustrated by the example of the floodplain forest in the District of Leipzig, Forest Ecology and Management, 2009, 258, 887–894.
- [10] LRT 91F* – Hartholzauenwälder, https://www.bfn.de/fileadmin/BfN/natura2000/Dokumente/91F0_Hartholzauenwaelder.pdf

- [11] M. Scholz et al., Ökosystemfunktionen von Flussauen – Analyse und Bewertung von Hochwasserretention, Nährstoffrückhalt, Kohlenstoffvorrat, Treibhausgasemissionen und Habitatfunktion, Naturschutz und Biologische Vielfalt, Heft 124, 2012, 257 S.
- [12] N. G. McDowell, Mechanisms linking drought, hydraulics, carbon metabolism, and vegetation mortality, Plant Physiology, 2011, 155, 1051–1059.
- [13] H. Ballasus, Species effects on temperature regulation mechanisms in the tree canopies at the Leipzig Canopy Crane, 2019, Masterarbeit an der Universität Leipzig, Fakultät für Lebenswissenschaften, 2019, 90 S.
- [14] S. Purrucker, Drought stress of selected tree species in the summers 2018/19 in the Leipzig floodplain forest depending on the ground-water level, Bachelorarbeit an Universität Leipzig, Fakultät für Lebenswissenschaften, 2020, 88 S.
- [15] R. Matussek, H. Schnyder, W. Oßwald, D. Ernst, J.C. Munch, H. Pretzsch (Eds.), Growth and Defence in Plants. Ecological Studies Vol. 220, 2012.
- [16] C. D. Allen et al., A global overview of drought and heat-induced tree mortality reveals emerging climate change risks for forests, 2010, Forest Ecology and Management, 2010, 259, 660–684.
- [17] H. Hartmann et al., Research frontiers for improving our understanding of drought-induced tree and forest mortality, 2018, New Phytologist, 2018, 218, 15–28.
- [18] S. M. Vicente-Serrano et al., A Multiscalar Drought Index Sensitive to Global Warming: The Standardized Precipitation Evapotranspiration Index, J. Climate, 2010, 23, 1696–1718.
- [19] C. Wirth et al., Dynamik als Leitprinzip zur Revitalisierung des Leipziger Auensystems - 10 Thesen zur Revitalisierung der Leipziger Aue, eine Vision, ein konkreter Maßnahmenkatalog mit Karte zu Dynamisierungsoptionen und ein Ausblick mit Realisierungsvorschlägen. UFZ Discussion Papers 9/2020.



Henrik Hartmann ist Gruppenleiter am Max-Planck-Institut für Biogeochemie in Jena, wo er sich mit Reaktionen von Bäumen und Wäldern auf den Klimawandel beschäftigt. Er ist zudem Koordinator der IUFRO Task Force zum globalen Monitoring von Baumsterben und des International Tree Mortality Networks.



Ronny Richter ist derzeit wissenschaftlicher Koordinator des Leipziger Auwaldkrans am Deutschen Zentrum für integrative Biodiversitätsforschung (iDiv) Halle-Jena-Leipzig. Das Augenmerk seiner Forschung gilt insbesondere der Regulation des Mikroklimas in Wäldern. Zudem beschäftigt er sich mit der Erfassung von Artenvielfalt und Ökosystemfunktionen mittels satelliten- und flugzeuggestützter Datenerhebung.



Florian Schnabel studierte Umweltnaturwissenschaften und Forstwissenschaften an der Universität Freiburg mit Studien und Forschungsaufenthalten in Südamerika, Südostasien und den Niederlanden. Aktuell arbeitet er als Doktorand am Deutschen Zentrum für integrative Biodiversitätsforschung (iDiv) Halle-Jena-Leipzig und an der Arbeitsgruppe für Spezielle Botanik und Funktionelle Biodiversität der Universität Leipzig. Als Teil des Internationalen Graduiertenkollegs TreeDi erforscht er den Einfluss von Baumartendiversität auf das Wachstum und die Stabilität von Wäldern unter Trockenstress.

Die Autoren



Christian Wirth ist Pflanzenökologe und Professor für funktionelle Biodiversitätsforschung an der Universität Leipzig. Er fungiert dort als Sprecher des Deutschen Zentrums für integrative Biodiversitätsforschung (iDiv) Halle-Jena-Leipzig und leitet den Botanischen Garten. Als Max-Planck-Fellow ist er mit dem Max-Planck-Institut für Biogeochemie in Jena verbunden. Er erforscht die Bedeutung der Biodiversität für Ökosystemprozesse von der lokalen zur globalen Skala. Der Erforschung und dem Schutz der Wälder unserer Erde gilt sein besonderes Interesse.



Mathias Scholz arbeitet als wissenschaftlicher Mitarbeiter im Department Naturschutzforschung des Helmholtz-Zentrums für Umweltforschung (UFZ) in Leipzig und ist Leiter der Arbeitsgruppe Auenökologie. Seine Expertise umfasst Themen wie die Renaturierung von Flusslandschaften, Bewertung von Ökosystemfunktionen und -leistungen in Überschwemmungsgebieten oder die Auswirkungen des Klimawandels auf Auenfunktionen auf verschiedenen Skalenebenen.



Rolf A. Engelmann studierte Biologie an den Universitäten Halle (Saale) und Leipzig. Seit einigen Jahren erforscht er den Leipziger Auwald im Rahmen des Projekts „Lebendige Luppe“. Zurzeit arbeitet er am Leipziger Auwaldkran des Deutschen Zentrums für integrative Biodiversitätsforschung (iDiv) Halle-Jena-Leipzig und in der Arbeitsgruppe für Spezielle Botanik und Funktionelle Biodiversität der Universität Leipzig.



Carolin Seele-Dilbat studierte Biologie an den Universitäten Kassel und Leipzig. Sie ist aktuell Postdoktorandin in der Arbeitsgruppe Spezielle Botanik und Funktionelle Biodiversität der Universität Leipzig und forscht zu den ökologischen Konsequenzen von Auenregulierung und den Effekten von Revitalisierungsmaßnahmen in Auen.



Nora Haack studierte Biologie an den Universitäten Leipzig und Be'er Sheva, Israel. Sie promoviert aktuell am Deutschen Zentrum für Integrative Biodiversitätsforschung (iDiv) Halle-Jena-Leipzig und forscht zu den Faktoren, die Seltenheit und Abundanz von xylobionten Käfern im Leipziger Auwald beeinflussen.

Korrespondenz:

Prof. Dr. Christian Wirth
 AG Spezielle Botanik und funktionelle Biodiversität
 Fakultät für Lebenswissenschaften
 Universität Leipzig
 Johannisallee 21–23
 04301 Leipzig
 E-Mail: cwirth@uni-leipzig.de



ABB. 1 Helgoland ist Deutschlands einzige echte Hochseeinsel, bekannt eher für Seevögel, Robben und zollfreies Einkaufen als für winzige Bakterien und Algen. Foto: Naomi Esken (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

Süßes Festmahl mit mehreren Gängen

Wie Bakterien Algen vernaschen

RUDOLF AMANN | FANNI ASPETSBERGER

Die alljährliche Algenblüte in der Nordsee ruft Unmengen Bakterien auf den Plan, die die Algen nach deren Tod wieder abbauen. Die dahinterliegenden Prozesse stecken voller Überraschungen und sind von großer Bedeutung für unseren Planeten.

Sie sind so klein, dass man sie mit dem bloßen Auge meist nicht erkennen kann. Ihre Wirkung aber ist so groß, dass sie kaum zu ermessen ist: Gäbe es die Mikroorganismen in den Ozeanen nicht, wäre auf unserer Welt nichts so, wie wir es kennen. Der Grund, warum die kleinen Bewohner so große Macht haben: Sie sind sehr zahlreich und vielfältig. In einem Liter Meerwasser leben bis zu einer Milliarde Mikroorganismen.

Am Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie in Bremen beschäftigen wir uns mit den kleinsten Bewohnern der Ozeane, den Bakterien. Ihre herausragende ökologische Rolle ist der Abbau organischer Substanz. Denn

Bakterien sind meist heterotroph. Das bedeutet, dass sie organisches Material als Energiequelle und zum Aufbau ihrer Körpersubstanz nutzen. Dabei entstehen anorganische Endprodukte, zum Beispiel Kohlendioxid, Nitrat und Phosphat. Diese ermöglichen es sogenannten ► autotrophen Organismen, vor allem Algen und Pflanzen, unter Nutzung einer Energiequelle wie des Sonnenlichts zu wachsen. So spielen Bakterien eine unverzichtbare Rolle im Ökosystem: Sie schließen die Stoffkreisläufe und stellen sicher, dass lebenswichtige Elemente im Ökosystem verfügbar bleiben – so auch in der Nordsee (Abbildung 1).

Alle Jahre wieder in der Nordsee

Jedes Jahr im Frühling, wenn die Tage länger werden und die Sonneneinstrahlung zunimmt, wachsen in der Nordsee mikroskopisch kleine Algen, das Phytoplankton (Abbildung 2). Viele Phytoplanktonarten vermehren sich schnell, ihre Population wächst exponentiell. Fressfeinde kommen mit dem Wachsen kaum nach. Rasch ist das Wasser voll mit Algen. Die sogenannten Blüten färben das Wasser grünlich, so dass sie sogar vom Weltraum aus zu sehen sind. Je nach Art der Algen kann eine solche Blüte manchmal für Mensch und Tier gefährlich werden; in der südlichen

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 53 erklärt.

Nordsee ist sie aber vor allem der Ursprung einer spannenden ökologischen Kaskade. Denn: Die Algenblüten sind für den Kohlenstoffkreislauf von globaler Bedeutung. Im Zuge der Photosynthese wandeln die kleinen Algen Kohlendioxid in Zuckerverbindungen und Sauerstoff um. Durch ihr massenhaftes Wachstum entziehen sie der Atmosphäre große Mengen des Treibhausgases und binden es in ihrer Biomasse. So gesehen müssten sie die steigenden Kohlendioxidkonzentrationen in der Atmosphäre gut abfedern können. Doch sie sind kurzlebig. Der aufgenommene Kohlenstoff bleibt meist nicht lange in den Algenzellen.

Der Reichtum ist nicht von Dauer – auf die Blüte folgt das große Fressen. Innerhalb weniger Wochen gehen den Algen die Nährstoffe aus. Zudem machen sich größere Planktonorganismen – Fische, andere Meeresbewohner und sogar Viren – über sie her. Nach drei bis sechs Wochen färbt sich das Wasser der Nordsee wieder braun. Die Reste dieses Festmahls sind die Grundlage für ein massives Wachstum von Bakterien. Sie bauen die übrig gebliebene Algenbiomasse ab, der gebundene Kohlenstoff wird dabei wieder frei. Nur ein sehr geringer Teil sinkt auf den Meeresboden und verbleibt dort für einen längeren Zeitraum. Diese Vorgänge sind bis heute nicht genau verstanden. Welche Meeresbakterien wachsen wann? Wie verarbeiten sie die Algenbiomasse und setzen den Kohlenstoff wieder frei? Welche Prozesse stecken dahinter? All das sind Forschungsfragen, die wir in den vergangenen Jahren am Bremer Max-Planck-Institut sehr detailliert untersucht haben.

Algenvielfalt, bakterielle Einheit

Die Nordseeinsel Helgoland in der Deutschen Bucht, etwa 50 Kilometer vor dem schleswig-holsteinischen Festland, ist das Zentrum unserer Studien (Abbildung 1). Die sogenannte Kabeltonne, gelegen zwischen der Hauptinsel und der vorgelagerten Düne, ist eine einzigartige Langzeitbeobachtungsstelle. Seit 1873 werden auf Helgoland regelmäßig die Wassertemperatur und der Salzgehalt gemessen, seit 1962 auch Wasserproben entnommen und verschiedene Umweltparameter aufgezeichnet – eine Datensammlung von unschätzbarem Wert. Die Messungen zeigen beispielsweise, dass die Wassertemperatur vor Helgoland in den letzten 50 Jahren um 1,7 Grad Celsius gestiegen ist und wie sich die örtliche Planktongemeinschaft verändert hat [1]. Zwar führen wir erst seit etwa zehn Jahren detaillierte mikrobiologische und molekulare Messungen an den Proben der Kabeltonne durch. Dennoch können wir auf einen umfassenden Datensatz zugreifen, der stetig wächst – ein gutes Beispiel für die Bedeutung von Observatorien in der Umweltforschung, gerade in so stark anthropogen beeinflussten Lebensräumen wie der Nordsee.

Mehrjährige Daten von der Kabeltonne zeigen, dass in den Algenblüten von Jahr zu Jahr unterschiedliche Arten die Oberhand gewinnen [2, 3]. Ein Beispiel: Zwischen 2009 und 2011 waren Kieselalgen die häufigsten Algen in

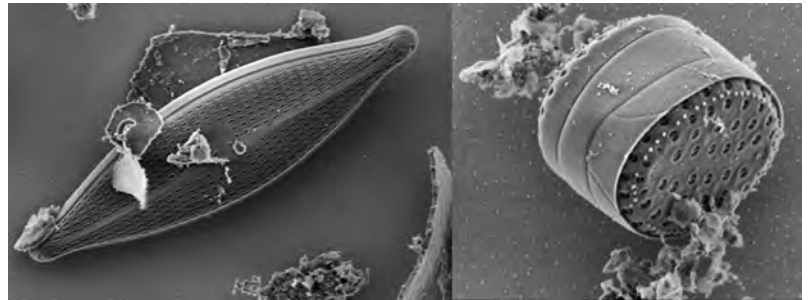


ABB. 2 Schöne Kieselalgen. Den Großteil der autotrophen Organismen im Meer stellt das Phytoplankton: Die einzelligen Algen, die in den oberen Wasserschichten treiben, sind ebenfalls winzig klein und doch riesig im Vergleich zu den Bakterien. In den höheren Breitengraden sind die meisten von ihnen Kieselalgen (Diatomeen), die unter dem Mikroskop durch die faszinierenden Strukturen ihrer Kieselsäurepanzer bestechen. Foto: Sten Littmann (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

der Frühjahrsblüte, während 2012 Silikoflagellaten vorherrschten. Die Pflanzen des Meeres sind anders aufgebaut als die Landpflanzen, etwa nutzen sie häufig den Zucker ▶ Laminarin statt Stärke als Speicherstoff. Bis zu 70 Prozent der Trockenmasse der Algen besteht aus ▶ Polysacchariden: großen Kohlenhydraten, die aus mehreren Zuckermolekülen zusammengesetzt sind. Beim Zusammenbruch der Algenblüte gelangen daher große Mengen dieser Zucker ins Meerwasser. Das verändert dessen mikrobielle Gemeinschaft drastisch. Diese Veränderung hat System, wie wir in den letzten Jahren immer klarer zeigen konnten. So begleiten verschiedene Bakterien verschiedene Phasen der Blüte und zersetzen nach und nach die Algenbiomasse (Abbildung 3). Trotz des unterschiedlichen Nahrungsangebots herrschen aber bei den algenabbauenden Bakterien alljährlich dieselben spezialisierten Gruppen vor. Im grauen Nordseewinter bilden Alphaproteobakterien einen großen Teil der Bakteriengemeinschaft. Sobald die Frühjahrsblüte einsetzt, verändert das den Lebensraum für die Bakterien. Das Menü wird vielfältiger. Zunächst lockern die Algenexsudate, also reguläre Ausscheidungen der lebenden Algenzellen, den Speiseplan der Bakterien

IN KÜRZE

- Phytoplankton und Bakterioplankton stehen im Meer in enger Wechselwirkung.
- Durch kultivierungsunabhängige Methoden konnten wir feststellen, dass das Auftreten verschiedener Bakteriengruppen vor allem von den vorhandenen Algenzuckern abhängt.
- Das erlaubt Rückschlüsse auf die Funktion und die molekulare Zusammensetzung des marinen Kohlenstoffkreislaufs, der auch unser Klima massiv beeinflusst.
- Langzeituntersuchungen, Observatorien und Bioarchive sind unverzichtbar für diese Forschung, die angesichts des Klimawandels besondere Relevanz hat.

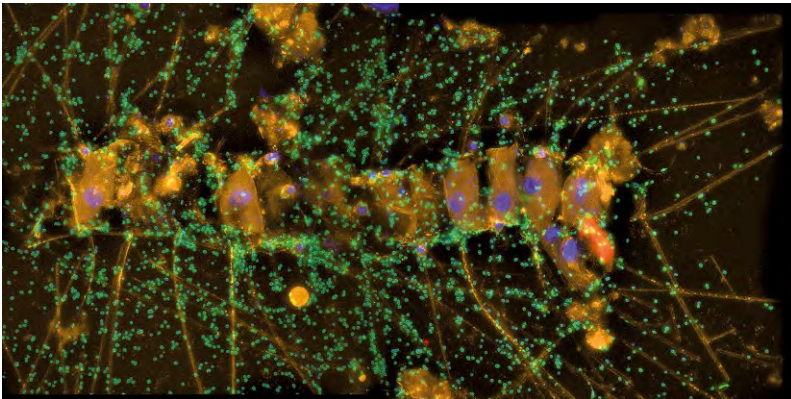


ABB. 3 Bakterien auf Kieselalge. Bild aus dem konfokalen Laser-Scanning-Mikroskop: Zellen von absterbenden Kieselalgen der Gattung *Chaetoceros* (orange mit blau gefärbten Zellkernen), die stark von Flavobakterien (grün) besiedelt sind. Foto: Insa Bakenhus (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

auf, anschließend kommen die absterbenden und toten Algen dazu. Flavobakterien werden zahlreicher, irgendwann „kippt“ die Gemeinschaft und die Flavobakterien dominieren über die Alphaproteobakterien. Etwas später wiederum erfolgt ein Anstieg der Menge an Gammaproteobakterien, die ebenfalls die Algen als Nahrung nutzen. Das wiederholt sich Jahr für Jahr (Abbildung 4).

Was das bedeutet? Offensichtlich ist also nicht die Algenart, sondern deren Bestandteile – jene bereits erwähnten Polysaccharide, aber auch Proteine, Lipide und Nucleinsäuren – entscheidend dafür, welche Bakterien sich vorrangig vermehren. Eine Schlüsselrolle beim Abbau der Algenzucker spielen vermutlich die Flavobakterien.

Der Schritt zur Funktion

Um das besser zu verstehen, richten wir unseren Blick auf das ► marine Mikrobiom: die Gesamtheit aller Mikroorganismen, die im Meer leben. Eine Methode, auf die wir für Analysen der Mikrobengemeinschaft gerne zugreifen, basiert auf einem Schlüsselgen der Mikrobiologie, das eine in allen Bakterien vorkommende Komponente des Ribosoms kodiert: die 16S-rRNA. Wie ein genetischer Fingerabdruck erlaubt uns dieses Gen, Bakterien zu identifizieren – etwa die Flavobakterien. Der Sequenzvergleich der 16S-rRNA bildet letztlich die Basis all unseres bisherigen Wissens über Diversität und Entwicklung der Prokaryoten. Durch die Sequenzierung der 16S-rRNA-Gene ganzer mikrobieller Lebensräume (Mikrobiome) haben wir beispielsweise gelernt, dass wir nur einen Bruchteil, weniger als ein Prozent, der Mikroorganismen, die es in der Umwelt gibt, schon im Labor als Reinkultur gezüchtet haben. Die 16S-rRNA, die uns Auskunft über die Systematik der Bakterien gibt, ist aber nur eine Möglichkeit, das Mikrobiom zu erforschen. Eine andere ist die Analyse ganzer Genome, die uns mehr über die Funktionsweise der Bakterien verraten, beziehungsweise ganzer ► Metagenome, also der Summe aller Genome in einem Mikrobiom. Rasante me-

thodische Fortschritte ermöglichen uns heute die schnelle und effiziente Analyse großer genomischer Datenmengen. So können wir einen Schritt weitergehen: von der Artenvielfalt hin zu Funktionsvorhersagen.

Mittels Metagenomik analysierten wir an der Kabeltonne über mehrere Jahre viele Millionen Bakteriengene [2]. Dabei zeigt sich das gleiche wiederkehrende Muster, wie wir es schon von der 16S-rRNA kennen. Stets fanden wir eine ähnliche zeitliche Abfolge von Genen, die den Abbau bestimmter Algenzucker regeln. Offensichtlich bauen die Bakterien also Jahr für Jahr in der gleichen Reihenfolge vergleichbare Zucker ab – weitgehend unabhängig davon, welche Algen in den einzelnen Jahren die Blüte dominieren. Das bedeutet, dass unterschiedliche Algen ähnliche oder sogar die gleichen Polysaccharide enthalten. Ein einfaches Auf- und Abzählen der vorhandenen Algen- oder Bakteriengruppen gibt also wenig Aufschluss über die Funktionsweise des Lebensraums. Vielmehr sind es die bakteriellen Funktionen und die Zuckerverwertungsmechanismen der Bakterien, denen es auf die Spur zu kommen gilt. Zudem zeigt die vorliegende Langzeitstudie deutlich, wie wichtig Observatorien und Zeitreihen sind, um aussagekräftige Daten gewinnen und diese richtig interpretieren zu können. Ein so komplexes Ökosystem wie das Meer lässt sich kaum anhand einzelner, isolierter Datenpunkte verstehen.

Richten wir also den Blick auf das Innere der Bakterien. Zum Abbau der Polysaccharide nutzen die Bakterien verschiedene Enzyme. Die Enzyme sind hochspezifisch; wie bei einem Schlüssel-Schloss-Prinzip passen Zucker und Enzym genau zusammen. Da einzelne Bakterien nicht die gesamte Bandbreite an Enzymen besitzen, spezialisieren sich verschiedene Arten mithilfe ihrer Enzyme auf unterschiedliche Zucker als Nahrung. Die vorhandenen Enzyme in einem Lebensraum geben Aufschluss über die mög-

PING-PONG DER METHODEN

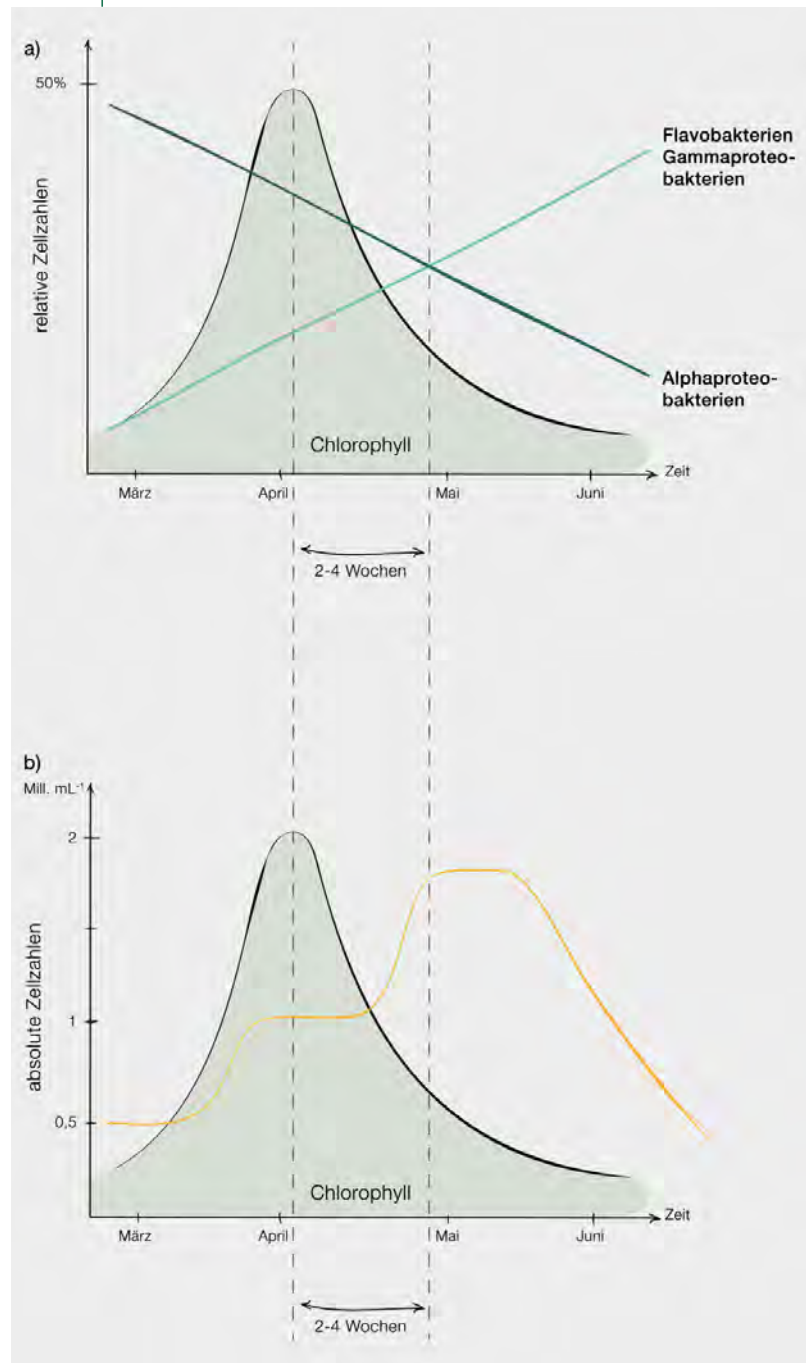
Binning kommt aus der EDV und bezeichnet eine systematische Sortiermethode, die eine effektive Reduktion der Datenmenge durch Einteilung in Schachteln (Bins) ermöglicht. Aus den Bins können wir einen phylogenetischen Baum erstellen. Dieser Baum unterscheidet sich von jenem, den wir aus der klassischen Mikrobiologie kennen. Das bringt ein methodisches Dilemma der Mikrobiologie zutage: Die verschiedenen Methoden – klassische Isolierung, 16S-rRNA oder Metagenomik – haben alle ihre Stärken und Schwächen, jede hat ihre Berechtigung. Im Wechselspiel der verschiedenen Methoden, im „Ping-Pong“ von Kulturen und Metagenomik, kommen wir den Geheimnissen der Natur auf die Schliche. So leben Bakterien in der Umwelt in einer eng vernetzten Gemeinschaft. Wer auf diese Gemeinschaft angewiesen ist, wird in der Laborkultur nicht wachsen. Das Binning liefert uns wiederum keine vollständigen Genome. Die Bins zeigen uns aber, dass wir mit der Isolierung noch nicht alle Bakteriengruppen korrekt abbilden und abdecken. Es lohnt sich also, weiter zu isolieren.

licherweise vorhandenen Zucker. So war es für uns der logische nächste Schritt, den bakteriellen Enzymen auf den Zahn zu fühlen. Welche Enzyme finden wir? Welche Algenzucker greifen sie an? Wie machen sie das? Aus den vorhandenen Bakterienenzymen lässt sich ableiten, welche die wichtigsten Algenpolysaccharide sind – ein bedeutender Puzzlestein in unserem Verständnis des Kohlenstoffkreislaufs des Meeres. Die funktionelle Einheit, mit der wir uns dabei bevorzugt beschäftigen, ist das sogenannte PUL, kurz für ► Polysaccharide Utilisation Locus oder, eingedeutscht, „Polysaccharid-Verwertungsabschnitt“. Ein PUL ist ein Genomabschnitt eines Bakteriums, der den Abbau von Polysacchariden regelt. Der PUL enthält die Informationen, um die nötigen Proteine für den Abbau und die Aufnahme der Zucker herzustellen – er liefert quasi die nötige Infrastruktur, um diese Nahrung zu nutzen. Wenn wir analysieren, welche PULs die Bakterien in der Nordsee zu einem bestimmten Zeitpunkt besitzen, können wir daraus also ableiten, was den Bakterien jeweils als Nahrung zur Verfügung steht. Bei unseren algenabbauenden Bakterien finden wir besonders häufig PULs, die den Algenzucker Laminarin abbauen, den bereits erwähnten Hauptspeicherstoff der Mikroalgen [4]. Später in der zeitlichen Abfolge finden wir vermehrt einen PUL, der vermutlich den Abbau von Zuckern regelt, die in der Zellwand der Diatomeen enthalten sind.

Systematik in Schachteln

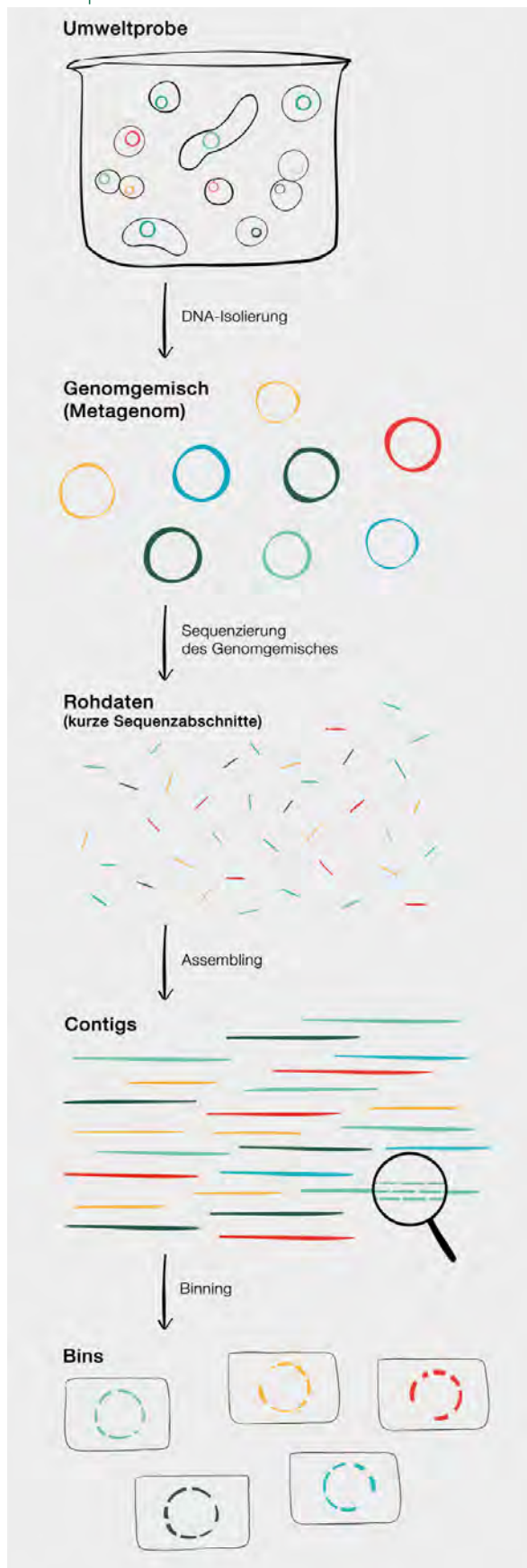
Für die effiziente Sequenzierung des Bakterienmikrobioms müssen wir die Genome in unzählige Bruchstücke zerlegen. Diese können wir in feiner Puzzlearbeit so ordnen und zusammensetzen, dass daraus wiederum mehr oder weniger vollständige Genome einzelner Bakterienarten entstehen. Dieses Verfahren ist das sogenannte „Binning“ (siehe Kasten „Ping-Pong der Methoden“). Ein „Bin“ ist sozusagen eine Schachtel, in die wir Teile des großen Metagenom-Puzzles sortieren, die mit hoher Wahrscheinlichkeit von einer Bakterienart stammen. In unseren Proben fanden wir hunderte Schachteln, in denen Flavobakterien stecken. Sie enthalten zahlreiche Gene, um komplexe Zucker zu zerlegen (Abbildung 5). Vor Helgoland konnten wir über drei Jahre während und nach der Frühjahrsblüte insgesamt 38 Metagenome erstellen [5]. Die resultierenden Bins gruppierten wir nach ähnlichen Gensequenzen. So entstehen Cluster (Gruppen) aus überlappenden Bins, die sich klar von anderen Clustern unterscheiden. Ein solcher Cluster besteht vermutlich aus Stämmen einer Art, die untereinander Gene austauschen. Innerhalb der Cluster können wir Genregionen bestimmen, die einem PUL entsprechen. Beispielsweise enthält ein Cluster einen PUL mit mehreren ► Sulfatasen, was auf den Abbau komplexer Zellwandzucker hinweist. Und tatsächlich findet sich dieser Cluster in allen drei Untersuchungsjahren spät im Frühjahr, wenn die Algenblüte zusammenbricht und die Reste der Zellwände abgebaut werden. Mithilfe der Metagenomik gelingt es uns so, Muster sichtbar zu ma-

ABB. 4 | VERLAUF EINER ALGENBLÜTE



Schematische Darstellung der relativen und absoluten Zellzahlen von Bakterien während einer Frühjahrsblüte in der südlichen Nordsee. a) Relative Zellzahlen: Im Winter dominieren Alphaproteobakterien die Bakteriengemeinschaft, mit der einsetzenden Frühjahrsblüte gewinnen zusehends Flavo- und Gammaproteobakterien die Oberhand. Der Dominanzwechsel erfolgt etwa 2–4 Wochen nach dem Chlorophyllmaximum der Algenblüte. b) Absolute Zellzahlen: Kurz nach Einsetzen der Frühjahrsblüte steigen die bakteriellen Zellzahlen, da sich Bakterien von Algenexsudaten ernähren können, und pendeln sich bei etwa 1 Million Zellen cm^{-3} ein. Wenn die Algen absterben und deren Zellinhalt leichter verfügbar wird, steigen die Bakterienzahlen erneut stark an auf etwa 2 Millionen Zellen cm^{-3} . Zwischen dem Peak der Algenblüte und dem Erreichen der maximalen Bakterienzahl liegen wiederum jene 2–4 Wochen, die wir auch beim Umschlagen der Bakteriengemeinschaft beobachten. Foto: Alina Esken (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

ABB. 5 | METHODEN DER METAGENOMIK



chen und die große Komplexität der Meeresmikroben sinnvoll zu gliedern – Voraussetzung für die Beschreibung des Mikrobioms des Meeres.

Weniger ist mehr

Die Cluster, die wir mithilfe des Binnings bestimmen konnten, sind erstaunlich einförmig. Bei den *Bacteroidetes*, zu denen auch die Flavobakterien gehören, sind es nur 13 relevante Gruppen, die in diesem Ökosystem zahlreich und wiederkehrend auftreten. Innerhalb dieser findet sich wiederum ein überschaubarer Satz an PULs, die vorrangig auf fünf verschiedene Polysaccharide zugreifen, von denen zwei eine besonders tragende Rolle spielen. Das sind einerseits α -Glucane, die wichtige Speicherstoffe in Bakterien und tierischen Zellen sind, und andererseits β -Glucane, zu denen auch das Laminarin der Kieselalgen zählt [5]. Angesichts dessen, wie vielfältig Algen und Bakterien sind und wie komplex Polysaccharide sein können, waren wir überrascht, ein so begrenztes Spektrum an PULs zu finden, und das in vergleichsweise wenigen Bakteriengruppen. Die geringe Vielfalt der Bakteriengemeinschaft im Umfeld der Frühjahrsblüten zeigt uns, dass diese Gemeinschaft hochspezialisiert ist. Nur zwei verschiedene „Nahrungsmittel“ dominieren den Speiseplan. Innerhalb der bevorzugten Nahrungsmittel fanden wir die klare zeitliche Abfolge: Im Vorfeld und am Beginn der Blüte dominierten PULs, die auf einfache Zuckerbausteine abzielen. Im späteren Verlauf der Blüte werden auch komplexere Algenzucker genutzt. Das hat vermutlich zwei Gründe: Erstens bevorzugen die Bakterien generell leicht abbaubare Substrate, zweitens gibt es im Verlauf einer Blüte, wenn immer mehr Algen absterben, mehr komplexe Zucker. Dieser einfache Aufbau mit einhergehend vergleichsweise kleinen Genomen erlaubt es den *Bacteroidetes*, mit hohen Wachstumsraten schnell auf das Auftreten von Algenblüten zu reagieren [5].

Zusammengefasst: Die Bakterien entfalten im Verlauf der Algenblüte eine funktionelle Kaskade. Vom Abbau einfacher Algenspeicherstoffe geht es weiter zu den Algen-

Aus gehäckselten und durcheinandergewürfelten DNA-Stücken werden Genome: Aus der Umweltprobe erhalten wir ein Gemisch aus Genomen, das Metagenom. Die Sequenzierung liefert uns daraus zahlreiche ungeordnete, kurze Sequenzabschnitte. Zunächst werden die Rohdaten geordnet und zu Contigs assembliert. Contigs sind Sätze überlappender DNA-Stücke, die aus derselben genetischen Quelle – in unserem Fall der gleichen Bakterienart – stammen. Diese sind einige Kilobasen lang und damit lang genug, um sie sinnvoll sortieren zu können. Beim Binning werden die Contigs in Abhängigkeit ihrer Basensequenz und Häufigkeit in „Schachteln“, die sogenannten Bins, gruppiert, die in etwa einzelnen Bakterienarten entsprechen. Bei guter Vollständigkeit bezeichnet man diese Bins als aus „Metagenomen assemblierte Genome“, sogenannte MAGs. Foto: Alina Esken (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

zellwänden und schließlich zu den Zellwänden von Bakterien, wenn die massenhaft wachsenden Bakterien selbst absterben und von anderen Bakterien gefressen werden. Die Substratzusammensetzung im Laufe der Frühjahrsblüte ist ein treibender Faktor für die Zusammensetzung und Entwicklung der Bakteriengemeinschaft. Im Umkehrschluss erlaubt uns das, durch die Untersuchung der Bakterien zu erfahren, welche Algenzucker vorhanden sind. So erlangen wir Einblick in aufschlussreiche Details über den molekularen Aufbau des marinen Kohlenstoffkreislaufs.

Achtung: Egoistische Bakterien!

Schachteln und Bäume, Bins und PULs – die bisherigen Betrachtungen und Ergebnisse scheinen sehr abstrakt. Wir können die Zuckeraufnahme der Bakterien auch direkter beobachten. Dazu braucht es spezielle Mikroskope und farbstoffmarkierte Polysaccharide. Mischen wir grün markiertes Laminarin in eine Meerwasserprobe, wird es umgehend von darin lebenden Bakterien aufgenommen. Schon nach wenigen Minuten finden wir Algenzucker in Bakterienzellen. Dann können wir nachsehen, welche Bakterien das Laminarin so schnell aufnehmen: Es sind oft die altbekannten Flavobakterien. Anschließend nutzen wir hochauflösende Mikroskope, mit denen wir eine Bakterienzelle nicht nur als einen Punkt darstellen, sondern

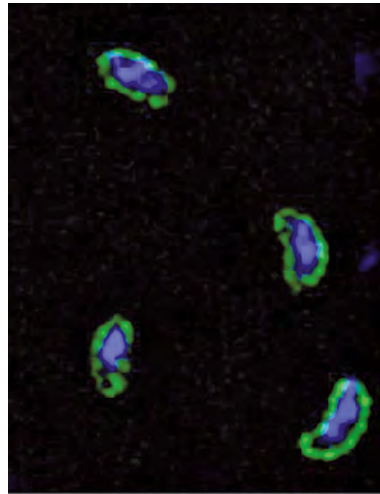


ABB. 6 Den Bakterien beim Fressen zusehen. Mit dem DNA-Farbstoff DAPI (blau) gefärbte Bakterienzellen nach der Aufnahme von grün markiertem Laminarin ins Periplasma.

Foto: Greta Reintjes (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

einzelne Zellteile unterscheiden können. So können wir dem Weg des Laminarins im Bakterium folgen. Die grüne Farbe findet sich nur im Bereich zwischen der äußeren und inneren Zellmembran, dem Periplasma. Das Zellinnere mit dem blau gefärbten Nukleoid ist klar getrennt von einem leuchtend grünen Rand (Abbildung 6). Dort wird das Laminarin vor der weiteren Verwertung eingelagert [6, 7].

Die „Zwischenlagerung“ des grob zerkleinerten Laminarins hat einen guten Grund: Die Bakterien sichern sich so ihre Pfründe, sie handeln egoistisch. Indem sie die Polysaccharide an der Zelloberfläche nur grob zerkleinern und die entstehenden Oligosaccharide zwischen die beiden Zellmembranen verfrachten, schaffen sie sich ihre private Speisekammer. Andere Organismen im Umgebungswasser können ihnen die Nahrung nicht

streitig machen. In der sicheren Speisekammer werden die Oligosaccharide in einzelne Zuckerbausteine zerlegt. Diese Monomere können schließlich ins Zellinnere aufgenommen werden (Abbildung 7). Mit unserer hochauflösenden Mikroskopie konnten wir zum ersten Mal die egoistische Substrataufnahme im Ozean zeigen. Tatsächlich handelt es sich jedoch um einen weit verbreiteten aktiven Mechanismus, der an sehr unterschiedlichen Orten vorkommt – im Atlantischen Ozean etwa genauso wie im menschlichen Darm.

DIE WELT AUF EINEM SANDKORN

Nicht nur im Wasser, auch im Sand spielen Bakterien eine Schlüsselrolle. Forschende des Bremer Max-Planck-Instituts haben herausgefunden, dass auf einem einzelnen Sandkorn bis zu 100.000 Mikroorganismen aus Tausenden von Arten leben. Die Bakterien besiedeln die Sandkörner nicht gleichmäßig, sondern tummeln sich gut geschützt in Rissen und Kuhlen (Abbildung). Die sandliebenden Bakterien spielen eine bedeutende Rolle für das Meer. Da die Mikroorganismen beispielsweise Kohlenstoff und Stickstoff aus dem Meerwasser und aus einströmenden Flüssen verarbeiten, wirkt Sand wie ein riesiger, reinigender Filter [8].

Blick auf ein Sandkorn unter dem Fluoreszenzmikroskop. Die grünen Pünktchen sind eingefärbte Bakterien, die sich vor allem in Vertiefungen auf dem Sandkorn angesiedelt haben. Foto: David Probandt (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie), CC-SA BY 4.0.

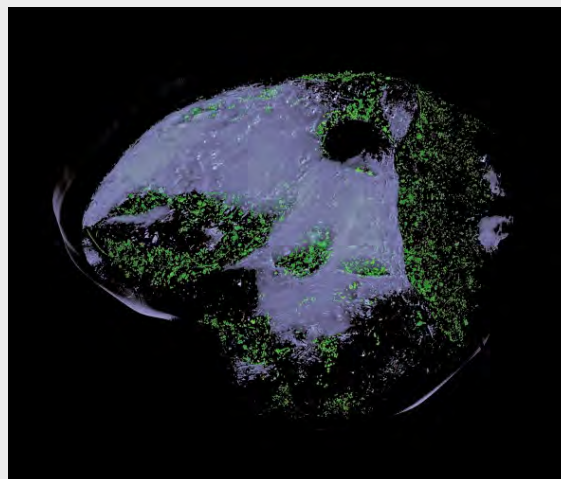
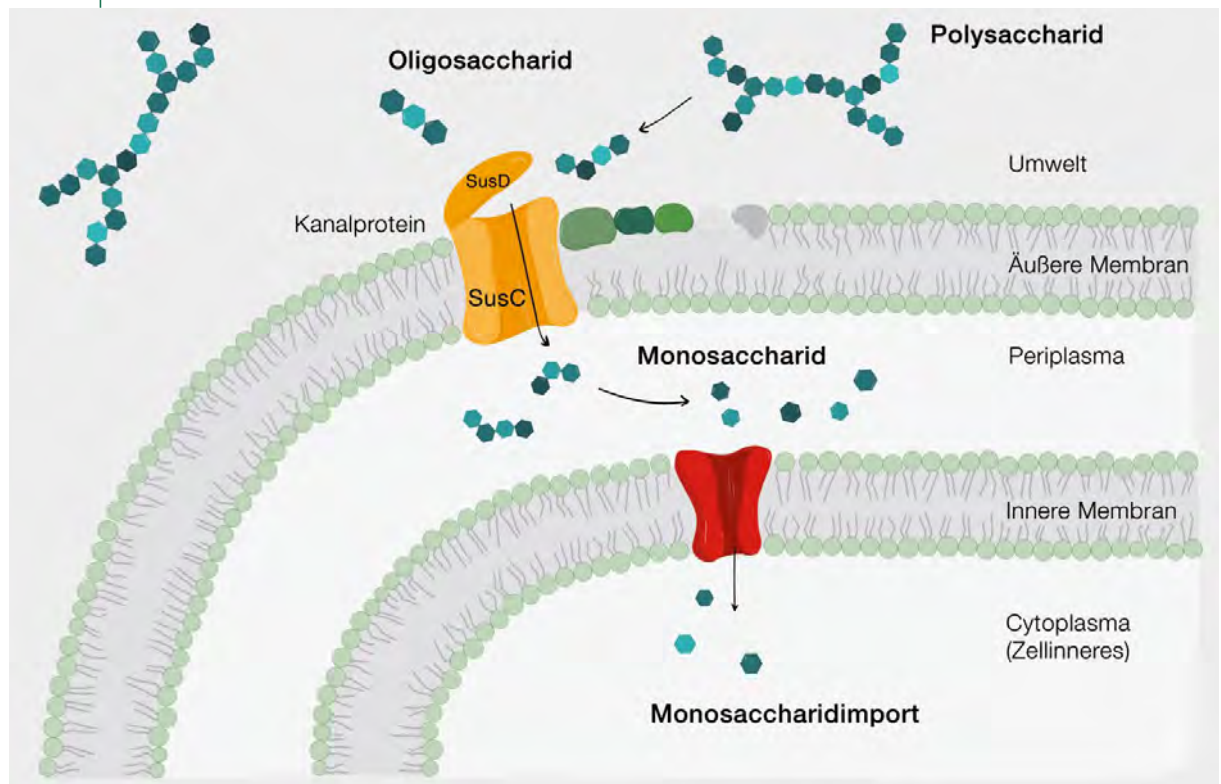


ABB. 7 | DER WEG EINES POLYSACCHARIDS INS ZELLINNERE EINES BAKTERIUMS



Die Polysaccharide werden an der Oberfläche der Bakterienzelle festgehalten und von Glycosidhydrolasen (Enzyme, die komplexe Zucker zerlegen) in Oligosaccharide zerkleinert. Diese werden durch eine große Pore mit einer Art Deckel in der äußeren Membran aktiv ins Periplasma, den Bereich zwischen äußerer und innerer Zellmembran, geschleust. Dort werden sie durch weitere Glycosidhydrolasen in Monosaccharide zerlegt und dann ins Zellinnere, das Cytoplasma, geschleust. Alle erforderlichen genetischen Informationen für die an diesem Prozess beteiligten Proteine sind in einem PUL kodiert. Foto: Alina Esken (Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie).

Das große Ganze: Der Kohlenstoffkreislauf

Wenn man aufs Meer schaut, sei es von der Küste, von Bord eines Schiffes aus oder auf einem Satellitenbild der Erde, gewinnt man den Eindruck, es handle sich dabei um einen riesigen, quasi uferlosen Lebensraum ohne innere Gliederung. Bei näherer Betrachtung aber findet sich im Ozean jede Menge Struktur. Sie reicht von der Schichtung des Meeres, etwa durch Licht und Temperatur, bis in die molekularen Details. Je genauer man das Ökosystem betrachtet, desto klarer wird: Das Meer ist hochkomplex und feinst strukturiert, in seiner Komplexität steckt es voller Regeln und Abhängigkeiten. Diese können wir verstehen und müssen wir zu verstehen suchen, um nicht nur mit Tauchbooten und Kameras, sondern auch mit unserem wissenschaftlichen Verständnis dem Meer auf den Grund zu gehen. Die hier präsentierten Untersuchungen zeigen uns zudem, wie sehr unser Wissen über die Welt des Unsichtbaren von der Methode abhängt, mit der wir sie betrachten (können). Saisonale Studien leisten einen großen Beitrag, um die komplexe Welt der heterotrophen Meeresbakterien besser zu verstehen. Das so erlangte Wissen ist Voraussetzung sowohl für kurz- als auch für langfristige Aussagen und Vorhersagen über dieses Ökosystem. So

können wir nach einem guten Jahrzehnt der Forschung am Helgoländer Langzeitobservatorium vorhersagen, welche Bakterien zu welcher Zeit in der südlichen Nordsee vorkommen und welche Funktion sie im Kohlenstoffkreislauf übernehmen.

Im kommenden Jahrzehnt wollen wir testen, ob sich diese Erkenntnisse auf den offenen Ozean und dort vor allem auf die höheren Breitengrade übertragen lassen, wo der globale Beitrag der Bakterien zum Kohlendioxidgehalt der Atmosphäre größer ist. Neben den unverzichtbaren Zeitreihen und Observatorien sollten dabei auch ► Bioarchive angelegt werden – insbesondere anthropogen so stark beeinflusster Meeresregionen wie der Nord- und Ostsee. Angesichts der starken Abhängigkeit unserer Ergebnisse von der Methode und der rasanten Entwicklungen in diesem Bereich würde es uns dadurch möglich, bei der zukünftigen Untersuchung der kleinsten Bewohner des Meeres inklusive des marinen Viroms auch rückblickend Analysen für eine umfassende Umweltüberwachung auszuführen. Vielleicht finden wir sogar eine Möglichkeit, wie Kohlendioxid aus der Atmosphäre in Algenbiomasse festgelegt werden kann, ohne dass Bakterien die Algen gleich wieder abbauen und somit das Kohlendioxid wie-

der freisetzen. Und zugegeben, selbst wenn uns ein solcher Coup in näherer Zukunft nicht gelingen sollte – jedes neue Detail, dass wir über diesen faszinierenden und alles beeinflussenden Lebensraum lernen, ist auch einfach ein weiteres Teil in einem der schönsten Puzzle, das man sich als Meeresforscher vorstellen kann.

Zusammenfassung

Die massive Vermehrung winziger Algen im Meer, des Phytoplanktons, führt dazu, dass sich etwa in der Nordsee jedes Frühjahr eine sogenannte Algenblüte bildet. Die Algen bilden nicht nur die Grundlage der Nahrungskette, sie dienen auch Bakterien als Nahrung. Diese zersetzen die Algen und deren Überreste. Für die Bakterien ist dabei nicht entscheidend, welche Algenarten vorhanden sind, sondern welche Mehrfachzucker diese enthalten. Anhand der bakteriellen Genome können wir sehen, welche Bakterien vorkommen, welche Zucker sie vermutlich abbauen und welche Funktion sie im Kohlenstoffkreislauf voraussichtlich haben. Langzeituntersuchungen, Observatorien und Bioarchive sind unverzichtbar für diese Forschung, die angesichts des Klimawandels besonders relevant ist.

Summary

Sweet feast with multiple courses: How bacteria devour algae

The massive growth of tiny algae in the ocean, the phytoplankton, causes a so-called algae bloom to form every spring in the North Sea. The algae not only form the basis of the food chain, they also serve as food for bacteria, which decompose the algae and their remains. For the bacteria, it is not decisive which types of algae are present, but which polysaccharides they contain. Based on the bacterial genomes, we can see which bacteria are present, which sugars they might break down and what function they presumably have in the carbon cycle. Long-term studies, observatories and bioarchives are essential for this research, which is particularly relevant in view of climate change.

Schlagworte:

Algenblüte, Nordsee, Bakterien, Polysaccharide, Mikrobiologie, Kohlenstoffkreislauf.

Literatur

- [1] K. H. Wiltshire et al., Helgoland roads: 45 years of change, *Estuaries and Coasts*, 2010, 33, 295–310.
- [2] H. Teeling et al., Substrate-controlled succession of marine bacterioplankton populations induced by a phytoplankton bloom. *Science*, 2012, 336, 608–611.
- [3] H. Teeling, Recurring patterns in bacterioplankton dynamics during coastal spring algae blooms. *eLife*, 2016, 5, e11888.
- [4] L. Kappelmann et al., Polysaccharide utilization loci of North Sea Flavobacteria as basis for using SusC/D-protein expression for predicting major phytoplankton glycans. *ISME J.*, 2019, 13, 76–91.
- [5] K. Krüger et al., In marine *Bacteroidetes* the bulk of glycan degradation during algae blooms is mediated by few clades using a restricted set of genes. *ISME J.*, 2019, 13, 2800–2816.

GLOSSAR

Autotroph: Organismen, die ihre Zellbestandteile ausschließlich aus anorganischen Molekülen wie CO₂ und H₂O aufbauen. Dazu gehören etwa Photosynthese betreibende Organismen.

Bioarchiv: Sammlung biologischer Proben und der entsprechenden Metadaten (Ort, Zeit, Physik, Chemie etc.).

Enzym: Eiweiß (Protein), das eine biochemische Reaktion katalysiert.

Laminarin: Polysaccharid, das etwa in Braun- und Kieselalgen vorkommt. Als vor allem aus β-1,3-verknüpfter Glukose bestehender Zucker dient es vielen Algen als Energiespeicher, vergleichbar mit Stärke (α-1,4-Homoglucan) bei den Landpflanzen.

Marines Mikrobiom: Das Mikrobiom umfasst die Gesamtheit aller Mikroorganismen in einem Lebensraum – das marine Mikrobiom also all jene, die in einem Meeresgebiet leben.

Metagenom: Als Metagenom bezeichnen wir hier die Gesamtheit der genomischen Information innerhalb einer Biozönose, z. B. der in einem Liter Meerwasser vorkommenden Organismen.

Polysaccharid: Vielfachzucker, also großes Kohlenhydrat, das aus vielen (> 10) Einfachzuckern (Monosacchariden) zusammengesetzt ist.

Polysaccharide Utilisation Locus (PUL): Genomabschnitt eines Bakteriums, der Proteine für den Abbau und Transport von Polysacchariden kodiert.

Sulfatase: Enzym aus der Gruppe der Esterasen, die durch Hydrolyse Sulfatester in Alkohol und Sulfat spalten.

- [6] F. Cuskin et al., Human gut *Bacteroidetes* can utilize yeast mannan through a selfish mechanism. *Nature*, 2015, 517, 165–169.
- [7] G. Reintjes et al., An alternative polysaccharide uptake mechanism of marine bacteria. *ISME J.*, 2017, 11, 1640–1650.
- [8] D. Probandt et al., Microbial life on a sand grain: from bulk sediment to single grains. *The ISME J.*, 2017, 12, 623–633.

Die Autoren



Der Mikrobiologe Rudolf Amann erforscht die Vielfalt und Ökologie von Mikroorganismen in marinen Lebensräumen. Nach dem Studium der Biologie und Chemie und anschließender Promotion und Habilitation an der Technischen Universität München verbrachte er einen Postdoc-Aufenthalt an der University of Illinois, Urbana-Champaign, USA. Seit 1997 ist er am Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie tätig und mittlerweile einer der dortigen Direktoren und Professor im Fachbereich Biologie der Universität Bremen.



Fanni Aspetsberger ist Meeresbiologin und Wissenschaftsjournalistin. Nach dem Studium in Wien, Hamburg und Spitzbergen wurde sie an der Universität Bremen promoviert. Nach einer journalistischen Ausbildung war sie u. a. als freischaffende Wissenschaftsjournalistin tätig. Seit 2015 ist sie Pressesprecherin des Max-Planck-Instituts für Marine Mikrobiologie.

Korrespondenz:

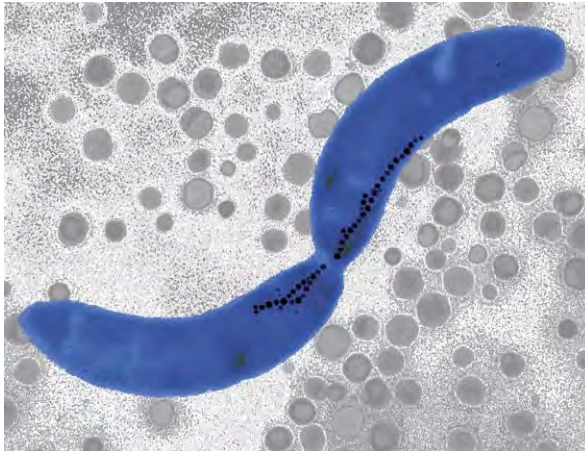
Prof. Dr. Rudolf Amann
Max-Planck-Institut für Marine Mikrobiologie
Celsiusstraße 1
28359 Bremen
ramann@mpi-bremen.de

Magnetospirillum gryphiswaldense, eines der ersten isolierten Magnetbakterien

Ein Mikroorganismus mit Magnetsinn

MARGARETE SCHÜLER | DIRK SCHÜLER

Sich teilende Zelle von *Magnetospirillum gryphiswaldense* mit Magnetitkristallen (Transmissionselektronenmikroskopische Aufnahme). Abb. Frank Mickoleit, Universität Bayreuth.



Viele Tiere können sich am Erdmagnetfeld orientieren. Weniger bekannt ist, dass auch bestimmte Mikroorganismen im Schlamm von Gewässern das Erdmagnetfeld zur Navigation benutzen. Während bei höheren Organismen der Sensor für diesen „sechsten Sinn“ jedoch noch zu entdecken bleibt, ist die faszinierende Fähigkeit zur Bildung von magnetsensorischen Zellorganellen bei magnetischen Bakterien bereits sehr gut erforscht.

Obwohl die Existenz eines Magnetsinns schon länger vermutet wurde, etwa bei vielen Tieren wie Zugvögeln, Fischen, Meeresschildkröten und auch Insekten, stießen die Berichte über angebliche „*Batteri magnetosensibili*“ (magnetsensitive Bakterien) des jungen italienischen Arztes und Forschers Salvatore Bellini Anfang der 1960er Jahre noch auf Skepsis [1]. Seine rätselhafte Beobachtung geriet bald in Vergessenheit, bis mehr als zehn Jahre später dem amerikanischen Doktoranden Richard Blakemore beim Mikroskopieren von Schlammproben erneut Bakterien auffielen, deren Schwimmbewegung den Feldlinien eines Stabmagneten folgten. Blakemore bezeichnete dieses Verhalten als ► „Magnetotaxis“ [2], und er erkannte mit Hilfe des Elektronenmikroskops, dass dafür nanoskopisch kleine Kristalle aus einem magnetischen Eisenmineral verantwortlich sind, die in den Zellen aufgereiht sind. Diese sogenannten ► „Magnetosomen“ stellen winzige Dauermagneten dar, mit deren Hilfe sich die Bakterienzellen entlang der magnetischen Feldlinien ausrichten.

Bald nach ihrer (Wieder)entdeckung wurde klar, dass magnetotaktische Bakterien alles andere als rare Kuriositäten darstellen, sondern weltweit im Sedimentschlamm vieler Gewässer in großer Zahl vorkommen, sowohl im

Süß- und Brackwasser als auch in marinen Habitaten. Mit Hilfe eines einfachen Stabmagneten kann man die Bakterien unter Ausnutzung ihrer gerichteten Schwimmbewegung leicht aus Schlammproben anreichern. Die mikroskopische und molekularbiologische Untersuchung solcher Anreicherungen führte zur Entdeckung einer beeindruckenden Vielfalt von Formen und Arten, die sich verschiedenen gramnegativen Verwandtschaftsgruppen der Bakterien zuordnen lassen [3]. Trotz ihres häufigen Vorkommens und ihrer einfachen Anreicherung hat sich die Laborkultivierung magnetischer Bakterien bis heute als mühsam erwiesen und war bisher nur für wenige Gruppen von Erfolg gekrönt. Eine der ersten im Labor kultivierbaren Arten überhaupt war das Alphaproteobakterium *Magnetospirillum gryphiswaldense*, dessen Isolierung im Jahr 1990 einem der Autoren (D. S.) während seiner Diplomarbeit an der Universität Greifswald gelang (Abbildung 1). Dieses mittlerweile wohl bestuntersuchte Magnetbakterium verdankt seinen Namen neben seinen magnetischen Eigenschaften der spiraligen Zellform sowie seiner Herkunft aus dem Sediment des Flüsschens Ryck nahe der Stadt Greifswald (lat. *Gryphisvaldia*) [4]. *M. gryphiswaldense* war auch namensgebend für die gesamte Gattung *Magnetospirillum*, die wegen ihrer bemerkens-

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 81 erklärt.

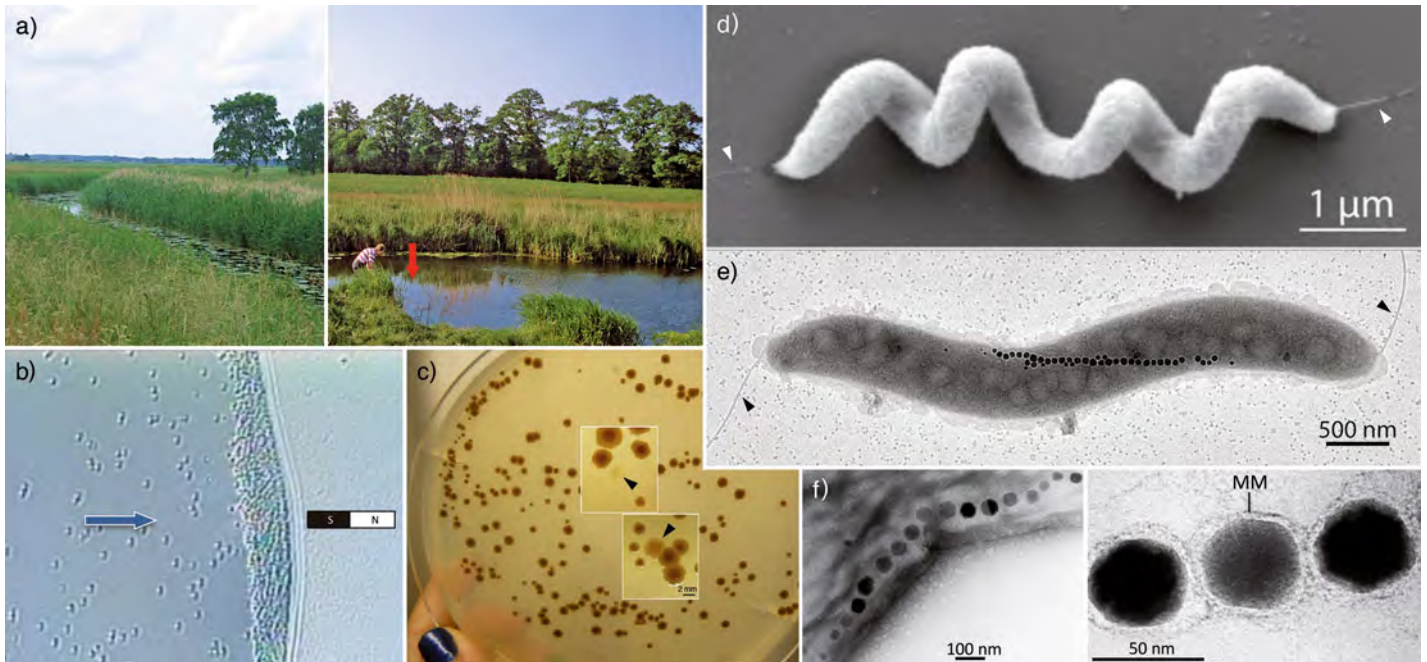


ABB. 1 a) Einer der Autoren (D. S., rechter Teil des Bilds) bei der Probenahme im natürlichen Habitat von *Magnetospirillum gryphiswaldense*, dem Flüsschen Ryck nahe Greifswald. Der Pfeil kennzeichnet die Entnahmestelle von Sedimentschlamm, aus dem das magnetotaktische Bakterium isoliert wurde. b) Rand eines Tropfens mit einer natürlichen Schlammprobe unter dem Mikroskop. Bringt man den Südpol eines Stabmagneten in die Nähe, schwimmen die im Tropfen enthaltenen Bakterien aktiv darauf zu (Pfeil) und sammeln sich am Tropfenrand. c) Agarplatte mit *M. gryphiswaldense*-Kolonien. Die dunkelbraune Farbe resultiert aus dem in den Zellen enthaltenen schwarzgefärbten Magnetit. Die beiden Detail-Insets zeigen neben dunkel gefärbten Wildtyp-Kolonien auch hellere von Mutanten mit gestörter oder ohne Fähigkeit zur Magnetosomenbiosynthese (Pfeilspitzen). d) Rasterelektronenmikroskopische Aufnahme von *M. gryphiswaldense*. Die Zellen sind spiralförmig und besitzen an jedem Zellpol ein Flagellum (Pfeilspitzen). e) Transmissionselektronenmikroskopische (TEM) Aufnahme einer intrazellulären Kette von etwa 40 Magnetitkristallen. f) In den TEM-Detailaufnahmen ist die in der Zelle einheitliche kubo-oktaedrische Kristallform (links) und die umgebende Magnetosomenmembran (MM, rechts) zu erkennen. Fotos: a–c: Karen T. Silva, Universität Bayreuth, d: Frank D. Müller/Martina Heider, Universität Bayreuth, e: Emanuel Katzmann, LMU München.

werten Eigenschaften erst kürzlich durch die *Vereinigung für Angewandte und Allgemeine Mikrobiologie* zur „Mikrobe des Jahres 2019“ gekürt wurde (<https://vaam.de/infportal-mikrobiologie/mikrobe-des-jahres/archiv/2019-magnetospirillum/mikrobe-des-jahres-2019/>). *M. gryphiswaldense* kann inzwischen gut im Labor gezüchtet und auch genetisch manipuliert werden. Es ist daher ein bedeutendes Modell für die ► Biominalisation von Magnetit sowie die Bildung von membranumgebenen Organellen in Prokaryonten geworden, das bereits zahlreiche grundlegende Einsichten in diese Prozesse ermöglicht hat. Das Bakterium ist ► mikroaerophil und gewinnt Energie aus der Oxidation von einfachen organischen Säuren mit Sauerstoff oder Nitrat als Elektronenakzeptoren.

Die Biominalisation von Magnetit erfolgt in speziellen Membranvesikeln

Die Biosynthese der Magnetosomen in *M. gryphiswaldense* und anderen Magnetbakterien hat sich als unerwartet komplex erwiesen und ist noch nicht in allen Einzelheiten erforscht. Allerdings weiß man heute, dass die Magnetosomenbildung ein genetisch präzise gesteuerter, schrittweiser Prozess ist [3] (Abbildung 2, oben). Zunächst werden durch Einstülpung der Cytoplasmamem-

bran spezielle Membranvesikel gebildet. Daran sind bestimmte Magnetosomenproteine beteiligt, die sich auch in der Vesikelmembran finden und zum Teil als Anker für die nachfolgende Rekrutierung weiterer Magnetosomen-

IN KÜRZE

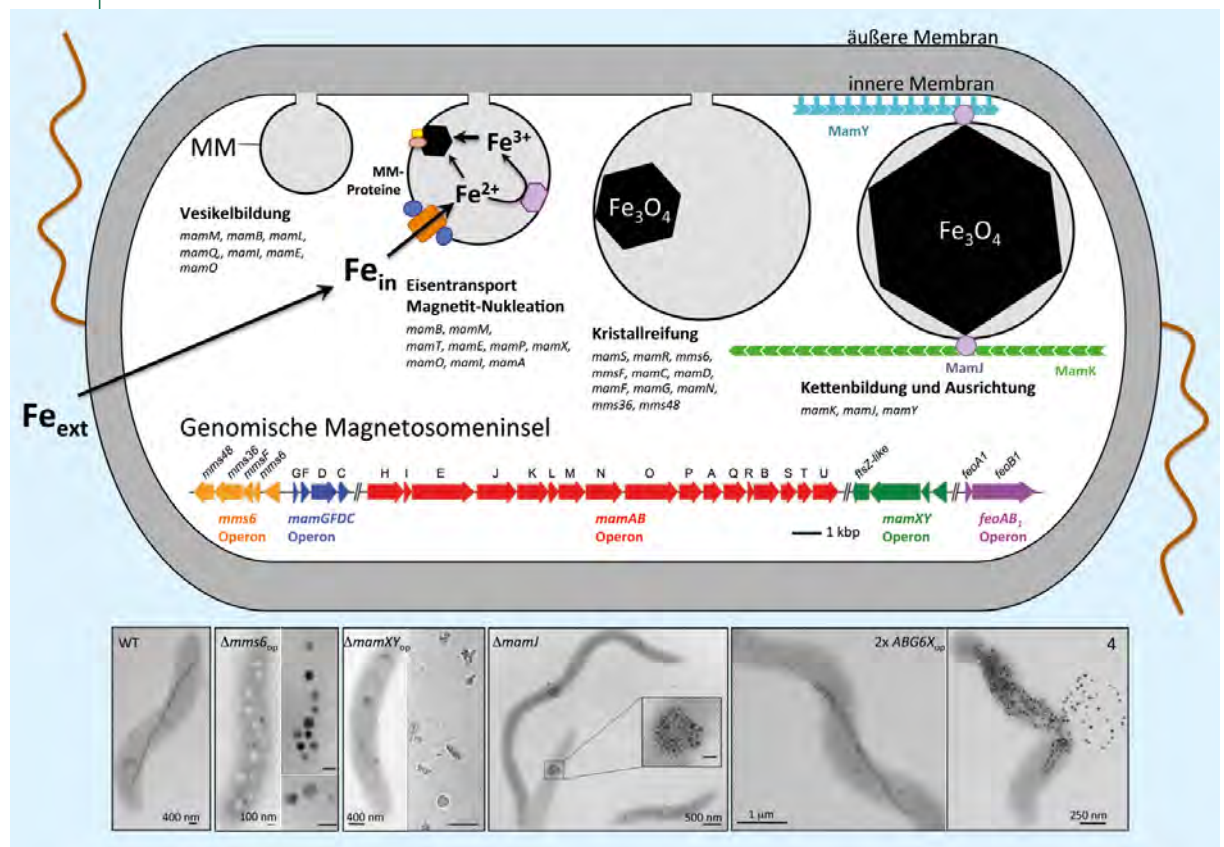
- *Magnetospirillum gryphiswaldense* wurde 1990 durch Dirk Schüler aus dem Sediment des Flüsschens Ryck nahe Greifswald isoliert. Es ist die **Typspezies der Bakteriengattung** *Magnetospirillum*, der „Mikrobe des Jahres 2019“.
- Das Bakterium ist spiralförmig, gramnegativ und bildet **intrazellulär Ketten von Kristallen** aus Magnetit (Fe_3O_4), den Magnetosomen.
- Es schwimmt **entlang der erdmagnetischen Feldlinien** mittels zweier an den Zellpolen angeordneten Flagellen. Dabei sucht es aktiv Sedimentschichten mit niedrigen Sauerstoffkonzentrationen auf, die durch ein komplexes chemo-sensorisches Netzwerk wahrgenommen werden (*Magneto-Aerotaxis*).
- Eingesetzt wird *M. gryphiswaldense* zur Herstellung von **maßgeschneiderten magnetischen Nanopartikeln** für biotechnologische und biomedizinische Anwendungen.

membranproteine dienen [5]. Die Magnetosomenvesikel gleichen einem „Nanoreaktor“, in dem die Bedingungen für die Biomineralisation von Magnetit (Fe_3O_4) genau eingestellt werden. Spezielle Transportproteine sorgen im Weiteren für die kontrollierte Aufnahme von gelöstem Eisen in diese membranumgebenen Kompartimente. Oxioreduktasen, darunter besondere Magnetosomen-assoziierte Cytochrome („Magnetochrome“), erzeugen im Nanoreaktor ein definiertes Mengenverhältnis von zwei- und dreiwertigem Eisen (etwa 1:2), das für die Bildung des gemischt-valenten Eisenoxids Magnetit nötig ist [6]. Weitere Magnetosomenproteine steuern die Nukleation und das Wachstum der 15 bis 25, manchmal mehr als 100 Kris-

talle, und regulieren so deren einheitliche Größe von ca. 40 nm sowie die etwa würfelförmige (kubo-oktaedrische) Form.

Insgesamt sind an der Magnetosomenbiosynthese mehr als 30 spezifische Proteine beteiligt. Deren Gene liegen auf dem 4.3 Mbp großen Chromosom von *M. gryphiswaldense* eng benachbart in einer etwa 100 kbp umfassenden Region, der sogenannten „Magnetosomeninsel“ (MAI) [7] (Abbildung 2, oben), die in abgewandelter Form in allen bisher untersuchten Magnetbakterien vorhanden ist [8]. Neben den durch die MAI-Gene vermittelten spezifischen Funktionen tragen auch einige allgemeine Stoffwechselprozesse zur Magnetosomenbiosynthese bei.

ABB. 2 | MAGNETOSOMENBIOSYNTHESE IN *M. GRYPHISWALDENSE*



Oben: Schema einer Bakterienzelle mit typisch gramnegativer Hülle mit äußerer und innerer Membran sowie dem dazwischen liegenden periplasmatischen Raum. Die genomische Magnetosomeninsel beherbergt etwa 30 Gene, die für die Biosynthese von Magnetosomen verantwortlich sind und in fünf Operons organisiert sind. Der Biosyntheseprozess erfolgt schrittweise und umfasst (1) die Bildung von Membranvesikeln, (2) die Insertion von Magnetosomenproteinen in die Magnetosomenmembran (MM), (3) die Aufnahme von gelöstem Eisen in die Vesikel und seine Mineralisierung und Reifung zum magnetischen Kristall, und (4) die Bildung der Magnetosomenkette und ihre Positionierung entlang spezieller cytoskelettaler Strukturen, dem „Magnetoskelett“. Die an den einzelnen Schritten beteiligten Gene, soweit bekannt, sind jeweils aufgelistet. Unten: TEM-Aufnahmen von *M. gryphiswaldense*-Wildtyp-Zellen (WT) sowie von Mutanten der Magnetosomeninsel, die eine Veränderung der Form, Größe und Anzahl der Magnetosomen zur Folge haben: (1) Deletion des *mms6*-Operons (weniger und kleinere Magnetosomen mit Strukturdefekten); (2) Deletion des *mamXY*-Operons (kleinere Magnetosomen mit starken Strukturdefekten und ohne Kettenanordnung); (3) Deletion des *mamJ*-Gens (Verlust der Kettenanordnung und Verklumpung der voll ausgereiften Kristalle); (4) Überexpression der MAI-Gene (hier Verdoppelung aller MAI-Operons außer *feoAB1*) führt zur teils stark vermehrten Bildung von Magnetosomenpartikeln (bis zu 170 pro Zelle), die zudem auch größer sind als in unveränderten Wildtypzellen. Balken in Detailaufnahmen: 50 nm. Abbildung nach [20, 21], verändert.

So sind verschiedene generische Transportsysteme an der Aufnahme von Eisen in die Zellen beteiligt [9]. Weiterhin unterstützen Enzyme der aeroben und anaeroben Atmung die Einstellung des für die Biomineralisation von Magnetit förderlichen intrazellulären Redoxmilieus [10]. Die Übertragung der mehr als 30 Magnetosomengene in andere Mikroorganismen gelang bereits in einigen Fällen. Eine derartige Transplantation befähigte zum Beispiel das Photosynthese betreibende, natürlicherweise nicht magnetische Bakterium *Rhodospirillum rubrum* zur Bildung von Ketten magnetischer Kristalle, die denjenigen des Spenderbakteriums *M. gryphiswaldense* entsprechen und die die Zellen wie bei diesem im Magnetfeld ausrichten [11] (Abbildung 3). Dies hat Ideen in der synthetischen Biologie beflügelt, weitere Zellen fremder, vielleicht sogar höherer Organismen durch Verwendung von genetischen Bausteinen aus Magnetbakterien magnetisch zu markieren oder zu manipulieren.

Ein spezielles „Magnetoskelett“ sorgt für die intrazelluläre Bildung und Positionierung von Magnetosomenketten

Die entstehenden Magnetosomenkristalle sind in der Bakterienzelle in einer oder zwei linearen Ketten regelmäßig angeordnet. Auf diese Weise addieren sich die schwachen magnetischen Momente der einzelnen Partikel zu einem Dipolmoment, das stark genug ist, um die Zelle ähnlich einer Kompassnadel im schwachen Magnetfeld der Erde auszurichten. Aufgrund ihrer gegenseitigen magnetischen Anziehung würden die einzelnen Magnetosomenkristalle ohne entsprechende Stabilisierung in der Zelle jedoch zusammenklumpen. Tatsächlich konnte man genau diese abnorme Partikelkonfiguration beobachten, wenn ein bestimmtes Magnetosomenprotein, MamJ, durch Deletion seines Gens ausgeschaltet wurde (Abbildung 2, unten). Dies führte zur Entdeckung eines ungewöhnlichen Cytoskelettnetzwerks, das die Bildung von Magnetosomenketten steuert und diese in der Zelle positioniert [12]. An der Struktur dieses speziellen „Magnetoskeletts“ sind mindestens drei verschiedene Proteine beteiligt. Im Zentrum steht das Protein MamK, das Sequenzähnlichkeit zur Familie der Aktine aufweist, die man nicht nur aus eukaryontischen Zellen kennt, sondern in jüngerer Zeit auch in vielen Bakterien entdeckt hat. MamK-Untereinheiten polymerisieren in großer Zahl zu Filamentbündeln, die das Bakterium der Länge nach durchziehen (Abbildung 4a, c). Entlang dieser Filamente sind über das spezielle Adapterprotein MamJ die einzelnen Magnetosomen wie Perlen auf einer Kette aufgereiht [12] (Abbildung 2, oben, Abbildung 4b) Ursprünglich wurde angenommen, dass die MamK-Stränge feste, unbewegliche Strukturen bilden. Sie sind jedoch im Gegenteil hochdynamisch: Durch Anlagerung und Abspaltung von Proteinuntereinheiten an den Enden entfalten die Filamente eine Motorwirkung, welche die Magnetosomenkette exakt in der Zellmitte positioniert. Auf diese Weise kann die Kette während der Zell-

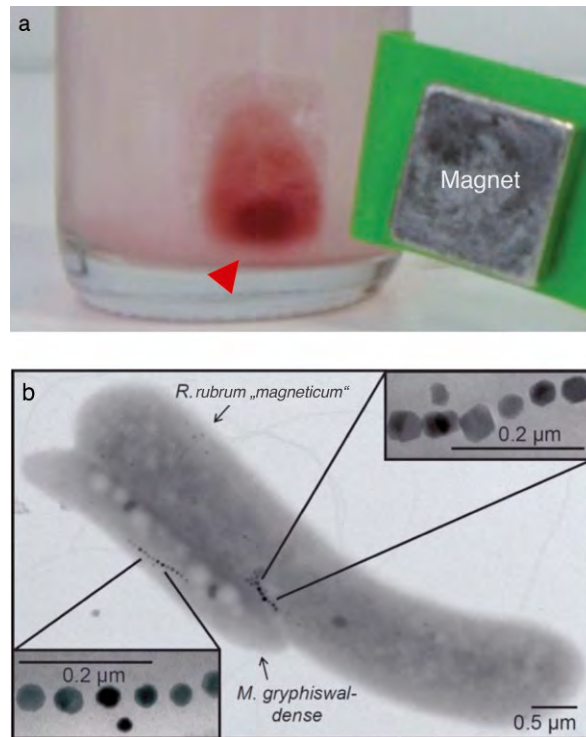


ABB. 3 Transplantation des genetischen Bauplans für die Magnetosomenbiosynthese aus *M. gryphiswaldense* in das nicht-magnetische photosynthetische Bakterium *Rhodospirillum rubrum*. a) *R. rubrum* „magneticum“ Zellen werden durch die Expression der transplantierten Gene „magnetisiert“ und sammeln sich (roter Pfeil) an der Wand des Kulturgefäßes nahe einem angelegten Magneten. b) TEM-Aufnahme von Donor- und Rezipienten-Zelle mit Magnetosomenkette. Abbildung aus [11]), verändert.

teilung mit höchstmöglicher Präzision in der Mitte gespalten werden, so dass beide Tochterzellen nach der Trennung etwa die gleiche Anzahl von Magnetosomen vererbt bekommen. Durch die Dynamik des Magnetoskeletts werden die beiden Kettenhälften nach der Zellteilung entgegengesetzt zueinander wieder zur Mitte der jeweiligen Tochterzelle dirigiert (Abbildung 4b). Dieser Vorgang ähnelt den Verteilungsmechanismen für andere prokaryontische Organellen und Plasmide und erinnert entfernt an den bekannten Prozess der Chromosomensegregation bei der Mitose [13].

Für eine optimale Wirkung ihrer Magnetosomenketten als Magnetfeldsensor müssen die Bakterien eine weitere Herausforderung bewältigen: Innerhalb des spiralförmig gewundenen Zellkörpers muss der stabförmige Magnet, dem die linearen Ketten ähneln, so positioniert werden, dass sein Dipolmoment möglichst parallel zur Bewegungsachse der Zelle ausgerichtet ist, wobei die Zelle beim Flagellen-getriebenen Schwimmen selbst um ihre eigene Längsachse rotiert. Wie erst kürzlich entdeckt wurde, ist für diese Positionierung eine weitere Komponente des Magnetoskeletts verantwortlich: Viele Kopien des sogenannten MamY-Proteins werden in der inneren Zellmembran

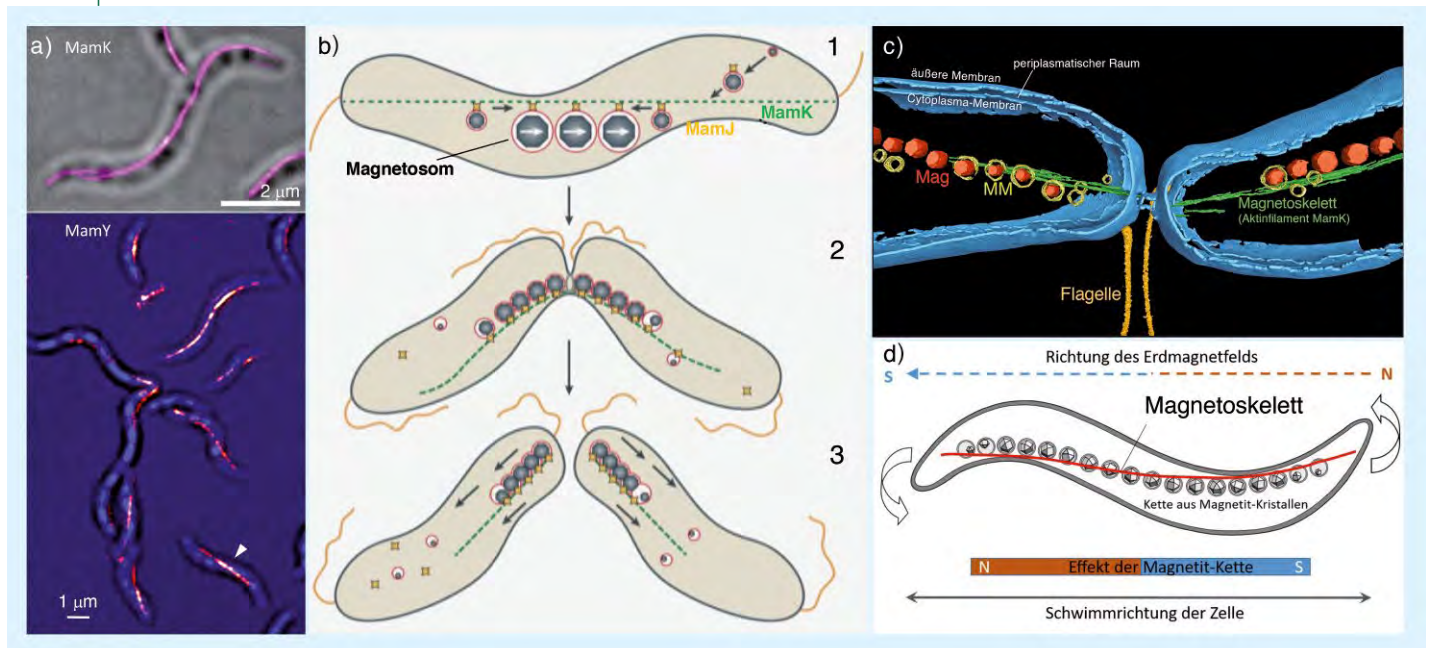
verankert und sammeln sich in den Zellregionen mit der stärksten Krümmung. Dort polymerisieren sie zu einer weiteren filamentösen Struktur, die auf diese Weise die kürzeste gerade Verbindung zwischen den Polen der spiralförmigen Zelle markiert, der sogenannten „geodätischen Achse“ (Abbildung 4a, unten (Pfeil), Abbildung 4d). Da MamY andererseits auch an die Magnetosomenketten bindet (vermutlich ebenfalls über MamJ), führt dies zur Ausrichtung der Ketten parallel zur linearen Zell- und Fortbewegungssachse [14, 15].

Die Magneto-Aerotaxis erleichtert die Orientierung im natürlichen Lebensraum

Magnetosomen gehören zu den kompliziertesten Strukturen, die aus prokaryontischen Zellen bekannt sind. Größe, Form, Zusammensetzung und Anzahl der Magnetosomenkristalle sowie ihre ausgeklügelte Anordnung und Positionierung

innerhalb der Zelle sind evolutionär exakt für die Funktion als Magnetfeldsensor optimiert. Ihre Biosynthese kostet die Zelle zudem beträchtliche Energie. Dieser Aufwand lässt bereits vermuten, dass die magnetische Orientierung einen wesentlichen Beitrag zur Fitness und zum Überleben der Zellen in ihrem natürlichen Lebensraum leisten muss. Tatsächlich besteht die Funktion der Magnetotaxis wahrscheinlich darin, dass durch die Ausrichtung der Bakterien entlang der erdmagnetischen Feldlinien die Navigation im natürlichen Lebensraum erleichtert wird. Das Magnetfeld der Erde weist neben der horizontalen auch eine vertikale Komponente auf. Diese als ▶ Inklination bezeichnete Neigung der Feldlinien hat an den Polen einen Winkel von 90° und 0° am Äquator – in Deutschland beträgt sie etwa 70°. Auf der Nordhalbkugel sind die Feldlinien nach unten gerichtet, südlich des Äquators verlaufen sie entgegengesetzt. Durch die Ausrichtung der

ABB. 4 | POSITIONIERUNG DER MAGNETOSOMENKETTE IN *M. GRYPHISWALDENSE*

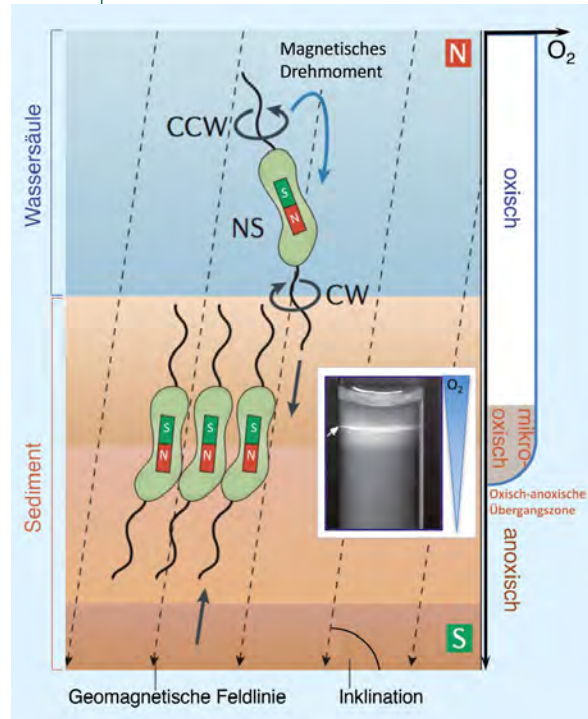


Die Organisation und Positionierung der Magnetosomenkette wird durch das Magnetoskelett gesteuert. a) Hochauflösende Fluoreszenzmikroskopie (3D Structured Illumination Mikroskopie, SIM) zur Lokalisierung der von Proteinen des Magnetoskeletts gebildeten Filamentstrukturen in der lebenden Zelle. Die Zellen exprimieren dabei eine Fusion des jeweiligen Filamentproteins mit einem fluoreszierenden Protein als Marker (oben: MamK, unten: MamY, jeweils Fusion mit mCherry). Die Umrisse der Zellkörper sind durch Überlagerung der Fluoreszenzaufnahme mit einer Hellfeldaufnahme sichtbar. Die Pfeilspitze (unten) hebt eine Zelle hervor, an der die geradlinige Positionierung der Magnetosomenkette im spiralförmigen Zellkörper besonders gut zu erkennen ist. b) Schematische Darstellung der Magnetoskelett-funktion bei der Aufreihung der Magnetosomen und ihrer Verteilung bei der Zellteilung. Die Magnetosomen in (1) sind mit ihrem magnetischen Dipolmoment (weiße Pfeile) dargestellt. Sie werden über das Adapter-Protein MamJ (gelbe Sterne) am MamK-Filament (grün) befestigt. Nach der Zellteilung werden die „Tochter“-Ketten durch die Dynamik des Filaments wie auf einem Laufband zur Zellmitte dirigiert (3, schwarze Pfeile). c) 3D Rekonstruktion eines Kryoelektronentomogramms sich teilender Zellen. Farblich hervorgehoben sind die äußere und innere Membran, das Aktin-artige Filament aus dem Protein MamK (grün), Magnetitkristalle (rot) mit der sie umgebenden Magnetosomenmembran (gelb) sowie je ein Flagellum (gold). Die Anfertigung und Segmentierung (farbliche Abgrenzung bestimmter Strukturen) solcher Tomogramme bildet die technische Grundlage für Erkenntnisse wie sie in (b) zusammengefasst sind. d) MamY ist neben MamK ein weiterer Filament-bildender Bestandteil des Magnetoskeletts. Das MamY-Filament verläuft als geodätische Linie zwischen den maximal positiv gekrümmten Membranregionen der Zelle. Auf diese Weise wird die Magnetosomenkette in der spiralisierter Zelle geradlinig und parallel zur Bewegungsachse der rotierend schwimmenden Zelle positioniert. Abb. a) Daniel Pfeiffer, Universität Bayreuth (MamK) und Mauricio Toro-Nahuelpan/Frank D. Müller, Universität Bayreuth (MamY). b) Mauricio Toro-Nahuelpan/Frank D. Müller, Universität Bayreuth. c) Abb. aus [13], verändert, d) Frank D. Müller, Universität Bayreuth.

Bakterien parallel zu den Feldlinien erfährt ihre Schwimmbewegung eine bevorzugte Orientierung, nämlich ungefähr parallel zu den im Sediment vorherrschenden, ebenfalls von oben nach unten verlaufenden Gradienten von Nährstoffen, und insbesondere von Sauerstoff (Abbildung 5). Diese Orientierung erfolgt rein passiv, auch tote Zellen richten sich noch aus. Die Entscheidung über die Schwimmrichtung entlang der Feldlinien – und damit innerhalb des Sauerstoffgradienten nach unten oder oben – treffen die Zellen jedoch aktiv mit Hilfe ihrer ausgeprägten Aerotaxis.

Im Genom von *M. gryphiswaldense* finden sich ungewöhnlich viele Gene mit mutmaßlichen Funktionen bei der Chemotaxis und Signaltransduktion, darunter vier konservierte Chemotaxis-Operons (während z. B. das gut untersuchte Bakterium *Escherichia coli* nur über eines verfügt), sowie darüber hinaus 56 Gene, die Chemorezeptoren kodieren (*E. coli*: 5) [16]. Obwohl die genaue Funktion dieser Proteine bisher experimentell erst in einigen Fällen überprüft wurde, vermutet man, dass viele, wenn nicht sogar alle dieser Chemorezeptorproteine als Sauerstoffsensoren mit unterschiedlicher Empfindlichkeit in einer fein abgestimmten aerotaktischen Reaktion zusammenwirken. Die Zellen bevorzugen eine Sauerstoffkonzentration von etwa 1–20 μM (etwa ein bis zwei Größenordnungen unterhalb der atmosphärischen). Geringere oder höhere Konzentrationen wirken abschreckend und führen zu einer Umkehr der Flagellenrotation und damit der Bewegungsrichtung. Dadurch kann *M. gryphiswaldense* in Sauerstoffgradienten Zonen mit der für das Wachstum optimalen niedrigen Konzentration auffinden, wo es schmale Banden bildet (Abbildung 5, Inset). In den Sedimenten natürlicher Gewässer finden sich diese Regionen in einer dünnen Schicht wenige Millimeter unter der Sedimentoberfläche, nahe der sogenannten oxisch-anoxischen Übergangszone oder Redoxkline. Ändert sich die Position dieser Schicht, z. B. durch tageszeitliche Variationen der Sauerstoffproduktion von in der Nachbarschaft lebenden photosynthetischen Organismen, oder werden die Bakterien von ihrer bevorzugten Position z. B. in höhere, sauerstoffhaltigere Gewässerschichten verdriftet, leitet die Aerotaxis sie wieder zurück in Richtung des Sauerstoffoptimums. Im Unterschied zur ansonsten für die bakterielle Chemotaxis typischen dreidimensionalen Schwimmbewegung (dem sog. *run-and-tumble*) wird die Schwimmrichtung magnetischer Bakterien – gewissermaßen wie auf einer Schiene – dabei jedoch auf eine lineare Bewegung entlang des vertikal nach unten geneigten Erdmagnetfelds reduziert. Dies macht die aerotaktische Reaktion deutlich effizienter [15]. Die passive magnetische Ausrichtung ist also eng mit einer aktiven Sauerstoffwahrnehmung, der intrazellulären Reizweiterleitung sowie schließlich der Steuerung der Flagellenrotation und ihrer daraus resultierenden Bewegungsrichtung verbunden. Somit stellt die „Magnetotaxis“ in *M. gryphiswaldense* und wahrscheinlich auch anderen Magnetbakterien in Wirklichkeit eigentlich eine sehr viel komplexere „Magneto-Aerotaxis“ dar [16].

ABB. 5 | MAGNETO-AEROTAXIS BEI *M. GRYPHISWALDENSE*

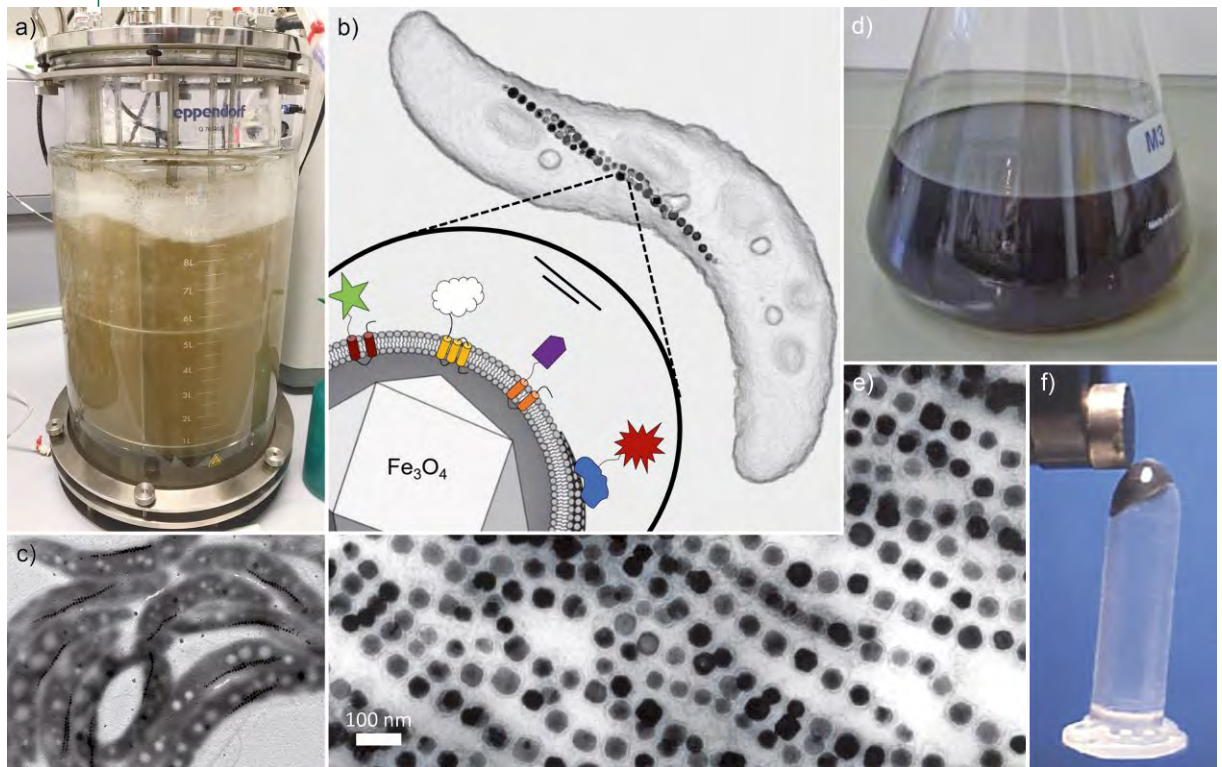


Die Zellen schwimmen mit Hilfe ihrer beiden an den Zellpolen entspringenden rotierenden Flagellen entlang des auf der Nordhalbkugel nach unten geneigten Erdmagnetfelds und somit parallel zum vertikalen Konzentrationsgradienten von Sauerstoff im Sediment natürlicher Gewässer. Mit Hilfe ihrer zusätzlichen Aerotaxis gelangen die Zellen effizient in Zonen mit der für ihr Wachstum optimalen niedrigen Sauerstoffkonzentration, die sich in natürlichen Gewässern wenige Millimeter unter der Sedimentoberfläche, nahe der sog. oxisch-anoxischen Übergangszone befindet. Inset: Die ausgeprägte Aerotaxis zeigt sich auch in Kulturröhrchen mit halbfestem Agarmedium, in denen sich die schwimmenden Zellen von *M. gryphiswaldense* als scharf umrissene Bande innerhalb des von oben nach unten verlaufenden Sauerstoffgradienten genau bei ihrer bevorzugten niedrigen Konzentration von wenigen Mikromol/Liter ansammeln (Pfeil). Abb. nach [3], verändert.

Magnetosomen: Magnetische Nanomaterialien mit neuen Eigenschaften

Aufgrund ihrer starken Magnetisierung, hohen Kristallinität sowie einheitlichen Form und Größe stellen Magnetosomen Magnetnanopartikel mit perfekten Materialeigenschaften dar, die von synthetisch hergestellten Nanopartikeln bisher unerreicht sind. Dies hat zu der Idee inspiriert, mikrobiell produzierte Magnetosomen in verschiedenen biotechnologischen und biomedizinischen Anwendungen zu nutzen. Inzwischen gelingt auch in größerem Maßstab die Kultivierung der empfindlichen Bakterien (Abbildung 6a), aus denen sich die intakten membranumgebenen Magnetosomenpartikel leicht isolieren lassen (Abbildung 6d, e, f). Aus *M. gryphiswaldense* gewonnene

ABB. 6 | PRODUKTION UND FUNKTIONALISIERUNG VON MAGNETOSOMEN



a) Mikrooerische Fermenterkultur von *M. gryphiswaldense*. Die dunkelbraune Farbe geht auf die schwarze Färbung der Magnetosomenkristalle zurück, die von den Zellen unter diesen Bedingungen gebildet werden (c, TEM-Aufnahme). b) Schematische Darstellung eines gentechnisch funktionalisierten Magnetosomenkristalls aus einer Zelle von *M. gryphiswaldense*. Mittels genetischer Fusionen mit unterschiedlichen Proteinen der Magnetosomenmembran lassen sich bis zu vier verschiedene Arten von fremden Proteinen auf der Partikeloberfläche verankern. Dies können beispielsweise fluoreszierende Proteine, diverse Enzyme, Strukturproteine oder Antikörperfragmente sein. d) Aus den Zellen gewonnene Magnetosomen in Suspension und unter dem TEM (e). f) Isolierte Magnetosomen in einem Reaktionsgefäß haften an einem Magneten – die Aufnahme zeigt deutlich die magnetischen Eigenschaften der Partikel. Abb. b) Frank Mickoleit/Clarissa Lanzloth, Universität Bayreuth.

Magnetosomen haben z.B. kommerziell verfügbare Kontrastmittel in magnetischen bildgebenden Verfahren in ihrer Wirksamkeit deutlich übertroffen [17]. Erste Tierversuche deuten darauf hin, dass magnetische Hyperthermieanwendungen mit bakteriellen Magnetosomen zur Rückbildung von Tumoren führen könnten [18].

Viele dieser Anwendungen erfordern es, die Magnetpartikel mit zusätzlichen Eigenschaften zu versehen. Dies ließe sich z.B. für die Herstellung von magnetischen „Theranostika“ nutzen, die sich, etwa gekoppelt mit Molekülen für die Erkennung von Tumorzellen und beladen mit geeigneten Wirkstoffen, durch Magnetfelder an den Ziort im Organismus dirigieren lassen und dort gleichzeitig eine diagnostische und therapeutische Wirkung entfalten. Fremde Polypeptide und Biomoleküle lassen sich über chemische Reaktionen oder genetische Fusionen mit Magnetosomenproteinen an die Partikel koppeln. Für *M. gryphiswaldense* steht dazu mittlerweile ein ganzer genetischer Baukasten zur Herstellung von multifunktionalen Magnetosomen zur Verfügung [19]. So konnten flexible Kopplungsgruppen, Fluorophore, Antikörperfragmente,

ganze Arrays aus verschiedenen Enzymproteinen oder sogar Hüllen aus Spinnenseideproteinen auf der Oberfläche der Magnetosomen exprimiert werden (Abbildung 6b). Aus biotechnologischer Sicht erscheint es besonders reizvoll, dass alle Eigenschaften – Form, Größe, Magnetisierung sowie zusätzliche funktionale Biomoleküle – vollständig genetisch kodierbar sind. Mit Hilfe von Methoden der synthetischen Biologie können so magnetische Nanopartikel mit maßgeschneiderten Eigenschaften und ganz neuen Funktionalitäten hergestellt werden.

Zusammenfassung

Das aquatische Bakterium *Magnetospirillum gryphiswaldense* produziert spezielle Organellen, die aus dem Eisenmineral Magnetit bestehen und die Zelle ähnlich einer Kompassnadel entlang der erdmagnetischen Feldlinien ausrichten. Magnetbakterien sind faszinierende Objekte der Grundlagenforschung auf dem Feld der Biomineralisation und Zellbiologie, und neuerdings auch für die Herstellung magnetischer Nanopartikel für biotechnologische und biomedizinische Anwendungen von Interesse.

Summary

Magnetic sense in microbes

The aquatic bacterium *Magnetospirillum gryphiswaldense* synthesizes unique organelles. They consist of membrane-enveloped crystals of the iron mineral magnetite, and are used like a compass needle to align the cell along the Earth's magnetic field lines. Magnetotactic bacteria are a fascinating model-object to study biomineralization and microbial cell biology. Moreover, due to their remarkable properties they have recently attracted considerable interest as producers of magnetic nanoparticles for biotechnological and biomedical applications.

Schlagworte:

Biomineralisation, Magnetosomen, magnetische Nanopartikel.

Literatur

- [1] S. Bellini, Ulteriori studi sui "Batteri Magnetosensibili", 1963, 1–14.
- [2] R. Blakemore, Magnetotactic bacteria. *Science*, 1975, 190, 377–379.
- [3] R. Uebe, D. Schüler, Magnetosome biogenesis in magnetotactic bacteria. *Nat. Rev. Microbiol.*, 2016, 14, 621–637.
- [4] K. H. Schleifer et al., The genus *Magnetospirillum* gen. nov. Description of *Magnetospirillum gryphiswaldense* sp. nov. and transfer of *Aquaspirillum magnetotacticum* to *Magnetospirillum magnetotacticum* comb. nov. *Syst. Appl. Microbiol.*, 1991, 14, 379–385.
- [5] O. Raschdorf et al., Genetic and ultrastructural analysis reveals the key players and initial steps of bacterial magnetosome membrane biogenesis. *PLoS Genet.*, 2016, 12, e1006101.
- [6] M. I. Siponen et al., Structural insight into magnetochrome-mediated magnetite biomineralization. *Nature*, 2013, 502, 681–684.
- [7] S. Ullrich et al., A hypervariable 130-kilobase genomic region of *Magnetospirillum gryphiswaldense* comprises a magnetosome island which undergoes frequent rearrangements during stationary growth. *J. Bacteriol.*, 2005, 187, 7176–7184.
- [8] S. Kolinko et al., Single-cell genomics of uncultivated deep-branching magnetotactic bacteria reveals a conserved set of magnetosome genes. *Environ. Microbiol.*, 2016, 18, 21–37.
- [9] R. Uebe et al., The dual role of MamB in magnetosome membrane assembly and magnetite biomineralization. *Mol. Microbiol.*, 2018, 107, 542–557.
- [10] Y. Li et al., The periplasmic nitrate reductase Nap is required for anaerobic growth and involved in redox control of magnetite biomineralization in *Magnetospirillum gryphiswaldense*. *J. Bacteriol.*, 2012, 194, 4847–4856.
- [11] I. Kolinko et al., Biosynthesis of magnetic nanostructures in a foreign organism by transfer of bacterial magnetosome gene clusters. *Nat. Nanotechnol.*, 2014, 9:193–197.
- [12] A. Scheffel et al., An acidic protein aligns magnetosomes along a filamentous structure in magnetotactic bacteria. *Nature*, 2006, 440, 110–114.
- [13] M. Toro-Nahuelpan et al., Segregation of prokaryotic magnetosome organelles is driven by treadmill of a dynamic actin-like MamK filament. *BMC Biol.*, 2016, 14, 88.
- [14] M. Toro-Nahuelpan et al., MamY is a membrane-bound protein that aligns magnetosomes and the motility axis of helical magnetotactic bacteria. *Nat. Microbiol.*, 2019, 4, 1978–1989.
- [15] D. Pfeiffer, D. Schüler, Quantifying the Benefit of a dedicated „Magnetoskeletton“ in bacterial magnetotaxis by live-cell motility tracking and soft agar swimming assay. *Appl. Environ. Microb.*, 2020, 86.
- [16] F. Popp et al., Polarity of bacterial magnetotaxis is controlled by aerotaxis through a common sensory pathway. *Nat. Commun.*, 2014, 5, 5398.
- [17] A. Kraupner et al., Bacterial magnetosomes - nature's powerful contribution to MPI tracer research. *Nanoscale*, 2017, 9, 5788–5793.

GLOSSAR

Bio-mineralisation: Prozess, in dessen Verlauf Organismen anorganische Festkörper bzw. Mineralien bilden.

Inklination: Neigungswinkel der magnetischen Feldlinien des Erdmagnetfelds zur Horizontalen der Erdoberfläche. Bei nach unten gerichteten Feldlinien spricht man von positiver Inklination (derzeit auf der Nordhalbkugel).

Magneto-Aerotaxis: Kombination zweier Sinnesleistungen in magnetotaktischen Bakterien, nämlich der passiven Ausrichtung im magnetischen Feld anhand ihrer Magnetosomen sowie der Wahrnehmung und des gezielten Aufsuchens von Bereichen mit optimaler Sauerstoffkonzentration.

Magnetosomen: Bakterielle sensorische Zellorganellen, die aus einem Lipidmembran-umhüllten Kristall eines magnetischen Eisenminerals (meist Magnetit, Fe₃O₄) bestehen.

Magnetosomeninsel: Genomregion, in der die an der Biomineralisation von Magnetosomen beteiligten Gencluster liegen.

Magnetotaxis: Die Fähigkeit eines Organismus zur Navigation im Magnetfeld.

Mikroaerophil: Die stoffwechselbedingte Bevorzugung von niedrigen Sauerstoffkonzentrationen (geringer als die atmosphärische O₂-Konzentration) durch Mikroorganismen.

Operon: Gruppe von zwei oder mehr im Genom benachbarten Genen, die funktionell zusammengehören, einer gemeinsamen Regulation unterliegen und zusammen abgelesen werden.

Redoxkline: In aquatischen Sedimenten die Schicht zwischen sauerstoffreichem (oberhalb) und sauerstofffreiem (unterhalb) Milieu. Diese schmale Schicht ist gekennzeichnet durch steile vertikale Gradienten reduzierter und oxidierter (Redox) chemischer Verbindungen.

- [18] E. Alphantery et al., Use of bacterial magnetosomes in the magnetic hyperthermia treatment of tumours: A review. *Int. J. Hyperthermia*, 2013, 29, 801–809.
- [19] F. Mickoleit et al., A versatile toolkit for controllable and highly selective multifunctionalization of bacterial magnetic nanoparticles. *Small*, 2020, 16, e1906922.
- [20] A. Lohße et al., Functional analysis of the magnetosome island in *Magnetospirillum gryphiswaldense*: the mamAB operon is sufficient for magnetite biomineralization. *PLoS ONE*, 2011, 6, e25561.
- [21] A. Lohße et al., Overproduction of Magnetosomes by Genomic Amplification of Biosynthesis-Related Gene Clusters in a Magnetotactic Bacterium. *Appl. Environ. Microb.*, 2016, 82, 3032–3041.

Die Forschungsarbeit am Lehrstuhl für Mikrobiologie der Universität Bayreuth wird gefördert von der DFG, dem BMBF sowie dem ERC.

Die Autoren



Margarete Schüler, 1991 Biochemie-Diplom (Universität Tübingen, FU Berlin), 1997 Dissertation am MPI für Biochemie Martinsried/LMU München. 1997–1999 Postdoc-Aufenthalt an der UC San Diego, USA. Ab 1999 wissenschaftliche Mitarbeiterin am MPI für Marine Mikrobiologie in Bremen, ab 2008 am MPI für Biochemie in Martinsried und seit 2014 an der Universität Bayreuth.



Dirk Schüler, 1990 Biologie-Diplom (Universität Greifswald), 1994 Dissertation am MPI für Biochemie Martinsried/TU München. 1996–1999 Postdoc-Aufenthalte in USA (Iowa State University in Ames und Scripps Institution of Oceanography in San Diego). Ab 1999 Nachwuchsgruppenleiter am MPI für Marine Mikrobiologie in Bremen. 2006 Professor an der LMU München, seit 2014 Lehrstuhlinhaber für Mikrobiologie an der Universität Bayreuth.

Korrespondenz: Prof. Dr. Dirk Schüler Lehrstuhl für Mikrobiologie Universität Bayreuth 95440 Bayreuth E-Mail: dirk.schueler@uni-bayreuth.de

Symbionten unterstützen
Herbivorie bei Käfern

Vegetarier mit Helfern

MARTIN KALTENPOTH



Schilfkäfer (hier die Art *Donacia thalassina*) sind bei ihrer spezialisierten Ernährungsweise auf die Unterstützung durch bakterielle Symbionten angewiesen.

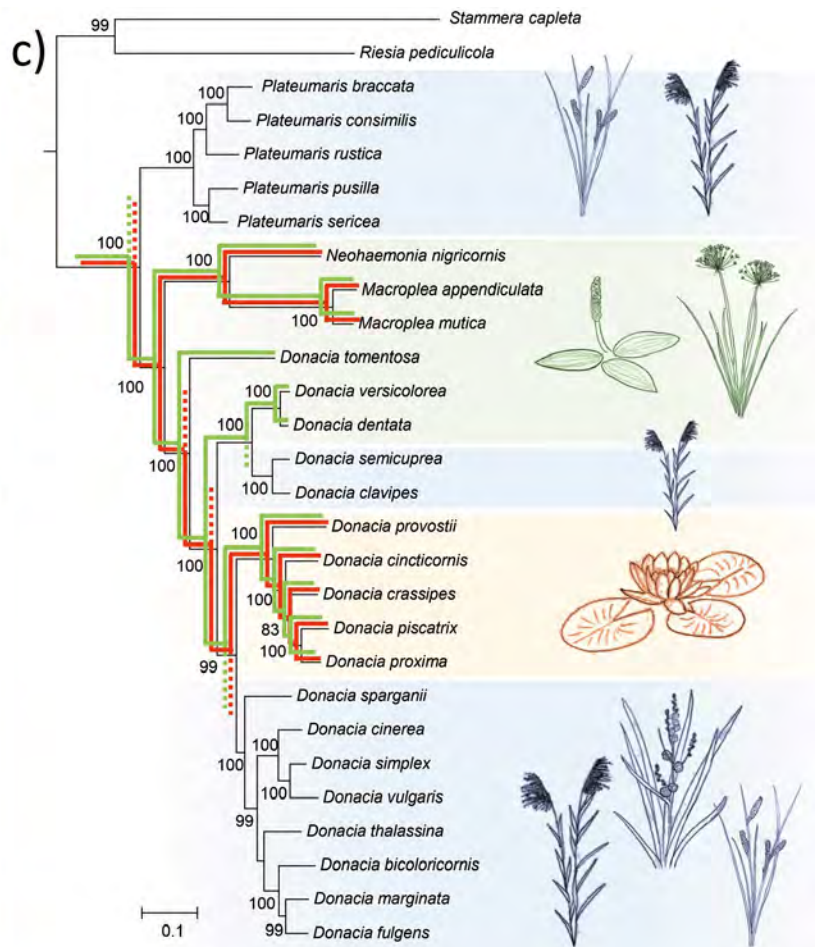
Insekten repräsentieren die artenreichste Tiergruppe der Erde und besiedeln fast alle terrestrischen und limnischen Habitate. Zwei Schlüsselinnovationen, die wohl maßgeblich zum evolutionären Erfolg der Insekten beitrugen, waren die Entwicklung der kompletten ► Metamorphose in den sogenannten ► holometabolen Insekten und die wiederholte Evolution der Fähigkeit, sich auf rein pflanzliche Nahrung zu spezialisieren. In der artenreichsten Ordnung holometaboler Insekten, den Käfern, mehrten sich die Hinweise, dass symbiotische Mikroorganismen einen wesentlichen Beitrag zur Evolution der ► herbivoren Lebensweise leisten, indem sie bei der Ergänzung oder Verwertung der Nahrung eine wichtige Rolle spielen.

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 88 erklärt.

Mit rund 350.000 beschriebenen Arten stellen Käfer die artenreichste Ordnung von Tieren auf der Erde dar [1]. Sie besiedeln ein breites Spektrum an Lebensräumen auf allen Kontinenten mit Ausnahme der Antarktis und nutzen eine Vielzahl verschiedener Nahrungsquellen. Die Fähigkeit, sich auf rein pflanzliche Nahrung zu spezialisieren, ist dabei von besonderem Interesse, da sie wahrscheinlich einen wichtigen Beitrag zum Artenreichtum der Käfer geleistet hat und mehrfach unabhängig voneinander evolviert ist.

Die Spezialisierung auf pflanzliche Nahrung stellt Insekten und andere Tiere allerdings vor gleich mehrere Herausforderungen: Zum einen weisen die meisten pflanzlichen Gewebe ein vergleichsweise niedriges Verhältnis von Stickstoff zu Kohlenstoff auf, so dass sich herbivore Tiere mit der Herausforderung konfrontiert sehen, ihren Bedarf an stickstoffhaltigen Nährstoffen wie Aminosäuren und Vitaminen zu decken. Zum anderen liegt ein Großteil der energie- und kohlenstoffreichen Kohlenhydrate in Form von Polymeren wie Zellulose, Hemizellulose und Pektin in der pflanzlichen Zellwand vor, die schwer verdaulich sind und spezielle Enzyme zum Abbau erfordern. Hinzu kommt, dass viele Pflanzen zu ihrem Schutz toxische

ABB. 1 | SCHILFKÄFER UND IHRE SYMBIONTEN



Die Symbiose mit Bakterien trägt bei Schilfkäfern zur Nährstoffversorgung und Verdauung bei. a) Adulte Käfer der Art *Macroplea mutica*. b) Fluoreszenz-mikroskopische Aufnahme der symbiotischen Bakterien (gelb) in den modifizierten Malpighischen Gefäßen eines adulten Weibchens der Art *Donacia vulgaris*. c) Phylogenetischer Stammbaum der bakteriellen Symbionten der Schilfkäfer, sowie der beiden Polygalakturonasene im Symbiontengenom (in grün und rot). Verlustereignisse der Gene sind durch gestrichelte Linien dargestellt. Wirtspflanzenordnungen der Käfer sind farbig hinterlegt (blau: Poales, grün: Alismatales, orange: Nymphaeales). Abb. c verändert aus [3].

► Sekundärmetabolite produzieren, die die Evolution von Resistenzmechanismen oder Entgiftungsstrategien für Herbivore erforderlich machen.

Während viele Insekten morphologische und physiologische Anpassungen sowie spezielle Verhaltensweisen evolviert haben, die es ihnen ermöglichen, die Herausforderungen einer pflanzlichen Ernährung zu meistern, stellen Symbiosen mit Mikroorganismen eine ebenfalls weit verbreitete Quelle evolutionärer Anpassungen an eine herbivore Lebensweise dar [2], (Abbildung 1). Die Beiträge symbiotischer Bakterien zur Nahrungsergänzung bei Pflanzensaft-saugenden Hemiptera (Blattläuse, Woll- und Schildläuse, Zikaden etc.) und zur Verdauung bei holzfressenden Termiten liefern eindruckliche Beispiele für die Bedeutung bakterieller Symbionten zur herbivoren Ernährung ihrer Wirte. Über die Funktion symbiotischer Bakterien in Käfern war jedoch lange Zeit nur recht wenig bekannt, von einzelnen Schädlingsarten mit ökonomischer

IN KÜRZE

- Käfer stellen die artenreichste Ordnung von Tieren auf der Erde dar. Ein Grund dafür ist wahrscheinlich die mehrfach unabhängig voneinander evolvierte Fähigkeit, sich auf rein pflanzliche Nahrung zu spezialisieren.
- Mikrobielle Symbionten tragen in vielen Käfern zur Nutzung pflanzlicher Nahrungsquellen bei.
- In einigen Käferfamilien liefern mikrobielle Symbionten ihren Wirten essentielle Nährstoffe, die nicht in genügender Menge in der pflanzlichen Nahrung vorhanden sind und die die Käfer nicht selbst herstellen können.
- In anderen Fällen produzieren Symbionten Enzyme zur Verwertung schwer verdaulicher Polymere in der Pflanzenzellwand (Zellulose, Hemizellulose, Pektin) oder zur Entgiftung pflanzlicher Verteidigungssubstanzen.
- Die von Symbionten vermittelten Fähigkeiten eröffnen Käfern neue ökologische Nischen und tragen zum Erfolg verschiedener Forst- und Agrarschädlingsarten bei.
- Angesichts des aktuellen Rückganges vieler Insektenpopulationen ist ein besseres Verständnis ihrer Interaktionen mit Mikroorganismen von großer Bedeutung für den Naturschutz.

Relevanz abgesehen. Funktionelle und genomische Untersuchungen der letzten Jahre bei einer zunehmenden Zahl verschiedener Käferfamilien deuten nun aber darauf hin, dass bakterielle Symbionten nicht nur weit verbreitet sind, sondern auch ein breites Spektrum an Beiträgen zur herbivoren Ernährung ihrer Wirte liefern können.

Bereitstellung essentieller Aminosäuren oder Vitamine durch symbiotische Mikroorganismen

Eines der Hauptprobleme einer rein pflanzlichen Ernährung stellt die oft geringe Konzentration an stickstoffhaltigen Nährstoffen in pflanzlichen Geweben dar. Dies betrifft vor allem die essentiellen Aminosäuren und Vitamine, die Tiere nicht selbst synthetisieren können und für die sie daher auf externe Quellen angewiesen sind. Während räuberische, pilzfressende und omnivore Insekten in der Regel ihren Bedarf an diesen Substanzen über die Nahrung decken können, hängt die Versorgung bei Herbivoren stark davon ab, von welchen pflanzlichen Geweben sie sich ernähren. Pflanzensaft ist dabei besonders nährstoffarm, und alle bislang untersuchten auf das Saugen von Phloem- oder Xylemsaft spezialisierten Hemiptera weisen obligate mikrobielle Symbionten auf, die ihren Wirten die limitierten Aminosäuren und Vitamine zur Verfügung stellen. Diese Symbionten werden meist in spezialisierten Wirtszellen, den sogenannten ▶ Bakteriozyten, beherbergt und in den Eiern an die nächste Generation weitergegeben. Die enge Assoziation mit dem Wirt und die oft sehr lange koevolutionäre Vergangenheit (bis zu mehreren hundert Millionen Jahren) führen dabei in den meisten Fällen zu beidseitiger Abhängigkeit sowie dem Verlust großer Teile des Symbiontengenoms. Dieser Prozess der sogenannten Genomerossion ist in dem reduzierten Selektionsdruck auf viele Gene begründet, die in der stabilen Umgebung der Wirtszelle nicht mehr benötigt werden. Da als Ergebnis viele der obligat intrazellulären Symbionten von Insekten nur noch über ein minimales Set an Metabolismusgenen verfügen, lassen die Genomsequenzen der Symbionten oft präzise Rückschlüsse auf deren funktionelle Bedeutung für ihre Wirte zu.

Bei Käfern ist die Ernährung von pflanzlichem Phloem oder Xylem nur von wenigen Taxa bekannt. Eines davon sind die semi-aquatischen Schilfkäfer (Donaciinae), eine Unterfamilie der Blattkäfer (Chrysomelidae). Die Larven dieser Käfer leben in Teichen und Seen und bohren die Wurzeln von Wasserpflanzen an, deren Pflanzensaft sie als Nahrung nutzen. Außerdem beziehen sie über spezialisierte Atmungsorgane den Sauerstoff aus den Interzellularräumen der Pflanze. Die adulten Käfer hingegen leben bei den meisten Arten oberhalb der Wasseroberfläche und fressen die Blätter der Wirtspflanzen, wobei sie in der Regel auf Pflanzen einer bestimmten Familie beschränkt sind. Obwohl schon lange bekannt ist, dass Schilfkäfer mit bakteriellen Symbionten vergesellschaftet sind, haben erst kürzlich genomische Untersuchungen gezeigt, dass diese

tatsächlich in der Lage sind, die meisten der essentiellen Aminosäuren und eines der B-Vitamine zu produzieren und so die spezialisierte Ernährung der Larven zu ermöglichen (Abbildung 1) [3]. Interessanterweise fehlen jedoch in den Symbionten einiger Schilfkäferarten die Synthesewege für Methionin und/oder Tryptophan, so dass die Wirte den Bedarf dieser Aminosäuren offenbar aus anderen Quellen decken [3].

Eine Ernährungssymbiose mit Hefepilzen kommt bei Brot- und Tabakkäfern (*Stegobium paniceum* und *Lasioderma serricorne*) aus der Familie der Nagekäfer (Ptinidae) vor: Diese Tiere ernähren sich von verschiedenen gelagerten Lebensmitteln und können dadurch ernsthafte Schäden anrichten. Die Symbionten werden in speziellen Mitteldarm-assoziierten Mycetomen beherbergt und tragen zur Versorgung der Wirte mit Aminosäuren, Vitaminen und Sterolen bei. Im Falle des Tabakkäfers könnten die Symbionten außerdem eine Rolle für die Detoxifizierung pflanzlicher Sekundärmetabolite spielen. Ebenfalls mit pilzlichen aber auch mit bakteriellen Ernährungssymbionten assoziiert sind viele Borkenkäfer, die zum Teil als wichtige Schädlinge der Forstwirtschaft auftreten. Die Anreicherung des nährstoffarmen Futters durch Symbionten spielt also in verschiedenen Käferfamilien eine wichtige Rolle, einschließlich ökonomisch relevanter Forst- und Vorratsschädlinge.

Symbiotische Kooperation zur Kutikulasynthese

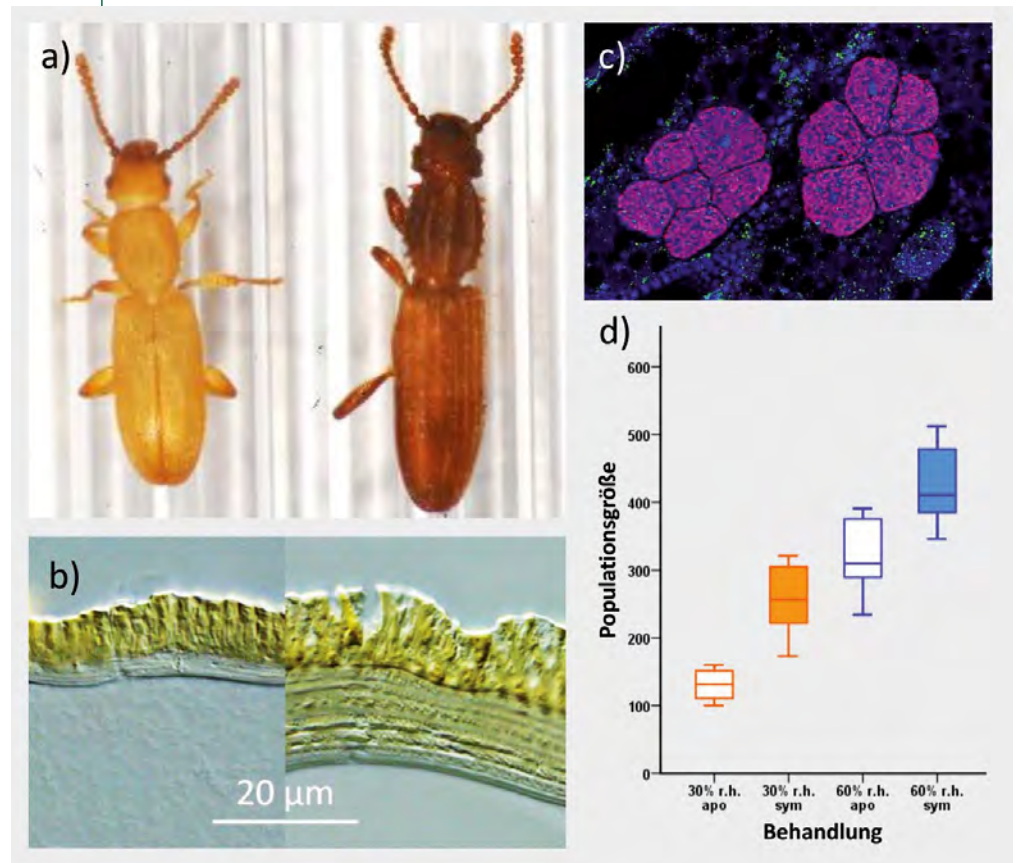
Ein einzelner Nährstoff, der von Käfern in besonderem Maße benötigt wird, ist die aromatische Aminosäure Tyrosin, da sie bei der Synthese des harten Exoskeletts, der Kutikula, einschließlich der bei Käfern verhärteten Vorderflügel (▶ Elytren) eine wichtige Rolle spielt. Die Kutikula besteht hauptsächlich aus drei verschiedenen Komponenten: Chitinfasern, Proteinen und Katecholaminen. Während des Prozesses der Härtung der Kutikula (▶ Sklerotisierung) vermitteln letztere die Vernetzung zwischen Chitin und den kutikulären Proteinen. Diese für die mechanischen Eigenschaften der Kutikula so wichtigen Katecholamine sind von Tyrosin oder dessen Vorläufer Phenylalanin abgeleitet. Darüber hinaus bildet Tyrosin die Vorstufe für Melanin, das für die dunkle Färbung der Kutikula verantwortlich ist. Da die Aushärtung und mechanische Verstärkung der Kutikula während der Sklerotisierung mit den Mengen an Katecholaminen korreliert, die zur Vernetzung verwendet werden, sind hohe Mengen an Tyrosin erforderlich, um harte Kutikula wie im Bereich der Mandibeln, Kopfkapsel oder auch – im Fall von Käfern – der Elytren aufzubauen [4]. Da die Elytren in Käfern groß, ▶ melanisiert und stark sklerotisiert sind, müssen erhebliche Mengen an aromatischen Aminosäuren in ihre Herstellung investiert werden [4].

Insekten sind zwar in der Lage, Tyrosin aus Phenylalanin zu synthetisieren, können aber letzteres nicht selbst herstellen und sind daher auf eine externe Quelle aroma-

tischer Aminosäuren angewiesen. In diesem Kontext wurden kürzlich mehrere Symbiosen bei Insekten, vor allem bei Käfern, beschrieben, deren vornehmliche oder sogar einzige Funktion in der Bereitstellung aromatischer Aminosäuren für die Kutikulasynthese, -sklerotisierung und -melanisierung zu liegen scheint. Insbesondere das stark erodierte Genom des gamma-proteobakteriellen Symbionten *Nardonella*, der in verschiedene Rüsselkäfer (Curculionidae) vorkommt, enthält einen vollständigen Tyrosinbiosyntheseweg, aber keine Synthesewege für andere essentielle und nicht-essentielle Aminosäuren oder Vitamine [5]. Folglich führte die experimentelle Entfernung der Symbionten zu Käfern mit weicher und heller Kutikula, was die Rolle der Symbionten bei der Sklerotisierung und Melanisierung unterstreicht [5]. Ähnliche Effekte wurden bei *Sitophilus*-Arten (Curculionidae, Dryophthorinae) und in *Oryzaephilus surinamensis* (Silvanidae) beobachtet, die jeweils Symbionten beherbergen, die phylogenetisch von *Nardonella* weit entfernt sind (Abbildung 2) [6, 7]. Darüber hinaus beherbergen mehrere Bostrichiden-Arten Symbionten, die nah zu denen von *O. surinamensis* verwandt sind, was auf eine Beteiligung an der Kutikulaausbildung hindeutet.

Während die mechanistischen Grundlagen der Symbionten-unterstützten Kutikulasynthese und deren Auswirkungen auf das Wachstum, die Reproduktion und das Überleben des Wirts eingehend charakterisiert wurden [7], sind experimentelle Studien zur ökologischen Bedeutung dieser Symbiosen bislang rar. Engl et al. [6] konnten aber zeigen, dass die dickere Kutikula symbiotischer gegenüber der aposymbiotischer Getreideplattkäfer (*O. surinamensis*) zu einem verbesserten Schutz gegen Wasserverlust und einem erhöhten Populationswachstum vor allem bei geringer Luftfeuchtigkeit führte (Abbildung 2). Die Symbionten-vermittelte Versorgung mit aromatischen Aminosäuren oder deren Vorläufern kann es dem Wirt somit ermöglichen, ungünstige Umweltbedingungen zu überleben und ökologische Nischen mit niedriger Luftfeuchtigkeit zu besetzen, einschließlich anthropogener Lebensräume wie Getreidesilos, die zur Verhinderung von Schimmelbefall besonders trocken gehalten werden. Während verschiedene Getreideschädlinge

ABB. 2 | SYMBIOSE ZUR KUTIKULABILDUNG IM GETREIDEPLATTKÄFER *ORYZAEPHILUS SURINAMENSIS*



a) Aposymbiotischer (d. h. symbiontenfreier, links) und symbiotischer (rechts) Käfer im Vergleich. Deutlich zu sehen ist die weniger stark melanierte Kutikula des aposymbiotischen Tieres. b) Repräsentative Bilder von Kutikulaquerschnitten eines aposymbiotischen (links) und eines symbiotischen (rechts) Käfers. c) Intrazelluläre symbiotische Bakterien (magenta) in Bakteriozyten eines adulten Käfers. d) Einfluss der Symbionten und der relativen Luftfeuchte (r. h.) auf das Populationswachstum bei *O. surinamensis* nach drei Monaten, ausgehend von Startpopulationen von 50 Käfern pro Replik (8 Replikate pro Behandlung). Apo = aposymbiotische Käfer, sym = symbiontenhaltige Käfer. Abb. a, b und d verändert aus [6], c: Tobias Engl.

mit symbiotischen Bakterien unter trockenen Bedingungen leben und wahrscheinlich durch die Symbionten von einer erhöhten Austrocknungsresistenz profitieren, wurden andere ökologische Vorteile (v. a. eine verbesserte mechanische Verteidigung gegen Prädatoren, ► Parasitoide und Krankheitserreger) bisher noch nicht untersucht. Es ist aber davon auszugehen, dass symbiotische Allianzen zur Versorgung mit aromatischen Aminosäuren bei Käfern weiter verbreitet und ökologisch wichtiger sind als derzeit bekannt.

Abbau pflanzlicher Zellwände durch Symbionten

Neben der limitierten Verfügbarkeit essentieller Nährstoffe in vielen pflanzlichen Geweben stellt die schwere Verdauulichkeit der Kohlenstoffquellen eine große Herausforderung für Herbivore dar. Ein großer Teil des Kohlenstoffs

und der Energie liegt nämlich in der pflanzlichen Zellwand in Form von Polymeren wie Zellulose, Hemizellulose und Pektin vor, für deren Aufspaltung spezielle Enzyme notwendig sind. Solche Enzyme waren lange Zeit nur von Mikroorganismen bekannt, mittlerweile wissen wir aber, dass auch viele Insekten über entsprechende Gene in ihren Genomen verfügen. In einigen Fällen konnte die Aufnahme dieser Gene in die Wirtsgenome auf horizontale Transferereignisse von Mikroorganismen zurückgeführt werden. So verfügen etwa die meisten Blatt- und Rüsselkäfer über Pektinasegene in ihren Genomen, die aus mehreren horizontalen Gentransferereignissen von Pilzen und Bakterien hervorgegangen sind [8]. In anderen Fällen aber werden die Enzyme zum Abbau der pflanzlichen Zellwandbestandteile nicht von wirtseigenen Genen kodiert, sondern von symbiotischen Mikroorganismen zur Verfügung gestellt.

Die bekannteste Symbiose zur Verdauung polymerer Kohlenhydrate bei Insekten stellt die Assoziation zwischen Termiten und ihrer komplexen mikrobiellen Gemeinschaft dar, die aus Protisten, Pilzen, Archaeen und diversen Bakterien bestehen kann und beim Abbau der zellulosereichen Nahrung eine wesentliche Rolle spielt. Bei holzfressenden Käfern der Familie Passalidae wurde kürzlich eine funktionell ähnliche Symbiose mit Darmbakterien beschrieben, die ebenfalls eine wesentliche Rolle bei der Verdauung der Lignozellulose-reichen Nahrung und der Anreicherung mit Stickstoff spielt: Die bakteriellen Symbionten im Darm dieser Käfer produzieren eine Vielzahl von Enzymen zum Abbau von Lignin, Zellulose und Hemizellulose und der Fermentation der Abbauprodukte sowie zur Fixierung von Stickstoff [9]. Neben der Bedeutung der mikrobiellen Aktivität für die Nahrungsaufspaltung der adulten Käfer werden die vorverdauten und Stickstoff-angereicherten Produkte außerdem über den Kot ausgeschieden und dienen den Larven als Nahrung, die mit ihren unterentwickelten Mandibeln nicht in der Lage sind, Hartholz zu fressen [9]. Insofern spielt die mikrobielle Symbiose nicht nur eine bedeutende Rolle für die Ökologie dieser Käfer, sondern ermöglicht auch das subsoziale Verhalten mit elterlicher Fürsorge.

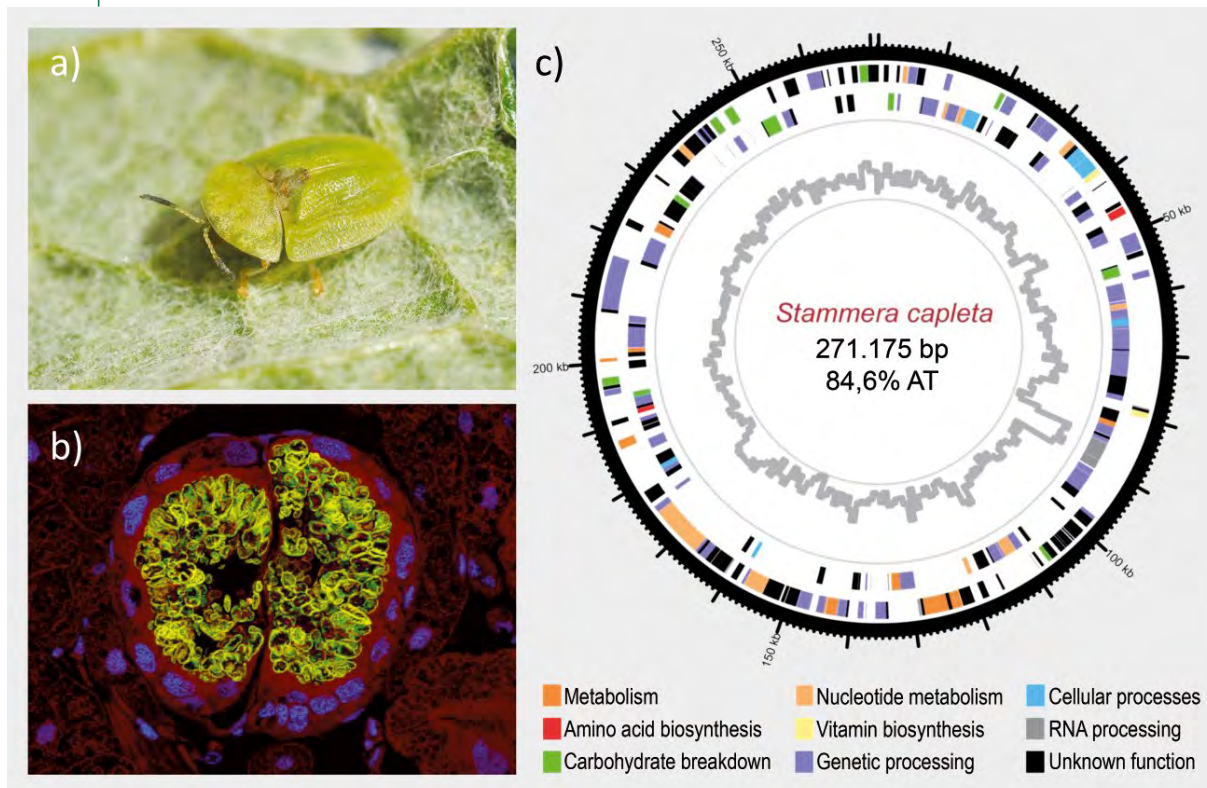
Neben holzfressenden Insekten sehen sich auch Blattfresser mit der Herausforderung konfrontiert, die pflanzlichen Zellwandbestandteile zu verdauen, um sie als Kohlenstoff- und Energiequelle zu nutzen und effizienteren Zugang zum nährstoffreichen Zellinhalt zu erlangen. Dem Distelschildkäfer *Cassida rubiginosa* (Chrysomelidae) kommen dabei bakterielle Symbionten zu Hilfe, die extrazellulär in spezialisierten Organen am Übergang zwischen Vorder- und Mitteldarm leben. Diese Symbionten weisen mit 271.175 Basenpaaren das bis dahin kleinste bekannte Genom eines extrazellulär lebenden Organismus auf und verfügen dementsprechend über einen extrem reduzierten fermentativen Metabolismus (Abbildung 3) [10]. Sie produzieren aber zwei Pektinasen, nämlich eine Polygalakturonase und eine Rhamnogalakturon-Lyase, die die wirt-

seigenen Zellulasen komplementieren und beim Abbau der pektinreichen Zellwände der Wirtspflanze helfen und so für die erfolgreiche Entwicklung der Käfer unabdingbar sind [10]. Eine vergleichende Untersuchung der Symbiontengenome von 13 Schildkäferarten ergab das generelle Vorhandensein der Polygalakturonase in allen Arten, während die Rhamnogalakturon-Lyase nur in einigen Arten vorzukommen scheint [11]. Da genau diese Gruppe von Arten ein besonders breites Spektrum an Nahrungspflanzen nutzt, könnten die Symbionten einen wichtigen Einfluss auf die Wirtspflanzennutzung der Käfer haben.

Einen ähnlichen Beitrag zur Verdauung der pflanzlichen Nahrung leisten die Symbionten einiger Schilfkäferarten. Wie oben bereits angesprochen unterstützen diese Symbionten die Ernährung der Schilfkäferlarven durch die Produktion von essentiellen Aminosäuren und Vitaminen. Bei einigen Arten enthalten die Symbiontengenome aber zusätzlich ein oder zwei Gene für Polygalakturonasen, die beim Aufbrechen der Pflanzenzellwände wie bei den Schildkäfern komplementär zu den Käfer-eigenen Zellulasen wirken [3]. Diese Polygalakturonasen sind vermutlich vor allem in den blattfressenden Adulttieren von Bedeutung, da männliche Käfer nur bei den Arten die Symbionten bis ins Adultstadium hinein behalten, bei denen diese mindestens eine der Pektinasen produzieren [3]. Die beiden unterschiedlichen Funktionen der Symbionten in verschiedenen Lebensstadien der Käfer gehen mit einem Wechsel in der Lokalisation einher: Die in den Larven vermutlich zur Aminosäure- und Vitaminversorgung wichtigen Bakterien leben in diesem Stadium intrazellulär, während sie in den adulten Käfern sowohl intra- als auch extrazellulär vorkommen [3]. Das extrazelluläre Vorkommen erleichtert vermutlich den Transport der Pektinasen in den Darm, da bei intrazellulärer Symbiontenlokalisierung spezialisierte Transportsysteme zur Passage der Enzyme durch die Wirtszellmembran nötig wären. Interessanterweise korreliert auch bei den Schilfkäfern das Vorkommen der Pektinasen im Symbiontengenom mit der Wirtspflanzennutzung der Käfer: Alle Wirtspflanzenwechsel zu pektinarmen Süßgrasgewächsen (Poales) gingen mit dem Verlust der Pektinasen einher, was eine spätere Rückkehr zu pektinreichen Wirtspflanzen offenbar verhinderte (Abbildung 1) [3]. Insofern können Symbiosen mit Mikroorganismen nicht nur die metabolischen Fähigkeiten und das ökologische Potenzial ihrer Wirte aufbessern, sondern bei Verlust bestimmter Gene auch die ökologische Nische ihrer Wirte einschränken.

Detoxifizierung pflanzlicher Sekundärmetabolite

Viele Pflanzen verteidigen sich gegen herbivore Insekten mit Hilfe eines Arsenal an toxischen Sekundärmetaboliten, an die sich Spezialisten ihrerseits durch Resistenz- oder Detoxifizierungsstrategien angepasst haben. Seit der wegweisenden Arbeit von Ehrlich und Raven [12] zur Wirts-

ABB. 3 | VERDAUUNGSSYMBIOSE DES SCHILDKÄFERS *CASSIDA RUBIGINOSA*

a) Adulter Distelschildkäfer. b) Extrazellulär in einem spezialisierten Organ am Vorder-/Mitteldarm des Käfers lebende symbiotische Bakterien (grün). c) Das Genom von *Stammera capleta*, dem Symbionten von *C. rubiginosa*.

Abb. b: Benjamin Weiss, Abb. c aus [10].

pflanzennutzung bei Schmetterlingen wird dieses koevolutionäre Wettrüsten als eine der treibenden Kräfte bei der Entstehung des immensen Artenreichtums von Insekten und Pflanzen angesehen. Die Anpassungen auf der Seite der Insekten können dabei durch wirtseigene Mechanismen des Abbaus, der Toleranz oder Sequestrierung der Toxine vermittelt werden oder auf mikrobiellen Symbionten beruhen. Obwohl letzteres bei Insekten als weit verbreitet angenommen wird, gibt es bislang recht wenige gut belegte Beispiele, die die molekulare Grundlage der Symbionten-vermittelten Entgiftung mit den Fitnesskonsequenzen für den Wirt verknüpfen.

Käfer, die sich ausschließlich von Koniferen ernähren, sind einem breiten Spektrum toxischer ▶ Mono- und Diterpene ausgesetzt, deren Abbaumechanismen in bestimmten Gruppen von Proteobakterien charakterisiert wurden. Metagenomische Analysen verschiedener Borkenkäfer deuten darauf hin, dass deren mikrobielle Darmgemeinschaft tatsächlich Terpen-abbauende Bakterien enthält, die diese pflanzlichen Sekundärmetabolite als Nährstoffquelle nutzen können [13]. Interessanterweise weist die Darmgemeinschaft des nur entfernt verwandten Fichtenrüsselkäfers *Hylobius abietis* eine überraschende Ähnlichkeit zu der der Borkenkäfer auf, und Untersuchungen Antibiotika-behandelter Käfer unterstützen die Hypothese,

dass die bakteriellen Symbionten ebenfalls zur Detoxifizierung der Terpene im Käfer beitragen [14].

Besonders eindrücklich wurde die Symbionten-vermittelte Detoxifizierung des pflanzlichen Sekundärmetaboliten Koffein im Kaffeekirschenkäfer (*Hypothenemus hampei*) nachgewiesen. Wegen der Toxizität von Koffein ist dieser Käfer das einzige Insekt, das seinen kompletten Lebenszyklus in Kaffeebohnen als ausschließlicher Nahrungsquelle vollenden kann. Der Kaffeekirschenkäfer stellt daher einen wirtschaftlich bedeutsamen Schädling der Kaffeepflanze dar. Bei der Untersuchung seiner mikrobiellen Darmgemeinschaft stellte sich die Bakteriengattung *Pseudomonas* als besonders weit verbreitet und häufig heraus [15]. Antibiotika-behandelte Käfer waren nicht mehr zum Abbau von Koffein in der Lage, aber die Zufütterung eines aus dem Darm isolierten *Pseudomonas fulva*-Stammes stellte diese Fähigkeit wieder her. Die durch die Antibiotikabehandlung reduzierte Fitness der Käfer blieb allerdings auch nach der Zugabe von *P. fulva* unverändert niedrig, so dass offenbar weitere Bakterien für die Reproduktion von *H. hampei* notwendig sind oder die Antibiotikabehandlung einen direkten Einfluss auf den Käfer hat [15]. Die Studien an Borkenkäfern, Fichtenrüsslern und Kaffeekirschenkäfern belegen eindrücklich die Bedeutung mikrobieller Darmsymbion-

GLOSSAR

Bakteriozyten: Spezialisierte Zellen zur Beherbergung intrazellulärer Bakterien.

Elytren: Verhärtete Vorderflügel der Käfer.

Hemiptera: Insektenordnung der Schnabelkerfe (Blattläuse, Woll- und Schildläuse, Zikaden etc.).

Herbivor: Pflanzenfresser.

Holometabol: Insekten, die eine vollständige Metamorphose (Larve, Puppe, Adulttier) durchlaufen.

Malpighische Gefäße: Exkretionsorgane der Insekten.

Melanisierung: Prozess der Ausfärbung der Kutikula durch Anreicherung des dunklen Pigments Melanin.

Metamorphose: Umwandlung von der Larve zum adulten Tier.

Mono- und Diterpene: Aus zwei bzw. vier Isopreneinheiten bestehende Sekundärmetabolite von Pflanzen.

Parasitoid: Parasit, der seinen Wirt während der Entwicklung tötet.

Sekundärmetabolit: Chemische Stoffe, die für das Wachstum und Überleben des Produzenten nicht notwendig sind, aber z. B. der Verteidigung dienen.

Sklerotisierung: Prozess der Aushärtung der Kutikula.

ten für die Nutzung chemisch verteidigter Pflanzen durch herbivore Käfer und deuten auf die wichtige Rolle detoxifizierender Symbionten für den Schädlingsstatus dieser forst- und agrarwirtschaftlich bedeutsamen Schädlinge hin.

Ausblick

Durch die Versorgung mit limitierten Nährstoffen sowie Verdauungs- oder Entgiftungsenzymen tragen mikrobielle Symbionten zur Fähigkeit vieler Käfer bei, sich von einer rein pflanzlichen Diät zu ernähren. In manchen Fällen bestimmen sie sogar das Wirtspflanzenspektrum ihrer Wirte. Die bisher auf Symbionten untersuchten Käferarten stellen allerdings nur einen Bruchteil der bekannten Diversität dar, so dass davon auszugehen ist, dass noch viele weitere Symbiosen auf ihre Entdeckung warten. Die Untersuchung der symbiotischen Interaktionen zwischen Käfern und Mikroorganismen liefert spannende Einblicke in den evolutionären Prozess der Entstehung neuer Anpassungen und trägt zu unserem Verständnis der Gründe für den außerordentlichen Erfolg der artenreichsten Tiergruppe auf der Erde bei.

Zusammenfassung

Die Spezialisierung auf pflanzliche Nahrung ist einer der Faktoren, die zum außergewöhnlichen Artenreichtum einiger Käferfamilien beigetragen haben. Um die Herausforderungen einer rein herbivoren Lebensweise zu meistern, sind viele Käferarten mit mikrobiellen Symbionten assoziiert, die sie entweder im Darm oder in speziellen Organen beherbergen. Die Mikroorganismen unterstützen die Ernäh-

rung des Wirtes durch die Bereitstellung limitierter Nährstoffe, vor allem essenzieller Aminosäuren und Vitamine, durch die Produktion von Enzymen, die beim Aufschluss der pflanzlichen Zellwände helfen, oder durch die Entgiftung pflanzlicher Sekundärmetabolite. Dadurch können die Symbionten ihren Wirten die Nutzung neuer Wirtspflanzen ermöglichen und ihre Widerstandsfähigkeit gegenüber abiotischen Stressfaktoren verbessern. Angesichts des aktuellen Rückganges vieler Insektenarten und ihrer zentralen Bedeutung für die meisten terrestrischen Ökosysteme ist ein genaueres Verständnis ihrer Interaktion mit Mikroorganismen nicht nur von wissenschaftlichem Interesse, sondern auch von großer Bedeutung für den Arten- und Naturschutz.

Summary

Symbiont-assisted herbivory in beetles

A specialized herbivorous lifestyle is one of the key factors contributing to the enormous diversity of several beetle families. To cope with the challenges associated with a strictly plant-based diet, many beetle species engage in symbioses with microorganisms that they harbor in the gut or in specialized organs. These microbial symbionts support their hosts' nutrition by supplementing limiting nutrients, specifically essential amino acids or vitamins, by providing enzymes for the digestion of plant cell wall components, or by detoxifying plant secondary metabolites. As such, the symbionts can enable their insect hosts to utilize novel food plants and improve their resistance towards abiotic stressors. Considering the current decline in insect populations and their central importance for most terrestrial ecosystems, a detailed understanding of their interactions with microorganisms is not only of fundamental interest but also of utmost relevance for nature conservation.

Schlagworte:

Käfer, Bakterien, Symbiose, Mutualismus.

Literatur

- [1] D. Grimaldi, M. S. Engel, Evolution of the insects (Cambridge University Press, New York), 2005, 1–755.
- [2] A. E. Douglas, The microbial dimension in insect nutritional ecology. *Funct. Ecol.*, 2009, 23, 38–47.
- [3] F. Reis et al., Bacterial symbionts support larval sap feeding and adult folivory in (semi-)aquatic reed beetles. *Nat. Commun.*, 2020, 11, 2964.
- [4] M. Y. Noh et al., Cuticle formation and pigmentation in beetles. *Curr. Opin. Insect Sci.*, 2016, 17, 1–9.
- [5] H. Anbutso et al., Small genome symbiont underlies cuticle hardness in beetles. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, 2017, 114, E8382–E8391.
- [6] T. Engl T et al., Ancient symbiosis confers desiccation resistance to stored grain pest beetles. *Mol. Ecol.*, 2018, 27, 2095–2108.
- [7] A. Vigneron et al., Insects recycle endosymbionts when the benefit is over. *Curr. Biol.*, 2014, 24, 2267–2273.
- [8] R. Kirsch et al., Horizontal gene transfer and functional diversification of plant cell wall degrading polygalacturonases: Key events in the evolution of herbivory in beetles. *Insect Biochem. Mol. Biol.*, 2014, 52, 33–50.

- [9] J. A. Ceja-Navarro et al., Gut anatomical properties and microbial functional assembly promote lignocellulose deconstruction and colony subsistence of a wood-feeding beetle. *Nature Microbiol.*, 2019, 4, 864–875.
- [10] H. Salem et al., Drastic genome reduction in an herbivore's pectinolytic symbiont. *Cell*, 2017, 171, 1520–1531.
- [11] H. Salem et al., Symbiont digestive range reflects host plant breadth in herbivorous beetles. *Curr. Biol.*, 2020, 30, 2875–2886.
- [12] P. R. Ehrlich, P. H. Raven, Butterflies and plants – a study in coevolution. *Evolution*, 1964, 18, 586–608.
- [13] A. S. Adams et al., Mountain pine beetles colonizing historical and naive host trees are associated with a bacterial community highly enriched in genes contributing to terpene metabolism. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2013, 79, 3468–3475.
- [14] A. Berasategui et al., Gut microbiota of the pine weevil degrades conifer diterpenes and increases insect fitness. *Mol. Ecol.*, 2017, 26, 4099–4110.
- [15] J. A. Ceja-Navarro et al., Gut microbiota mediate caffeine detoxification in the primary insect pest of coffee. *Nat. Commun.*, 2015, 6, 7618.

Der Autor



Martin Kaltenpoth hat 2006 an der Universität Würzburg promoviert. Nach Postdoc-Aufenthalten in Regensburg und Salt Lake City gründete er 2009 die Max-Planck-Forschungsgruppe Insektensymbiosen am MPI für Chemische Ökologie in Jena. Seit 2015 ist er Professor für Evolutionäre Ökologie an der Universität Mainz und seit 2020 Direktor am MPI für Chemische Ökologie. Seine Forschungsarbeit konzentriert sich auf die Evolution, Ökologie und molekulare Basis von Symbiosen zwischen Insekten und Mikroorganismen und wird momentan unter anderem durch die Max-Planck-Gesellschaft und einen ERC Consolidator Grant gefördert (ERC CoG 819585 "SYMBEetle").

Korrespondenz:

Prof. Dr. Martin Kaltenpoth
Max Planck Institut für Chemische Ökologie
Abteilung Insektensymbiose
Hans-Knöll-Str. 8
07745 Jena
E-Mail: kaltenpoth@ice.mpg.de

FORTBILDUNGSPFLICHT NACH §28 GENTECHNIKSICHERHEITSVERORDNUNG

Die Novelle der Gentechniksicherheitsverordnung (GenTSV) tritt am 1. März 2021 in Kraft. Jeder Projektleiter und BBS muss nun im Abstand von 5 Jahren seine Sachkenntnis durch die erneute Teilnahme an einem Auffrischkurs aktualisieren. Haben Sie sich schon einen Fortbildungsplatz gesichert? In Corona-Zeiten gar nicht so einfach, da online-Auffrischkurse gem. §28 GenTSV aktuell nur von drei Anbietern (AdvoGenConsult, KölnPub und DECHEMA) angeboten werden, während die meisten anderen Anbieter im Lockdown sind. Die Bund/Länder-Arbeitsgemeinschaft Gentechnik hat beschlossen, dass die Regelung in § 28 Abs. 3 GenTSV nicht rückwirkend gelten soll (https://www.lag-gentechnik.de/documents/lagbeschlussammlung_stand_58_sitzung_14_1573819702.11). Die meisten Bundesländer lassen daher noch Gnade vor Recht ergehen. In NRW und Rheinland-Pfalz müssen sie dagegen bereits ab dem 1.3.2021 nachweisen, dass Sie als „alter Hase“ im Gentech-Labor Ihrer Fortbildungspflicht nach § 28 GenTSV (neu) nachgekommen sind, oder wenigstens versucht haben einen Fortbildungsplatz zu ergattern.

Weitergehende Informationen finden Sie unter www.lag-gentechnik.de/Fortbildung.html



NAGOYA-PROTOKOLL



German Nagoya Protocol HuB

Unter der Beteiligung des VBiO ist die Website des German Nagoya Protocol HuB (GNP HuB) am Jahresende online gegangen. Das Projekt versteht sich als Beratungsstelle und Ansprechpartner für akademische Forschende in Deutschland zum Thema gesetzeskonforme Nutzung von biologischen Ressourcen. Zugleich agiert es als Netzwerk für den Austausch mit Forschenden über die Umsetzung des sogenannten Nagoya-Protokolls. Letztere stellt Forschende weltweit vor große Herausforderungen, die die Durchführung einzelner Forschungsprojekte mit biologischem Material aus dem Ausland erschweren können. So müssen die Forschenden beispielsweise

spezifische Genehmigungen für den Zugang und die Nutzung von biologischen Materialien einholen, die sie in ihren Forschungsarbeiten einsetzen wollen. Die Website des Projektes www.nagoyaprotocol-hub.de wird kontinuierlich weiterentwickelt und bietet einen Überblick über bewährte Vorgehensweisen im Umgang mit dem Nagoya-Protokoll, mögliche Stolpersteine, Lösungsoptionen und best practice-Beispiele sowie Tipps und Tricks aus der Praxis. Die Angebote wenden sich sowohl an Neueinsteiger, als auch an erfahrene Forschende.

Mikroben sind faszinierend, wecken aber bei vielen Menschen Berührungängste – vielleicht auch, weil wir noch immer zu wenig über sie wissen. Einen Versuch, dies zu ändern unternimmt unserer Kurator Harald Engelhardt mit der neuen Serie „Mikroben verstehen“.

MIKROBEN VERSTEHEN

Wie viele Mikrobenarten gibt es? (Teil 2)

Die Schätzungen der Artenzahl von Mikroben gehen von bisherigen, meist genetischen Artennachweisen aus und versuchen, die Häufigkeiten in lokalen Proben auf das globale Vorkommen zu erweitern. Dafür fand man verschiedene Ansätze. Die Hochrechnung aus kumulativ ausgewerteten Proben erwartet einige Millionen Mikrobenarten (siehe Teil 1 [1]). Hier werden Überlegungen und Modelle vorgestellt, deren Prognosen weitaus höher liegen.

Eukaryoten werden schon lange systematisch erfasst. Mora und Koautoren [2] haben die Anzahl der Taxa (Phyla, Klassen, Ordnungen, Familien, Gattungen) seit Beginn ihrer Zählung (ca. 1750) kumulativ gegen die Zeit aufgetragen und finden, dass die Kurven der höheren Taxa deutlich Grenzwerten zustreben. Bei Gattungen deutet sich ein Abflachen an, aber für Spezies lässt sich ein Maximalwert so nicht ermitteln. Werden die Grenzwerte doppelt logarithmiert und als Funktion der Ordnungsnummer des taxonomischen Niveaus aufgetragen, so ergibt sich ein linearer Zusammenhang, aus dem die Autoren die Anzahl der Spezies ableiten [2]. Kontrollen mit eukaryotischen Untergruppen, deren Arten fast vollständig erfasst sein dürften, stimmen gut mit den ermittelten Vorhersagen überein. Das empirische Verfahren schätzt die Zahl aller eukaryotischen Arten demnach auf 7,5–10 Millionen, bei etwa 1,5 Millionen bisher beschriebener Spezies.

Für Prokaryoten waren zur Zeit der Studie die Häufigkeiten nicht auswertbar. Trotzdem lässt sich aus dem eukaryotischen Artenreichtum eine einfache Überlegung auch für Mikroben anstellen (die uns schon zu Studienzeiten bewegte). Jedes Lebewesen besitzt sein eigenes Mikrobiom, welches sich aus mehreren hundert Arten zusammensetzen kann. So finden sich beispielsweise beim Menschen [3] über, bei Schaben [4] und beim Lebermoos [5] jeweils um tausend verschiedene Mikroben. Wenn jede Eukaryotenart

nur einen Mikroorganismus beherbergt, der ausschließlich bei ihr beheimatet ist, dann kommen bereits $\approx 10^7$ verschiedene Arten in Mikrobiomen vor, ungeachtet nicht fest assoziierter und gänzlich freilebender Bakterien und Archaeen.

Mehr Symbionten als freilebende Mikroben?

Larsen und Koautoren [6] gehen in ihrer Berechnung ebenso von dem Gedanken symbiontischer Vielfalt aus und schätzen zunächst die Zahl aller Arthropoden ohne Milben auf das Sechsfache der konservativ prognostizierten Arten von etwa 6,8 Millionen. Denn die morphologisch kryptischen, d. h. überwiegend nur genetisch differenzierbaren Arten werden mit klassischen Methoden nicht erfasst. Die Autoren vermuten demnach $\approx 40 \cdot 10^6$ Spezi-

es. Weiterhin rechnen sie mit einer spezifisch parasitischen Milbe für jede der Arten, wobei alle Arthropoden noch von je einer individuellen Nematodenart besiedelt werden, also insgesamt mit $\approx 160 \cdot 10^6$ verschiedenen Spezies (Abbildung 1). Aus Mikrobiomstudien nahe verwandter Insekten leiten die Autoren einen mittleren Wert von 10,7 eigenen Bakterienarten pro Arthropoden-(Milben- und Nematoden-)Art ab und ermitteln so einen symbiontischen Reichtum von etwa $1,7 \cdot 10^9$ Mikrobenpezies (ohne Archaeen, deren Anteil sie als gering erachten). Aus der Kombination von jeweils Minimal- bzw. Maximalannahmen ergibt sich eine Spannweite von 0,15 bis $5,3 \cdot 10^9$ Arten. Freilebende Mikroben und spezifische Mikroorganismen aller anderen Tiere, Pflanzen, Pilze und Protisten müssten noch hinzugerechnet werden; sie sollten nach dieser Studie aber eher einen kleineren Anteil ausmachen. Die Autoren begründen ihre Annahmen im Einzelnen [6], doch bleiben die hier jeweils vorausgesetzten originären Lebensgemeinschaften zunächst hypothetisch.

Von Individuen zu Arten

Die Autoren Locey und Lennon [7, 8] gehen bei ihrer Abschätzung von einem allgemeinen Skalierungs-

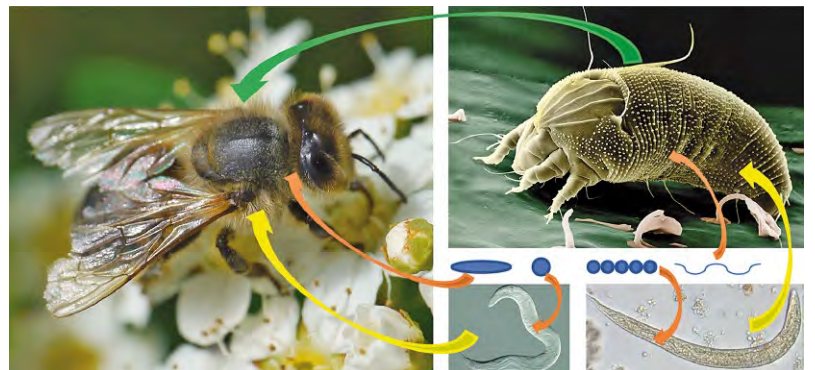


ABB. 1 Illustration spezifischer Lebensgemeinschaften von Arthropoden mit Milben, Nematoden und Bakterien (blaue Zellsymbole) nach Larsen et al. [6], die pro Arthropodenart zu multiplen originären Symbiosen mit Mikroben führen und deren wesentlichen Artenreichtum in der Biosphäre ausmachen sollen. Fotos: Fliege (H. Engelhardt), Milbe (E. Erbe, <https://de.wikipedia.org/wiki/Milben>), Nematoden (B. Goldstein gemäß CC-BY-SA 3.0 und R.Y.W. Kouassi et al. gemäß CC-BY 4.0, <https://en.wikipedia.org/wiki/Nematode>). Abbildungen nicht maßstabsgerecht.

gesetz aus, das einen Zusammenhang zwischen Gesamtindividuenzahl N und Speziesreichtum S (*richness*) herstellt:

$S = k \cdot N^z$ (mit $k > 0$ und $0 < z < 1$), wobei nach theoretischer und empirischer Einsicht der Exponent Werte von etwa $0,25 \leq z \leq 0,5$ annehmen sollte. Ähnliche Skalierungsgesetze gelten offenbar auch für weitere Häufigkeitsmerkmale. Die Autoren haben den Zusammenhang von N mit der Verteilung der Individuenzahl auf seltene (*rarity*), ähnlich häufige (*evenness*) und der absolut häufigsten (*dominance*) Spezies in Habitaten untersucht und dazu Daten für Mikroorganismen (Bakterien, Archaeen, mikroskopische Pilze) aus ≈ 20.000 Probenstellen und für Eukaryoten (Bäume, Vögel, andere Tiere) aus ≈ 15.000 Orten analysiert [7]. Wesentliche Ergebnisse besagen, dass (a) selten beobachtete Spezies mit geringen Individuenzahlen auftreten, (b) die häufigste Art nahe an die Gesamtzahl N aller Individuen in einer Probe heranreicht, und dass Arten mit ähnlichen Individuenhäufigkeiten umso häufiger vorkommen, je geringer die Gesamtzahl N in Proben ist. Dabei zeigt sich eine stärkere Ausprägung des Zusammenhangs für *rarity* und *evenness* bei Mikro- verglichen zu Makroorganismen. Die Autoren folgern daraus, dass gerade kleinere Habitate und deshalb mit geringerer Wahrscheinlichkeit beprobte Vorkommen in der Summe einen großen Beitrag zur mikrobiellen Diversität ausmachen [1, 7, 8]. Neben den Mikroorganismen sind die Mikrobengesellschaften ökologischer (Mikro-)Habitate offenbar eine weitere Quelle für Mikrobenvielfalt.

Wendet man das empirische Skalierungsgesetz zur Ermittlung des globalen Speziesreichtums an, so kommt man auf $\geq 10^{11}$ Mikroorganismenarten [7]. Dabei liegen zwischen in Proben gezählten und weltweit vermuteten Individuen ($N \approx 10^{30}$) aber über 20 Größenordnungen, was die Kalkulation gewagt erscheinen lässt. Die Autoren nutzen des-

TAB 1. ANZAHL BEKANNTER MIKROBENARTEN UND SCHÄTZUNGEN IHRER GESAMTZAHL

Quelle	Anzahl der Arten/OTUs ^{*)}	Referenz
klassifiziert:		
gültig beschriebene und benannte Arten	17 100 ^{#)}	[11]
beschriebene und benannte Arten	20 600 ^{#)}	[11]
geschätzt:		
Information des Umweltbundesamts (keine eigene Analyse)	$< 10^6$	[12]
aus 16S-rRNA-Teilsequenzen (V4-Region)	min $1 - 2 \cdot 10^6$ max $3 - 9 \cdot 10^6$	[13]
Census aus 16S-rRNA-Sequenzen	$\leq 10^7$	[10, 14]
Symbiotische Bakterien von Arthropoden inkl. ihrer spezifischen Milben und Nematoden	min $1,5 \cdot 10^8$ max $5,3 \cdot 10^9$	[6]
empirisches Skalierungsgesetz von beobachteter Individuenzahl zu Artenzahl	min $4 \cdot 10^{11}$ max $3 \cdot 10^{12}$	[7, 8]

^{*)} operational taxonomic units ^{#)} Anzahl gerundet

halb eine weitere Gesetzmäßigkeit, welche die Artenzahl aus einem Verteilungszusammenhang der absoluten Individuenzahl N und der Individuenzahl n_{\max} der häufigsten Art ermittelt [9]. Die Schätzung sagt danach einen globalen Mikrobenreichtum zwischen 10^{11} und 10^{12} Arten voraus, je nach Wertebereich der eingesetzten Parameter und in ungefährender Übereinstimmung mit der Vorhersage des Skalierungsgesetzes. Es ist aus der Studie nicht ersichtlich, welchen Anteil Prokaryoten und miterfasste eukaryotische Mikroorganismen (Pilze) jeweils einnehmen. Sollten Prokaryoten auch nur ein Drittel der Gesamtmenge ausmachen, so würde es die Größenordnung nicht schmälern (Tabelle 1).

Und wie viele mikrobielle Arten gibt es nun?

Die Frage nach der Artenzahl wird die Mikrobiologie noch weiter beschäftigen, denn die Größenordnung bleibt gegenwärtig umstritten [8, 10]. Die betrachteten Studien lassen aber eine Tendenz erkennen:

(1) Schätzungen, die auf der Extrapolation kumulativer Artenfunde beruhen, erfassen regional begrenzte Habitate in selten untersuchten Lebensräumen nur ungenügend [8]. Die prognostizierte

Grenze von $\leq 10^7$ Arten ist deshalb wohl zu niedrig [1].

(2) Die Überlegungen zum Artenreichtum symbiotischer Mikroben hängen von der Annahme ab, dass jede Eukaryotenart n individuelle Symbionten besitzt ($n \geq 1$), was möglich, aber noch nicht gesichert ist. Die geschätzte Artenzahl der Eukaryoten, insbesondere der Arthropoden als artenreichster Gruppe, variiert ebenfalls und liegt bei 10^7 bis 10^8 [2, 6]. Trifft die Annahme jeweils spezifischer Symbiosen weitgehend zu, so folgen daraus etwa 10^8 (10^7 - 10^9) Mikrobenarten.

(3) Modelle, die mit beobachteten Individuenzahlen Skalierungen auf das globale Artenvorkommen vornehmen, überbrücken bei ihrer Vorhersage viele Größenordnungen, die mit bisher wenigen verfügbaren Daten gestützt wird [7, 8]. Die Prognose von mehr als 10^{11} existierenden Arten berührt allerdings eine kaum vorstellbare Dimension.

Bei allen Unwägbarkeiten gegenwärtiger Voraussagen ist eines sicher: Der Mikrobiologie wird es auch zukünftig nicht an neuen Untersuchungsobjekten und darunter faszinierenden Organismen mangeln, so sie sich im Labor vermehren oder mit Einzelzellmethoden studieren lassen. Mikrobiologinnen und Bakte-

rienforscher werden den mikrobiellen Reichtum kaum ausschöpfen können (auch, wenn dafür nicht jede existierende Art untersucht werden muss), seien es nun höchstens 100 Millionen oder gar 100 Milliarden Arten, die auf unserer Erde fast jede erdenkliche Nische erobert und mitgestaltet haben.

Literatur

- [1] H. Engelhardt, Wieviele Mikrobenarten gibt es? (Teil 1). *Biologie in unserer Zeit*, 2020, 50, 450–451.
- [2] C. Mora et al., How many species are there on earth and in the ocean? *PLOS Biology*, 2011, 9, <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001127>
- [3] Pasolli et al., Extensive unexplored human microbiome diversity revealed over 150,000 genomes from metagenomes spanning age, geography, and lifestyle. *Cell*, 2019, 176, 649–662.
- [4] L.D. Alcaraz et al., Marchantia liverworts as a proxy to plants' basal microbiomes. *Scientific Reports*, 2018, 8, <https://www.nature.com/articles/s41598-018-31168-0>
- [5] S. Lee et al., Comparative microbiome analysis of three species of laboratory-reared *Periplaneta* cockroaches. *Korean Journal of Parasitology*, 2020, 58, 537–542.
- [6] B. B. Larsen et al., Inordinate foundness multiplied and redistributed: The number of species on earth and the new pie of life. *The Quarterly Review of Biology*, 2017, 92, 229–265.
- [7] K. J. Locey, J. T. Lennon, Scaling laws predict global microbial diversity. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2016, 113, 5970–5975.
- [8] J. T. Lennon, K. J. Locey, More support for Earth's massive microbiome. *Biology Direct* 2020, 15, <https://doi.org/10.1186/s13062-020-00261-8>
- [9] T. P. Curtis et al., Estimating prokaryotic diversity and its limits. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2002, 99, 10494–10499.
- [10] R. Amann, R. Rosselló-Móra. After all, only millions? *mBio*, 2016, 7, <https://doi.org/10.1128/mBio.00999-16>
- [11] Liste der Namen von Prokaryoten, <https://psn.dsmz.de/text/numbers> (23.12.2020).
- [12] Information des Umweltbundesamts, <https://www.umweltbundesamt.de/bakterien#aussehen> (23.12.2020).
- [13] S. Louca et al. A census-based estimate of Earth's bacterial and archaeal diversity. *PLOS Biology*, 2019, 17, <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3000106>
- [14] P.D. Schloss et al., Status of the archaeal and bacterial census: an update. *mBio*, 2016, 7, <https://doi.org/10.1128/mBio.00201-16>

Harald Engelhardt,
Martinsried

DEKADE DES OZEANS

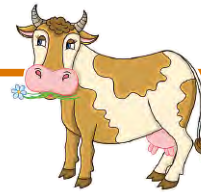


Aktuell finden weltweit die Auftaktveranstaltungen zur United Nations Decade of Ocean Science for Sustainable Development (2021–2030) statt. In Deutschland wurden am 28. Januar in Hamburg die Auftaktveranstaltung seitens der Deutschen Meeresstiftung und am 15. Februar in München die seitens des VBIO durchgeführt. An beiden Standorten fanden eine Licht- & Videoinstallation sowie ein Live-Stream ins Internet statt. In München war der VBIO Landesverband Bayern mit seinem Hauptkooperationspartner GeoBioCenter der LMU und der Technik-Gruppe „Indivisualist.com“ als Sponsor der Veranstalter. Weitere Informationen dazu unter www.vbio.de/bayern/UNOzeanDekade sowie unter www.OzeanDekade.org.

PODCAST



Im „Podcast, der Wissen schafft“ geben Wissenschaftler und Wissenschaftlerinnen Antworten rund um das Thema Genome Editing – sachlich, verständlich und ohne Längen. Jede der ersten sechs Episoden umfasst 5 bis 6 Fragen und dauert rund 12 Minuten: Alles also sehr kompakt und überschaubar. Die erste Staffel befasst sich ausschließlich mit Genomeditierung bei Pflanzen. Weitere Staffeln folgen und werden das Themenspektrum noch erweitern. Der Podcast ist eingebettet in <https://genomeediting.podcaster.de/>, eine Website, die neben den Porträts der Gäste noch weitere Informationen rund ums Thema liefert. Zu hören ist der Podcast über alle gängigen Portale wie:
iTunes – <https://podcasts.apple.com/us/podcast/genome-editing-wiewaswozu/id1544290238>,
Spotify – <https://open.spotify.com/show/4PQTlmdsVnG8rdy7xFzZkQ> und
Podcaster – <https://www.podcast.de/podcast/887688/archiv/>



MANAGEMENT-FALLSTRICKE, TEIL 7

Der Mitläufer-Effekt

Fehlentscheidungen sind menschlich. Wir aber lassen in unserer Serie „Management-Fallstricke“ einmal die Tiere zu Wort kommen. In Form von Fabeln vermittelt unsere Autorin Andrea Hauk in anschaulicher Weise typische Denkfehler, die auf allen Managementebenen zu Hause sind. Vielleicht sind Sie ja selbst auch schon einmal in die eine oder andere Falle getappt?

Kuh Florina besah sich im Spiegel. Sie wiegte sich hin und her und lächelte aufgeregt. Die Schuhe pass-ten perfekt. Wer hätte gedacht, dass einmal die Chance kommen würde, diese Schuhe bei einem Schönheitswettbewerb zur Schau zu stellen! Ein letztes Mal strich sich Florina über das glänzende Rot an ihren Beinen und verließ dann mit elegantem Schritt die Kabine. Draußen tummelte sich noch eine Reihe anderer Schönheiten, die sich eifrig in Szene setzten. Florina sah sich interessiert um, stellte aber zufrieden fest, dass wohl keiner der Konkurrenten ein solches Alleinstellungsmerkmal hatte wie sie mit ihren roten Stöckelschuhen. Diese ließen sie größer, eleganter und auch moderner wirken als alle anderen zusammen. Selbstbewusst betrat sie die Bühne und präsentierte sich. Ihr Mut zahlte sich aus. Nach mehreren Runden Schaulaufen gewann sie den Wettbewerb haushoch. Noch nie zuvor hatte sich eine Kuh getraut, in Stöckelschuhen diese Disziplin zu absolvieren. Stolz und ehrfürchtig nahm sie die silberne Krone entgegen, die sie als Siegerin auszeichnete und muhte ein Dankeschön.

Noch am gleichen Nachmittag postete sie ihr Siegerfoto im Netz und erntete dafür jede Menge Likes. Der Stein kam ins Rollen. Plötzlich wurde sie von wichtigen Geschäftsleuten zu Veranstaltungen eingeladen, die Zeitungen veröffentlichten ihr Bild, und sie bekam Fanpost. Das spornte nun auch die Kühe ihrer eigenen Herde an. Sie wollten eben-

falls solche Schuhe haben, waren diese doch offensichtlich der Schlüssel zum Erfolg. So kam es, dass nur wenige Tage nach dem Küren der Schönheitskönigin die Nachfrage an roten Stöckelschuhen exponentiell wuchs. Es kam sogar zu Lieferengpässen, so rasant verbreitete sich die Nachricht über dieses erfolversprechende Accessoire. Jede, die etwas auf sich hielt, wollte bei diesem Trend dabei sein. Und es zahlte sich aus: Die roten Schuhe fielen auf. Man wurde gesehen und bewundert. Diejenigen, die sich zunächst noch zierten, beugten sich bald der Mehrheit. Wer mochte schon klein und unscheinbar Grasbüschel kauen, wenn alle um einen herum nun größer, schöner und mit Sicherheit auch erfolgreicher waren? Gut, die Schuhe waren nicht sonderlich bequem. Aber was soll's?

Kuh Florina rührte weiter kräftig die Werbetrommel und wurde schon bald als Ikone über Feld und Wiesen hinaus berühmt. Die Massen liebten sie. Ganz beiläufig füllte sich ihr Bankkonto in nicht unerheblichem Umfang. Der Verkauf der Schuhe hatte einen neuen Höchststand erreicht. Durch ihre Vorreiterrolle mobilisierte sie mittlerweile ganz andere Tierarten. Neben Kühen trugen nun auch Rehe, Wildschweine, Hasen und Hunde die unbequemen Accessoires. Alles was laufen konnte, wollte diese erfolversprechende Fußkleidung. Selbst die fast blinden Maulwürfe versprachen sich dadurch enorme Imagesteigerungen. Mit der Zeit wurde das Tragen der roten Stöckelschuhe

fast schon zur Normalität. Gleichzeitig füllten sich die Tierarztpraxen. Das Laufen und auch die Futtersuche waren in den Schuhen definitiv eingeschränkt. Trotzdem hielt der Trend an. Die Hühner hatten so ihre Probleme, die Krallen in den schmalen Schuhen unterzubringen, doch auch sie beklagten sich nicht. Alle wollten sie dabei sein, auf der Erfolgswelle mitreiten. Dazu gehören, Recht haben. Das nicht zu wollen wäre auch wirklich dumm. Jeder wusste doch, dass man mit Stöckelschuhen erfolgreicher war als ohne! Nicht umsonst waren diese ständig ausverkauft. Kuh Florina arbeitete derweil an einem neuen Erfolgskonzept, sie wollte schließlich nicht herumlaufen wie alle anderen auch.



Und die Moral von der Geschichte: Die, die folgen der Herde blind, nicht immer selbst auch erfolgreich sind.

*Ihre Andrea Hauk,
andreabauk@gmx.de*

FAKTENBOX

Wir Menschen streben nach Harmonie. Zu Gruppen wollen wir „dazu“ gehören und lassen uns auch gerne von Anführern treiben. Wir präferieren diejenigen Optionen, denen unser Umfeld den Vorzug gibt und schließen uns gerne Meinungen an, ohne sie vollständig analysiert bzw. hinterfragt zu haben. Der sogenannte Mitläufereffekt wurde bereits 1948 im Rahmen der Wählerforschung beschrieben und wird vor allem bei fortgeschrittenen Trends und Hypes beobachtet. Durch diese kognitive Verzerrung kaufen wir bestimmtes Klopapier oder Bücher, die andere auch kaufen („Bestseller“-Aufkleber). Wir managen unsere Projekte „agil“, weil das die großen Firmen auch tun. Rein gefühlt ist die Wahrscheinlichkeit die richtige Wahl getroffen zu haben höher, wenn wir handeln wie es die breite Masse tut. Höchst spannend sind allerdings die gegensätzlichen Gründe des „Leaders“ und der „Mitläufer“ des gesetzten Trends: Der „Leader“ entscheidet sich für die Option, um gerade NICHT dazuzugehören, um gegen den Strom zu schwimmen und um etwas Besonderes zu sein, während die „Follower“ sich gerade WEGEN der Gruppenzugehörigkeit für diese Option entscheiden. Überprüfen Sie sich doch einmal selbst: Orientieren Sie etwa auch Ihre Strategien, ihre Methoden oder ihre Produkte an den großen Marktführern?

MIKROSKOPIE

Gelungener Einstieg



Dem knapp 190 Seiten starken Buch „Faszination Mikroskopie – Band 1: Grundlagen, Techniken, Anwendungen“ von Prof. Dr. Werner Nachtigall, Dr. Jörg Piper und Frank Fox gelingt es in bemerkenswerter Weise, alle wesentlichen Konzepte rund um die Grundlagen der Lichtmikroskopie auf besonders anschauliche und kurzweilige Weise darzustellen. In acht Kapiteln befasst es sich mit dem Aufbau und den optischen Grundlagen der Lichtmikroskopie, der Dokumentation (Zeichnen, Messen und Fotografieren) und gibt zudem einen sehr kurzen, schlaglichtartigen Überblick zum Thema digitale Bildverarbeitung und -rekonstruktion mikroskopischer Bildvorlagen. Die Autoren vermitteln die Grundlagen über eine besonders angenehm zu lesende, leicht verständliche Sprache und unterstützen das Verständnis für die Materie durch viele aussagekräftige Abbildungen, die es dem Leser nicht nur leicht machen das Geschilderte zu verstehen, sondern geradezu verführen, neugierig immer tiefer in die Materie einzudringen. Mit diesem Werk gelingt es den Autoren, auch komplizierte Sachverhalte präzise zu präsentieren und gleichzeitig über eindrucksvolle Abbildungen und Grafiken mühelos nachvollziehbar zu erklären. Von seiner Tiefe und dem im vorliegenden Band angesprochenen Themenumfang her eignet sich das Buch aus meiner Sicht ganz besonders für Schüler der Mittel- und Oberstufe sowie für interessierte Laien. Das Buch „Faszination Mikroskopie“ – Band 1: Grundlagen, Techniken, Anwendungen“ ist auf hochwertigem Papier gedruckt und erscheint mit ansprechendem Umschlagbild in stabiler Fadenbindung im Hardcover, was den rundum gelungenen Gesamteindruck des Werkes angenehm abrundet.

Gerhard Kauer, Emden/Leer

Faszination Mikroskopie.

Band 1: Grundlagen, Technik, Anwendungen. Werner Nachtigall, Jörg Piper, Frank Fox, Dustri-Verlag, Oberhaching, 2020, 198 S., 39,50 €, ISBN 978-3-871-85556-6.

ENTOMOLOGIE

Ovid der Moderne

Der Mensch ist empfänglich für magische Zusammenhänge. Ob Zauberer oder Flaschengeist, antike Götter oder sagenhafte Mischwesen – sie alle sind fähig, ihre Gestalt grundlegend zu verändern. Wer sich für die Geschichten hinter den biologischen Artnamen interessiert, kennt vielleicht die Metamorphosen des Griechen Ovid. Da werden Menschen in Tiere verwandelt, um sie vor der Habgier der Götter zu schützen, oder weil einzelne Menschen den Zorn der Götter heraufbeschworen haben. Im wirklichen Leben sind es die Verwandlungen der Insekten, die etwas Zauberhaftes an sich haben. Wer kann schon intuitiv begreifen, wie aus einer plumpen Raupe ein feingliedriger Schmetterling wird?

Das Buch beeindruckt besonders durch die vielen großformatigen Fotos, die jeweils Larve und Imago einander gegenüberstellen. Diese Bilder verdankt das Buch den Gründern von „Eye of Science“: Nicole Ottawa und Oliver Meckes beherrschen nicht nur die Rasterelektronenmikroskopie, sondern erhöhen diese durch gekonnte Kolorationen zur Kunstform. So werden Porträts mit faszinierender Detailtiefe erreicht, die zudem eine große Ästhetik aufweisen. Aber auch die anderen Abbildungen und Fotos werden dem hohen Anspruch gerecht. Der vorliegende Band ist aber weit mehr als ein Bilderbuch über Insekten. Dafür sorgen die Sachbuchautorin Veronika Strauß und der Journalist Claus-Peter Lieckfeld. Mit wissenschaftlicher Präzision und Begeisterung erklären die beiden Auto-

ren zunächst die Grundlagen des Insektenkörpers und der Umbauvorgänge während der Metamorphose. Auf allgemeine Einführungen in verschiedene taxonomische Gruppen (z. B. Käfer, Schmetterlinge, Libellen) folgen Monografien ausgewählter Arten, die den Lebenszyklus und die Besonderheiten dieser Vertreter vorstellen. So tarnt sich der Blattläuslöwe (*Chrysoperla carnea*) mit den Hüllen der ausgesaugten Beute vor patroulierenden Ameisen, die ihre Honigtaulieferanten doch zu schützen suchen.

Man merkt dem Buch auf jeder Seite an, wieviel Liebe zum Detail – sei es bildlich oder faktenbezogen – die Macher haben walten lassen. Im Unterschied zu einem Lehrbuch ist „Wandlungskünstler“ niemals eine Sammlung von Lexikoneinträgen, sondern ein mit Bedacht und Einfühlungsvermögen geschriebenes und gesetztes Buch. Die Texte sind bei allem Faktenreichtum leicht und unterhaltsam zu lesen und bergen in sich wiederum viele kleine Geschichten. So etwa beim Seidenspinner (*Bombyx mori*), der Teil der menschlichen Kulturgeschichte wurde, oder der frühen Adonislilibe (*Pyrrhosoma nymphula*), die einen Bezug zur griechischen Sagenwelt und damit zu Ovid aufweist. Abschließend gehen die Autoren noch ausführlich auf die Präparationsmethode und Mikroskopietechnik ein, die die wunderbaren Porträtaufnahmen ermöglicht haben. Das Buch ist für alle Freunde der Fotografie, passionierte Insektenforscher und Naturliebhaber sehr empfehlenswert. Die Magie der Insektenmetamorphose ist hier spürbar!

Pascal Eitner, Maisach

Wandlungskünstler – die geheime Erfolgsgeschichte der Insekten.

N. Ottawa, O. Meckes, V. Strauß, C.-P. Lieckfeld, Dölling und Galitz Verlag, München, 2018, 120 S., 24,90 €, 978-3-862-18087-5.

AUSSERSCHULISCHE LERNORTE

Klimahaus Bremerhaven: Von der Antarktis bis in die Tropen – eine Klimazonenexpedition im Zeitraffer

In diesem „Mitmach-Erlebnis-Center“ in einem architektonisch futuristisch gestalteten Gebäude erwarten die Besucher einmalige Eindrücke zu den wichtigsten Klimazonen der Erde. Auf der Basis aktueller Sachinformationen rund um das Weltklima erleben sie in den einzelnen Ausstellungsbereichen realitätsnah die jeweiligen klimatischen Bedingungen.

In nur wenigen Stunden oder noch besser während der gesamten Tagesöffnungszeit in die Ökologie der Schweizer Bergwelt, des westafrikanischen Regenwaldes (Abbildung 1), der Sahelzone und der Eiswüsten der Antarktis (Abbildung 2) eintauchen, entlang der Südseeinsel Samoa

(Abbildung 3) und wieder zurück an die Nordseeküste – diese Reise einmal um den Globus, entlang dem Längengrad 8° 34' Ost, kann der Besucher im Klimahaus 8° Ost in Bremerhaven nachempfinden. Dabei erlebt er die Reise in den realitätsnah nachgebildeten Ökosystemseg-

menten virtuell, mit Animationen, vor allem aber mit allen Sinnen. Insgesamt werden neun Stationen bereit, die alle in einem futuristisch über mehrere Etagen angelegten Architekturhighlight (Abbildung 4) angesiedelt sind. Als Leitgedanke der Ausstellung dienen aufschlussreiche Informationen zur Klimageschichte, als Klimaperspektive mit Blick auf anthropogen verursachte und vielleicht noch aufzufangende Problemkreise. Hinzukommen eine „Zurück in die Zukunft“-Reise in das Kohlezeitalter, ebenso ein Wetterstudio, in dem an Wochenenden Wettershows stattfinden. In einem separaten Ausstellungsbereich erfährt der Besucher etwas zu Zukunftsperspektiven weltweit.

Die gesamte Ausstellung spielt bewusst mit einer gewissen Reiz-



ABB. 1 Der Regenwald in Westafrika. Alle Bilder: C. Högermann.



ABB. 2 Eiskalte Einblicke in die Eiswüste Alaskas.



ABB. 3 Insel-„Feeling“ auf Samoa.



ABB. 4 Das Ausstellungshaus „Klimahaus Bremerhaven 8° Ost“ liegt am Alten Hafen. Seine Form ähnelt einem Boot.

EINTRITTSPREISE:

Erwachsene ab 18 Jahren 17,50 Euro, ermäßigt 13 Euro.

Gruppen ab 15 Personen mit Voranmeldung: Erwachsene 14 Euro, ermäßigt 9 Euro pro Person.

Kinder unter 5 Jahren frei.
Familienkarte 55 Euro bzw. 39 Euro (1 Erwachsener + Kinder).

Öffnungszeiten:
Je nach Jahreszeit unterschiedlich, bitte informieren Sie sich – auch vor dem Hintergrund der Corona-Pandemie – unter www.klimahaus-bremerhaven.de.

überflutung als realistische Bezugsetzung zu unserer gegenwärtigen Lebenswelt. In einem „World Future Labor“ lässt sich spielerisch die Welt retten, und Nachhaltigkeit sowie Hilfestellungen für eine ausgewogene Ernährung stehen in einer Kochschule im Vordergrund. Das behindertengerecht gestaltete Erlebnismuseum bietet nicht nur Freizeitvergnügen sowie pädagogische Angebote, sondern vermittelt auch globale, regionale und individuelle Herausforderungen, die der Klimawandel mit sich bringt. Hier ergänzt sich das Klimahaus mit dem orts-

ansässigen Alfred-Wegener-Institut für Polar- und Meeresforschung.

Das Offshore Center mit seinen Bereichen „Vision“, „Konstruktion“, „Produktion“, „Auf See“ sowie „Zahlen & Fakten“ veranschaulicht den Entstehungsprozess von Windparks auf spannend-informative Weise. Mit einem Hubschraubersimulator können die Besucher sogar virtuell auf das Meer hinaus zu den großen Offshore-Windparkanlagen fliegen.

*Christiane Högermann,
Osnabrück*

VOLKER STORCH VERLÄSST DAS HERAUSGEBERGREMIIUM VON BIUZ

Nach über 30 Jahren hat sich Prof. Dr. Dr. h. c. Volker Storch aus dem Kuratorium der Biuz verabschiedet. Das ist ein großer Schritt – für ihn persönlich, der viel Zeit ehrenamtlich in dieses Journal investierte, aber auch für die Leserinnen und Leser, deren Bild von dem, was Biologie sein kann, von ihm geprägt wurde.



Für viele Biologen im deutschsprachigen Raum begann der Weg mit Volker Storch schon im Studium: Unumgänglich war der von ihm gemeinsam mit Ulrich Welsch editierte „Kükenthal“, und auch am „Kurzen Lehrbuch der Zoologie“ (zusammen mit U. Welsch) und der „Evolutionsbiologie“ (gemeinsam mit M. Wink und U. Welsch) führte praktisch kein Weg vorbei. Storchs Lehrbücher wurden in sieben Sprachen übersetzt.

Auch nach Studienende sind viele Lebenslinien in den Lebenswissenschaften mit seinem Namen verknüpft, und es gibt weltweit ein Netzwerk von Menschen, die ihm zu großem Dank verpflichtet sind. Über 300 Arbeiten hat Volker Storch in seinen Forschungsschwerpunkten – Ultrastrukturforschung und Evolutionsbiologie – veröffentlicht und international junge Forschende gefördert. Immer hat er nicht nur die Grundlagenforschung, sondern auch die gesellschaftliche Relevanz der Biologie gesehen und ist an allen Elfenbeintürmen mit dem für ihn typischen leisen Spott vorbeigeschritten.

Weitere Stichworte zu seinem Antrieb, Wissen zu vermitteln, sind sein Engagement als Vorsitzender des Wissenschaftlichen Beirats der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung, die Organisation der erfolgreichen Heidelberger Sonntagsmatineen, seine Tätigkeit als Gutachter (u. a. in Kommissionen des Wissenschaftsrats) und als Gastprofessor in Südostasien – und natürlich sein Engagement für Biuz. Langjährigen Leserinnen und Lesern ist er als Verfasser von amüsanten Rätseln bekannt. Doch spiegeln diese nur einen Bruchteil dessen wider, was Volker Storch für Biuz getan hat: So nutzte er jahrzehntelang seine hervorragenden Kontakte, um wichtige Themen und große Autoren in die Zeitschrift zu bringen. Immer wieder gelang es ihm auf freundliche, aber nachdrückliche Weise, Spitzenforscher davon zu überzeugen, über ihre Erkenntnisse einen Biuz-Artikel zu verfassen – auf deutsch, ohne Honorar und für eine Zeitschrift ohne Impact-Faktor.

Volker Storch ist ein Freund von Fakten, und er mag kein Geschwafel. Deshalb wäre dieser Text ohne Eckpunkte seiner wissenschaftlichen Vita nicht vollständig: Geboren 1943, studierte er als Studienstiftler Biologie und Chemie in Kiel und promovierte 1968 im Fach Zoologie. Von 1973 an übernahm er die Vertretung einer Professur in Hamburg. Von 1979 bis 2009 hatte er den Lehrstuhl für Morphologie und Ökologie an der Universität Heidelberg inne. Im Jahr 2004 wurde ihm die Ehrendoktorwürde der Ernst-Moritz-Arndt-Universität Greifswald verliehen. Nach seiner Emeritierung ernannte ihn die Universität Heidelberg zum Seniorprofessor – ein Status, mit dem besonders engagierte akademische Lehrer und herausragende Forscher gewürdigt werden.

Leider gibt es im Zeitschriftenwesen keine Ehrenherausgeberschaften – Volker Storch wäre ein sicherer Kandidat dafür. So bleibt uns, der früheren Redakteurin Claudia von See und dem Editorial Board (vormals Kuratorium), nur die Möglichkeit, ihm schlicht „danke“ für die außerordentlich fruchtbare Zusammenarbeit über Jahrzehnte hinweg zu sagen.

Zum Abschluss noch zwei Tipps, falls Sie das Glück haben, ihm zu begegnen. Erstens: Nehmen Sie sich Zeit – sein Wissen über hohe und sehr kleine Tiere, große Zusammenhänge sowie unbeachtete Details und sogar über Menschenfresser in Polynesien ist unvergleichlich. Sie werden das Gespräch klüger beenden, als Sie es begonnen haben. Und zweitens: Versuchen Sie nicht, ihn zu beeindrucken. Er durchschaut es und wird Sie sofort testen, indem er Ihnen irgendetwas unter die Nase hält, was Sie so noch nicht gesehen haben. Sie werden mit großer Wahrscheinlichkeit passen müssen. Seien Sie nicht traurig, er hat damit gerechnet. Womit wir wieder bei dem ersten Ratschlag wären ...

Die Autoren:

Dr. Claudia von See war 17 Jahre lang Redakteurin von Biuz und ist gemeinsam mit Prof. Dr. Dr. h. c. Volker Storch und Prof. Dr. Peter Rothe Herausgeberin des Titels „Lebensspuren im Stein“. Heute ist sie für das Deutsche Zentrum für Luft- und Raumfahrt tätig.

Prof. Dr. Dr. h. c. Erwin Beck ist Mitglied des Editorial Boards der Biuz und war gemeinsam mit V. Storch über 30 Jahre Mitglied des Biuz-Kuratoriums.

PARTNER DES MENSCHEN

Der indische Elefant: Waldarbeiter und Machtsymbol

Elefanten sind gerade in asiatischen Kulturen ein wichtiger Partner des Menschen. Sie dienen als Waldarbeiter, helfen als Reittier bei der Jagd und haben sogar einer Gottheit ihr Aussehen geliehen. Könige und Feldherren haben sich nicht nur mit Elfenbein geschmückt, sondern verehrten die Stärke der großen Rüsseltiere, was letzteren einen zweifelhaften Ruhm bei Kriegshandlungen eingebracht hat. Auch Bioniker haben die Fähigkeiten der Dickhäuter für sich entdeckt.



ABB. 1 Der indische Elefant ist das zweitgrößte Landsäugetier. Foto: Gigi Roger Brogan.

Es ist schwer vorstellbar, wie Menschen jemals so mächtige Tiere wie Elefanten dazu bringen konnten, in ihren Dienst zu treten. Die enorme Größe und Kraft der Tiere war und ist jedenfalls so beeindruckend, dass sie zum Herrschaftssymbol wurden und sogar als elefantengesichtige Gottheit Ganesha religiöse Bedeutung bei den Hindus erlangten.

Der asiatische Elefant (*Elephas maximus*, Abbildung 1) kam ursprünglich vom nahen Orient (Syrien) bis Südostasien einschließlich der malaiischen Inselwelt vor. Die größte und bekannteste der drei Unterarten ist der indische Elefant, der sich durch eine Schulterhöhe von bis zu 340 cm und ein Gewicht von maximal 5000 kg auszeichnet.

Als reiner Vegetarier muss er viel Pflanzenkost – bis zu 150 kg täglich – zu sich nehmen. Vom afrikanischen Steppenelefant (*Loxodonta africana*) unterscheidet er sich unter anderem durch seine kleineren Ohren, die beiden breiten Stirnhöcker sowie den längeren Rüssel. Wie alle Elefanten lebt *E. maximus* in einer Herde, die aus Weibchen mit ihren Jungtieren besteht und von einem erfahrenen Weibchen angeführt wird. Die Tiere verständigen sich mit Gesten und Infrarot, also Tönen, die zu tief für das menschliche Gehör sind. Kennzeichnend für die Dickhäuter sind außerdem die zu Stoßzähnen umgeformten oberen Schneidezähne, die als Grab- und Schälwerkzeug sowie zur Abwehr von Feinden dienen. Auch wenn erwachsene Tiere keine Räuber fürchten müssen, können Jungtiere Opfer von Raubkatzen werden, falls sie von der Herde getrennt sind. Die Lebenserwartung beträgt beim indischen Elefanten maximal 70 Jahre.

Ausbildung und Waldarbeit

Asiatische Elefanten scheinen ein grundsätzlich ruhigeres und offeneres Gemüt zu besitzen als ihre afrikanischen Verwandten. So verwundert es auch nicht, dass die Zähmung überwiegend in Asien gelungen ist. Belegt sind u. a. schriftliche Quellen aus Indien um 1500 vor Christus, die von Fang, Haltung und Ausbildung der Arbeitselefanten berichten, die analog zur Organisation der indischen Gesellschaft in Kasten eingeteilt werden. Mithilfe der kräftigen

Nutztiere roden die Menschen den Wald und transportieren das Holz heraus. Auf diese Weise helfen die Dickhäuter bei der Entstehung neuer menschlicher Siedlungen. Vorbereitet und begleitet werden sie durch eine neu entstandene Berufsgruppe: die Mahouts (Abbildung 2). Ein solcher Elefantentrainer und -führer kann sein Tier dazu bringen, 20 bis 30 verschiedene Kommandos zu befolgen, wobei der Mahout weitere Anweisungen über Berührungen gibt – so wie ein Reiter auf Pferden auch mit Schenkeldruck arbeitet, um mit seinem Tier zu kommunizieren. Sobald die Elefanten mit 7 bis 10 Jahren ihre Pubertät hinter sich gebracht haben, kann die Ausbildung beginnen, die sich über drei bis vier Jahre erstreckt. Damit der Dickhäuter seinen Trainer akzeptiert, wird er nur von diesem gefüttert und gepflegt. Dadurch verstärkt sich die persönliche Bindung zwischen Mensch und Tier, und der Mahout avanciert in den



ABB. 2 Ein Mahout bleibt seinem Schützling ein Leben lang eng verbunden. Foto: www.wikipedia.de.

DICKHÄUTER AUSSER DIENST

Nach mehr als 50 Jahren harter Arbeit dürfen auch indische Elefanten in den wohlverdienten Ruhestand gehen. In der indischen Provinz Kerala sowie im nordthailändischen Lampang erweisen die Menschen ihre Dankbarkeit, indem sie die mächtigen Rüsseltiere mit 65 Jahren aus dem Dienst entlassen. Danach werden die Ruheständler weiterhin gefüttert und gepflegt.



ABB. 3 Der Karthager Hannibal hatte zwar beeindruckende tierische Helfer, konnte aber Rom trotzdem nicht erobern. Gemälde: Henri-Paul Motte.

Augen seines Schützlings zum Leittier.

Elfenbein und Kriegsdienst

Weniger partnerschaftlich ging es in der Vergangenheit zu, wenn der Mensch das Elfenbein begehrte. Schmuck, Möbelverzierungen, weiße Klaviertasten, ja selbst Essstäbchen wurden früher (und teilweise heute noch) aus dem edlen und leicht zu verarbeitenden Naturstoff gefertigt. Um an die wertvollen Stoßzähne zu kommen, wurden und werden immer noch Tausende Elefanten weltweit getötet. Der illegale Handel mit Elfenbein überschreitet in manchen Jahren 100 Tonnen – Hauptabneh-

mer sind China und Japan – und er wird durch den Tourismus beflügelt, so dass mancherorts zum Schutz der Elefanten die Stoßzähne früh entfernt werden.

Dagegen durften die Rüsseltiere bei anderen Gelegenheiten ihre Stoßzähne behalten, mussten aber dafür in den Krieg ziehen (Abbildung 3). Nicht nur im Fantasyfilm-Epos „Der Herr der Ringe“ tauchen elefantenartige Wesen auf, die von den Heerführern in die feindlichen Linien geführt werden, wo sie die Gegner zertrampeln sollen. Schon in vorchristlicher Zeit waren Kriegselefanten Bestandteil großer Heere. Alexander der Große und Hannibal

gehören dabei zu den bekanntesten Generälen mit Kriegselefanten, obwohl die Rüsseltiere nicht unbedingt den Ausgang der Schlacht positiv beeinflussten. Die eher friedlichen Tiere gerieten im Getümmel schnell in Panik, und während sie flüchteten, zertrampelten sie auch Soldaten aus den eigenen Reihen.

Vielseitiger Greifer am Kopf

Eigentlich müsste man bei Elefanten von fünf Extremitäten sprechen. Neben den vier stämmigen Beinen ist der Rüssel der auffälligste, abstehende Körperteil. Die Beine sind aufgrund der großen Körpermasse nur zum Laufen, und nicht mehr zum Greifen geeignet. Diese Aufgabe übernimmt der feingliedrige Rüssel, der mit seinen 40.000 Muskelsträngen sowohl kraftvoll als auch sensibel agieren kann. Vom kleinen Ast bis zum 250 Kilogramm schweren Holzstamm kann er alle möglichen Objekte hochheben und gezielt manipulieren. Da er keinerlei Knochen enthält, sind seiner Beweglichkeit fast keine Grenzen gesetzt. Und damit auch kleine Objekte sicher gegriffen werden können, befindet sich am Rüsselende beim asiatischen Elefanten eine Greiflippe (bei der Gattung *Loxodonta* sind es zwei). Diese Kombination aus kraftvoller Beweglichkeit und feinmotorischer Präzision hat Bioniker zum Bau eines flexiblen Roboterarms inspiriert (Abbildung 4). Ingenieure aus Esslingen haben einen besonders beweglichen Schwenkarm nach dem Vorbild des Elefantenrüssels konstruiert, der mit seinem endständigen Greifer sogar ein rohes Ei festhalten kann, ohne dass dieses zu Schaden kommt.

Der Mensch wird noch lange über die Elefanten staunen und sich seine Fähigkeiten zunutze machen. Von den in den letzten Jahrzehnten initiierten Schutzprogrammen werden hoffentlich auch die Elefanten selbst profitieren.

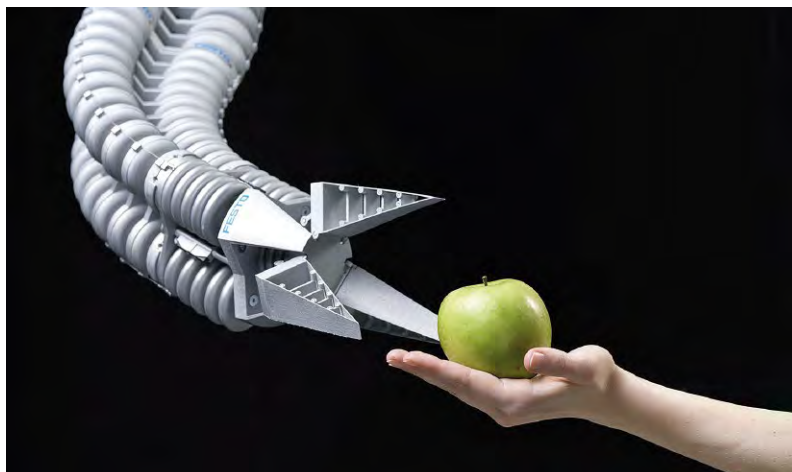


ABB. 4 Der „bionische Handling Assistent“ der Firma Festo ist teilweise dem Elefantenrüssel nachempfunden und kann Werkstücke montieren oder sogar als Erntehelfer dienen. Foto: Festo GmbH.

Pascal Eitner,
pascal-eitner@arcor.de

RÜCKBLICK

- 5/20 Cholinesterasen mit Nebenjobs
- 5/20 Leben unter Druck
- 5/20 Rückkehr der Finnwale in die Antarktis
- 5/20 Niedergang der Insekten
- 5/20 Außerschulische Lernorte im Berufsfeldpraktikum
- 6/20 Der Mann aus dem Eis
- 6/20 „Small Talk“
- 6/20 Leben und Überleben im Boden
- 6/20 Proteinfasern als Hochleistungsmaterial
- 6/20 Faszination Malakologie

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 2/2021 erscheint im Mai 2021

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

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

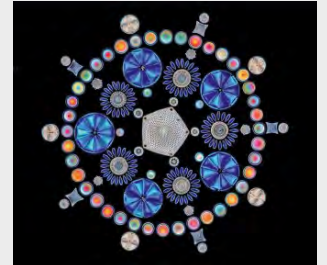
Die BiuZ gibt es exklusiv für VBIO-Mitglieder.
Einfach beitreten unter www.vbio.de/beitritt
und viermal im Jahr die Lektüre genießen!



IM NÄCHSTEN HEFT

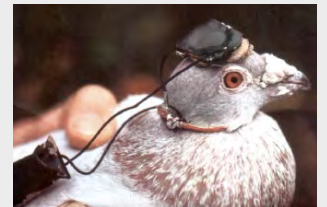
Kieselalgen – winzig, aber wichtig!

Kieselalgen zeigen eine erstaunliche Arten- und Formenvielfalt. Sie sind wichtige Primärproduzenten und erzeugen rund ein Viertel des Sauerstoffs in der Erdatmosphäre. Trotz ihrer Bedeutung für die aquatischen Nahrungsnetze und das Weltklima sind erst etwa zehn Prozent ihrer Arten beschrieben. Hier hat die Forschung noch viel zu tun.



Das Navigationssystem der Vögel

Vögel sind aufgrund ihrer Flugfähigkeit sehr mobil. Um sich in einem großen Gebiet möglichst kraftsparend und effizient zu bewegen, haben sie ein komplexes Navigationssystem entwickelt, das sich aus angeborenen und erlernten Komponenten zusammensetzt. Was wir darüber wissen, fassen unsere Autoren in einem zweiteiligen Beitrag zusammen.



Sprachstörungen in der Welt der Mikroben

Mit Hilfe von Quorum Sensing, einer Art chemischer Sprache, sind Bakterien in der Lage, ihre Artgenossen wahrzunehmen und gemeinschaftlich zu handeln. Viele Prozesse, darunter Pathogenität und Virulenz, werden so gesteuert. Die bakterielle Kommunikation zu stören, ist deshalb eine vielversprechende Strategie, um Infektionen zu bekämpfen.



Symbiosen im Korallenriff

Korallenriffe gehören zu den artenreichsten und am dichtest besiedelten Lebensräumen der Welt. Die Grundlage für ihre Ausbildung ist eine symbiotische Partnerschaft zwischen den Korallen und einzelligen Algen. Darüber hinaus hat der in den Riffen vorherrschende Konkurrenzkampf eine Vielzahl weiterer Formen des Zusammenlebens hervorgebracht.



Gibt es Rassen?

Kaum ein anderer biologischer Fachbegriff wird so oft falsch verstanden und für ideologische Weltanschauungen missbraucht wie der taxonomische Begriff der Rasse. Das geht soweit, dass es in der wissenschaftlichen Diskussion sogar unterschiedliche Auffassungen darüber gibt, ob Rassen überhaupt existieren. Die BiuZ widmet sich diesem kontroversen Thema mit drei Beiträgen, die die Frage von unterschiedlichen Seiten beleuchten.



Online Karriere-Event virtual **jobvector** career day

- 25. Februar 2021
- 29. April 2021
- 23. September 2021
- 28. Oktober 2021



Live-Vorträge ▪ Workshops ▪
Karriereberatung ▪ Top-Arbeitgeber im Video-Chat

Jetzt kostenlos anmelden!

www.jobvector.de/karrieremesse

