

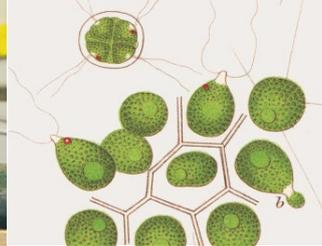
2 | 2024

**VBio**

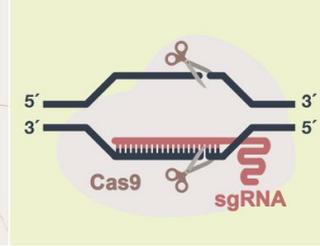
Verband | Biologie, Biowissenschaften  
& Biomedizin in Deutschland



**ÖKOLOGIE**  
Umwelt-DNA aus der  
Vergangenheit



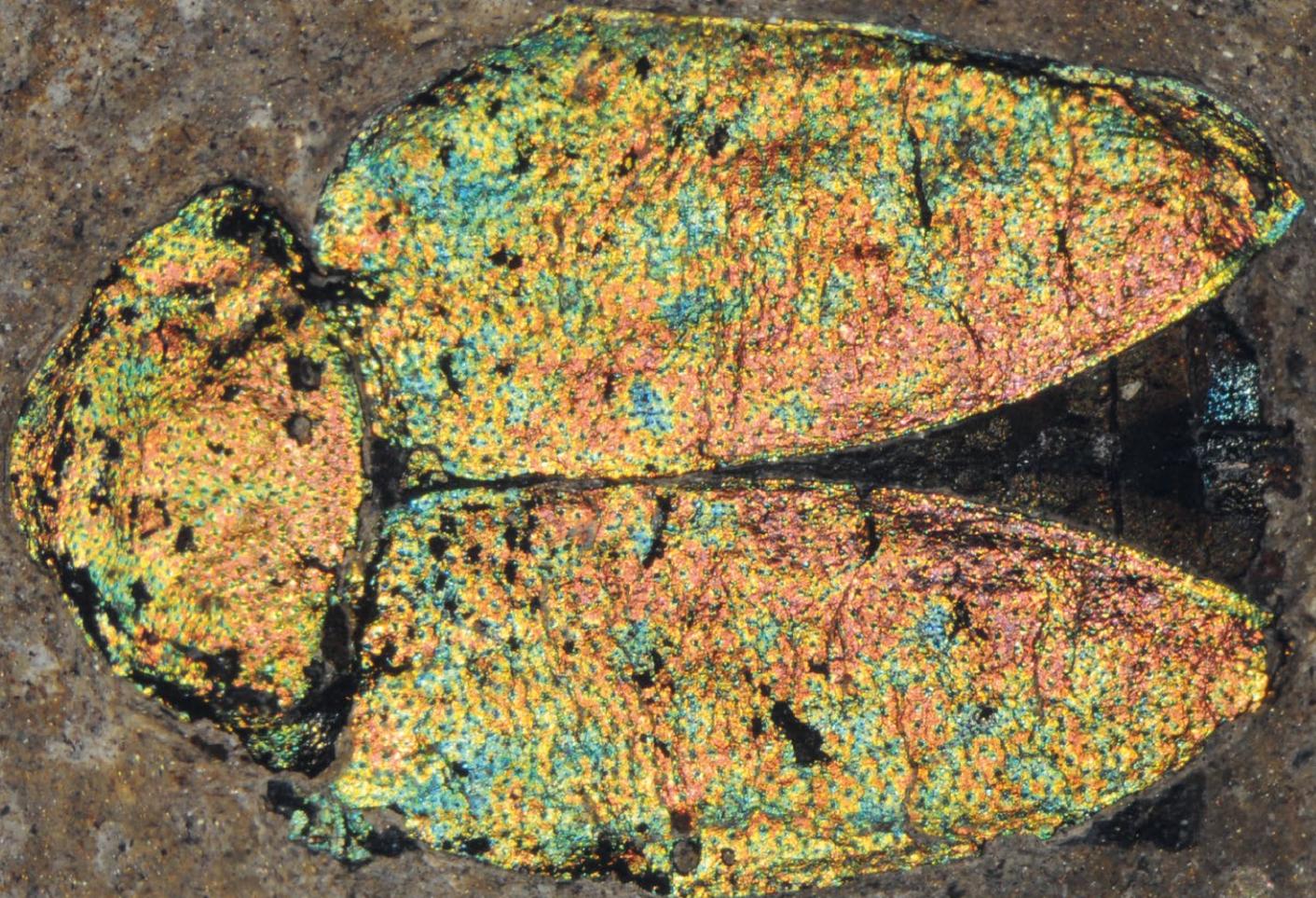
**ALGENFORSCHUNG**  
Nathanael Pringsheims  
sexuelle Revolution



**PFLANZEN-  
ZÜCHTUNG**  
Innovationen durch  
Genom-Editierung

# BIOLOGIE

IN UNSERER ZEIT



**Fossile Insekten  
aus der Grube Messel**

## Biowissenschaften bestmöglich kommunizieren

**L**iebe Leserinnen und Leser, liebe Mitglieder des VBIO, im Februar hat sich der VBIO zu bedeutsamen Themen an der Schnittstelle zwischen Wissenschaft und Gesellschaft positioniert. So hat sich der VBIO zum einen gemeinsam mit den mathematisch-naturwissenschaftlichen Gesellschaften in Deutschland zu einer weltoffenen demokratischen Gesellschaft und freien Wissenschaft bekannt [1] und zum anderen wurde kürzlich ein Positionspapier zur Wissenschaftskommunikation veröffentlicht (vgl. dazu S. 114 und [2]).

**M**it seiner Position zur Wissenschaftskommunikation beteiligt sich der VBIO an einer wichtigen und aktuellen Debatte im gesellschaftlich-politischen Raum, die im März auch im Bundestag geführt wurde. Grundlage war der Antrag der Koalition mit dem Titel „Wissenschaftskommunikation systematisch und umfassend stärken“ [3]. Aus Sicht der Koalitionsfraktionen biete Wissenschaftskommunikation „Wissen als Grundlage für demokratische Prozesse an“. Sie ermögliche evidenzbasierte Entscheidungen und wirke gegen Fake News und Desinformationen. „Gesamtgesellschaftlich fördert sie Resilienz, Zukunftsfähigkeit und Innovationsbereitschaft und stärkt das Vertrauen in Wissenschaft“, heißt es in dem Antrag weiter. Dabei präsentiere moderne Wissenschaftskommunikation nicht nur Forschungsergebnisse, sondern setze auf Diskussion, Co-Produktion und Kontextualisierung von wissenschaftlichen Erkenntnissen und Ergebnissen. Nach dem Willen der Koalitionsfraktionen soll die Bundesregierung darauf hinwirken, dass Wissenschaftskommunikation systematisch auf allen wissenschaftlichen Karrierestufen sowie als „integraler Bestandteil“ der Forschungsförderung des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) verankert werde.

**B**iowissenschaftliche Forschung erzeugt mit einer hohen Dynamik Erkenntnisfortschritt. Dazu ist Biologie eine komplexe Naturwissenschaft, deren Forschungsergebnisse viele Bürger/-innen direkt betreffen und persönlich betroffen machen. So zeigt das aktuelle Wissenschaftsbarometer 2023 auf, dass die Biowissenschaften und



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

Medizin von den befragten Bürger/-innen als weit interessanter bewertet werden als andere Wissenschaftsgebiete [4]. Dies ist eine Chance für die Wissenschaftskommunikation in den Biowissenschaften, birgt aber auch besondere Herausforderungen. Außerdem ist es für die Öffentlichkeit nicht immer einfach, Intentionen einzelner Akteur/-innen zu durchschauen und glaubwürdige Informationen und Quellen zu identifizieren.

**D**ie Bedeutung biowissenschaftlicher Wissenschaftskommunikation – zugleich aber auch die Komplexität der öffentlichen Debatte darüber – wurde während der Covid-19-Pandemie besonders deutlich. Einerseits gab es ein großes Interesse an der Medizin und den Biowissenschaften, pandemiebezogene Konzepte zu erklären und potenziell entscheidungsrelevante Forschungsergebnisse transparent darzulegen. Andererseits wurden vielfach einschränkende politische Entscheidungen fälschlicherweise direkt mit wissenschaftlichen Erkenntnissen gleichgesetzt, was zu Konflikten zwischen Politik, Wissenschaft, Medien und Öffentlichkeit führte. Es zeigte sich, dass Bürger/-innen Schwierigkeiten im Umgang mit Risiko und Unsicherheit bei wissenschaftlichen Erkenntnissen haben. Falschinformationen in den sozialen Medien haben das Vertrauen in die Wissenschaft zusätzlich gefährdet.

**D**eshalb ist es aus Sicht des VBIO in der Wissenschaftskommunikation wichtig, Ziele zu definieren, Voraussetzungen bei allen Beteiligten zu klären und diese bei dauerhaft angelegten Programmen auch stetig zu evaluieren. Auf diese Weise können Vorstellungen und Bedarfe auf Seiten der Zielgruppen und Vermittlungsformate bestmöglich aufeinander abgestimmt werden. Dabei wird es zunehmend bedeutsam, neben den oft schon etablierten Formaten in den Universitäten und außeruniversitären Forschungseinrichtungen für wissenschaftlich von sich aus bereits interessierte Zielgruppen gerade auch auf wissenschaftsferne Zielgruppen zuzugehen und deren Voraussetzungen, Bedarfe und Interessen besser zu verstehen. So zeigt die aktuelle Befragung des Wissenschaftsbarometers, dass gerade bei Personen mit mittlerem bzw. niedrigem formalen Bildungsniveau das Vertrauen in Wissen-

schaft sehr niedrig ausgeprägt ist. Hier besteht also eine große Herausforderung, diese Menschen bestmöglich in wissenschaftsbasierte gesellschaftliche Entscheidungsprozesse einzubeziehen.

Der VBIO versteht gute Wissenschaftskommunikation als einen gemeinsamen konstruktiven Prozess, der künftig noch stärker in die Professionalisierung von Biowissenschaftler/-innen, professionellen Vermittler/-innen und Biologielehrkräften verankert werden muss. Der VBIO empfiehlt auf verschiedenen Ebenen anzusetzen. Ein schneller Weg können zeitlich befristete Programme sein, die interessierte Wissenschaftler/-innen dabei begleiten, eigene Schritte in die Wissenschaftskommunikation zu gehen, und die ihnen zeitweise organisationsinterne Freiräume und die dafür erforderliche finanzielle Unterstützung sowohl für institutionelle Strukturen als auch für individuelle Projekte bieten. Darüber hinaus plädiert der VBIO dafür, strukturell auf der Ebene der Studiengänge anzusetzen. Er sieht in der engeren Kooperation zwischen Studiengängen der Biowissenschaften, Kommunikationswissenschaften sowie Lehramtsstudiengängen die Möglichkeit, neue professionelle Ausbildungsgänge für Vermittler/-innen zwischen Wissenschaft und gesellschaftlichen Zielgruppen zu schaffen sowie eine stärkere Professionalisierung von Wissenschaftler/-innen sowie Lehrkräften in Hinblick auf Wissenschaftskommunikation zu erreichen [5]. Schließlich kann auch das Wissenschaftssystem als Ganzes dazu beitragen, dass Anreizsysteme für gute biowissenschaftliche Kommunikation nachhaltig verankert werden – wie etwa das Schaffen von Stellen für Kommunikationsexpert/-innen mit soliden biologischen Kenntnissen oder die Berücksichtigung von Leistungen in der Wissenschaftskommunikation auch im Rahmen von Berufungs- und Evaluationsverfahren.

Das Positionspapier „Wissenschaftskommunikation im Bereich der Biowissenschaften“ des VBIO formuliert konkrete Forderungen zum Erreichen der Ziele an Forschungsfördernde, Hochschulen, Akademien sowie an Wissenschafts- und Bildungsministerien von Bund und Ländern. Das Papier ist ein gemeinsames Produkt einer

Projektgruppe, die sich auf Basis eines VBIO-weit offenen Aufrufs zur Mitarbeit vor zwei Jahren zusammengefunden hat. Die Projektgruppe umfasst Beteiligte aus den Fachgesellschaften im VBIO, den Landesverbänden, NGOs, dem VBIO-Präsidium, dem AK Schulbiologie sowie aus der Fachsektion Didaktik der Biologie (FDdB) und steht auch künftig Interessierten offen [6]. Diese wenden sich sehr gerne an die Autorin dieses Editorials (E-Mail-Kontakt siehe [7]). Der VBIO sieht sich in einer besonderen Verantwortung, an einer bestmöglichen Wissenschaftskommunikation mitzuwirken und sieht das Positionspapier „Wissenschaftskommunikation im Bereich der Biowissenschaften“ als Einladung an alle Akteur/-innen, in den Diskurs über biowissenschaftliche Wissenschaftskommunikation zu treten.

### Literatur

- [1] Wissenschaft verbindet – offener Diskurs und internationale Zusammenarbeit sind unabdingbar: <https://idw-online.de/de/news828059>
- [2] VBIO-Positionspapier „Biowissenschaften bestmöglich kommunizieren“: <https://www.vbio.de/aktuelles/details/biowissenschaften-bestmoeglich-kommunizieren-vbio-legt-positionspapier-wissenschaftskommunikation-vor-1>
- [3] Antrag der Fraktionen SPD, BÜNDNIS 90/DIE GRÜNEN und FDP – Wissenschaftskommunikation systematisch und umfassend stärken: <https://dserver.bundestag.de/btd/20/106/2010606.pdf>
- [4] Wissenschaftsbarometer 2023: [https://www.wissenschaft-im-dialog.de/fileadmin/user\\_upload/Projekte/Wissenschaftsbarometer/2023/WiD-Wissenschaftsbarometer2023\\_Broschuere\\_web.pdf](https://www.wissenschaft-im-dialog.de/fileadmin/user_upload/Projekte/Wissenschaftsbarometer/2023/WiD-Wissenschaftsbarometer2023_Broschuere_web.pdf)
- [5] Aus Politik und Gesellschaft: Was Lehrkräfteausbildung mit Wissenschaftskommunikation zu tun hat. *Biologie in unserer Zeit*, 51(4), 316–319. <https://doi.org/10.11576/biuz-4869>
- [6] Arbeitstreffen der Projektgruppe Wissenschaftskommunikation im VBIO: <https://www.vbio.de/aktuelles/details/biowissenschaften-und-wissenschaftskommunikation-arbeitstreffen-der-projektgruppe-wissenschaftskommunikation-des-vbio>
- [7] <https://www.vbio.de/praesidium>

Ihre





Biologie in unserer Zeit ist die Verbandszeitschrift des Verbandes Biologie, Biowissenschaften & Biomedizin in Deutschland – VBIO e.V. Mehr Informationen finden Sie im Internet unter [www.vbio.de](http://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](mailto:biuz@vbio.de)

Alleinvertretungsberechtigter Vorstand:  
Prof. Dr. Karl-Josef Dietz, Bielefeld (Präsident)  
Prof. Dr. Christian Lindermayr, Friedberg (Schatzmeister)

**Managing Editor:**

Dr. Larissa Tetsch (verantwortlich für den Inhalt),  
Steinröselweg 9, 82216 Maisach;  
Telefon +49 (0)81 41/8 88 06 27  
Email: [redaktion@biuz.de](mailto:redaktion@biuz.de)

**Editorial Board:**

Ralf Dahm, Mainz  
Harald Engelhardt, Martinsried  
Jacob Engelmann, Bielefeld  
Monika Hassel, Marburg  
Christian Körner, Basel  
Ortrun Mittelsten Scheid (Wien)  
Wolfgang Nellen, Kassel (Chief Editor)  
Hannes Petrischak, Wustermark  
Felicitas Pfeifer, Darmstadt  
Gabriele Pfitzer, Köln  
Margarete Radermacher, Odenthal  
Michael Riffel, Hirschberg  
Udo Schumacher, Hamburg  
Jennifer Selinski, Kiel  
Marco Thines, Frankfurt  
Björn von Reumont, Frankfurt

**Herstellung:**

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

**Anzeigenleitung:**

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

**Geschäftsstelle Berlin**

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

**Satz:**

TypoDesign Hecker GmbH, Leimen.

**Druck und Bindung:**

ColorDruck Solutions, Leimen.

© VBIO e.V., München, 2024.  
Printed in the Federal Republic of Germany.  
ISSN 0045-205 X

# BIOLOGIE

2 | 2024 IN UNSERER ZEIT  
[www.biuz.de](http://www.biuz.de)



Unser Titelbild zeigt einen etwa 9 mm langen, fossilen Blattkäfer (Chrysomelidae), der im Jahr 2019 vom Grabungsteam der Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung in der Grube Messel gefunden wurde. Die wunderschön erhaltenen Strukturfarben zeigen ein interessantes, fleckiges Farbmuster. In der Aufsicht sind das Halsschild und die beiden Flügeldecken (Elytren) erkennbar, darunter ein Teil des dunklen Hinterleibs. Weil der Kopf fehlt oder vom Halsschild verdeckt wird, ist eine genauere Bestimmung schwierig. Mehr über die faszinierenden Messel-Insekten finden Sie auf S. 138. Präparation und Foto: Uta Kiel.

## MELDUNGEN

106 **Forschung & Entwicklung, Schule & Universität, Standorte, Ausstellungen**

## POLITIK UND GESELLSCHAFT

- 111 „Faszination Biologie“ – Online-Vortragsreihe des VBIO mit positiver Resonanz
- 114 VBIO legt Positionspapier „Wissenschaftskommunikation“ vor
- 115 VBIO Online-Seminarreihen: Die Zukunft der Biowissenschaften
- 116 Wissenschaft verbindet – offener Diskurs und internationale Zusammenarbeit sind unabdingbar
- 117 Bauer Willis Kraut und Rüben: Wenn Pflanzen krank werden

## TREFFPUNKT FORSCHUNG

- 119 Wie eukaryontische Darmmikrobiota Nahrungskonkurrenz vermeiden und die Immunabwehr fördern
- 121 Zur Tierwelt an der Hainbuche
- 124 Die Große Erdhummel – eine kryptische Charakterart großer Heidelandschaften
- 126 Der Tod der Riesenaffen
- 128 Draußenunterricht am Beispiel Heidelberg: Eine lohnende Unterrichtsform?
- 132 Zoologisches Grundpraktikum: Aller Anfang ist schwer
- 134 Stadtleben ist anstrengend
- 135 Wie wandernde Mückenfledermäuse navigieren
- 136 Neue Ausschreibung nach großem Erfolg

## MAGAZIN

- 189 Bücher und Medien
- 192 Mikroben verstehen: Mikroben leben in einer anderen Welt – Hyperthermophile jenseits von 100 °C
- 194 Partner des Menschen: Das Hauskaninchen: Pelzlieferant und Streicheltherapeut
- 196 Außerschulische Lernorte: Kapuzinergarten in Münster – Biologie trifft Theologie
- 198 Kolumne: Fluch des Wissenden

IM FOKUS

- 138** Kleine Juwelen im Ölschiefer  
Sonja Wedmann
- 147** Umwelt-DNA aus der Vergangenheit  
Miklós Bálint, Laura S. Epp
- 154** Die sexuelle Revolution in der Algenforschung  
Andreas Deutsch
- 166** Offene Daten, offene Wissenschaft?  
Kerstin Elbing, Erwin Beck, Barbara Ebert, Konrad Förstner

- 175** Moderne Pflanzenzüchtung durch Genom-Editierung  
Robert Boehm, Götz Hensel, Robert Hoffie, Gabi Krczal, Jana Streubel
- 184** Irreguläre Terpene in Bakterien  
Birgit Piechulla, Nancy Schmidt, Marie-Chantal Lemfack, Stephan von Reuss

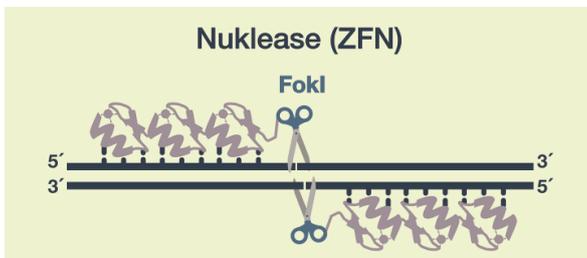
**138** Kleine Juwelen im Ölschiefer



Die Fossilagerstätte Grube Messel ist besonders für ihre herausragend gut erhaltenen Wirbeltiere berühmt. Weniger bekannt ist, dass in Messel auch sehr viele fossile Insekten gefunden werden, die einzigartige Einblicke in eine Zeit vor 47,5 Millionen Jahren erlauben.

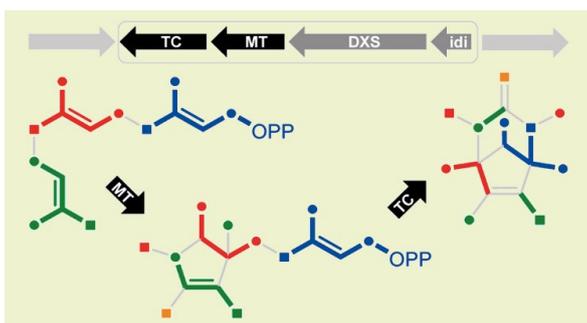
**175** Moderne Pflanzenzüchtung durch Genom-Editierung

Für eine effiziente und gleichzeitig umweltschonende Landwirtschaft ist die Züchtung neuer Pflanzensorten unerlässlich. Die Neuen Genomischen Techniken (NGT) liefern hierfür wertvolle Werkzeuge. Ein Entwurf der Europäischen Kommission für ihre Neuregulierung liegt vor.



**184** Irreguläre Terpene in Bakterien

Zwei ungewöhnliche Enzyme erhöhen in Bakterien die Vielfalt natürlich vorkommender Terpene: bifunktionelle FPP-Methyltransferasen mit Zyklisierungsaktivität sowie Terpensynthasen, die nur zyklische Prenylpyrophosphate akzeptieren.



**147** Umwelt-DNA aus der Vergangenheit



Alle Organismen hinterlassen DNA-Spuren in ihrer Umgebung, die unter den richtigen Bedingungen über sehr lange Zeit erhalten bleiben können. So lässt sich vergangene biologische Vielfalt rekonstruieren, selbst wenn Arten keine sichtbaren Überreste hinterlassen.

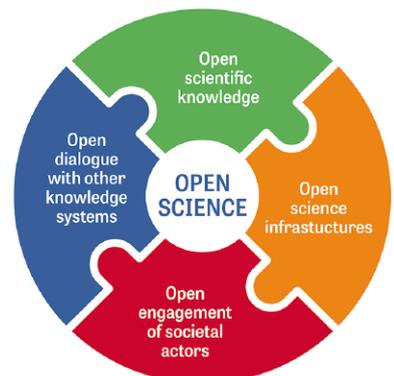
**154** Die sexuelle Revolution in der Algenforschung

Nathanael Pringsheim wurde weltberühmt, als er in einer Alge erstmals die Befruchtung in einem lebenden Organismus beobachtete. Damit zeigte er, dass Sexualität ein allgemeines Lebensprinzip ist und nicht nur das Privileg von Höheren Pflanzen und Tieren.



**166** Offene Daten, offene Wissenschaft?

Im Herbst 2021 haben 193 Staaten gemeinsam die „UNESCO-Empfehlung für offene Wissenschaft“ formuliert. Vier Autor/-innen mit sehr unterschiedlichem Hintergrund beleuchten, welchen Effekt die wachsende Bewegung hin zu offener Wissenschaft auf das Alltagsgeschäft von Biolog/-innen hat.



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



## FORSCHUNG & ENTWICKLUNG

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

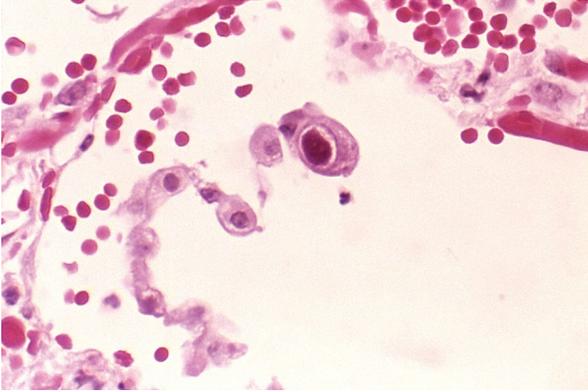
versickerung zu mehr Verschmutzung. Ungestörte, naturbelassene Ökosysteme weisen dagegen tendenziell eine höhere Biodiversität auf und sind widerstandsfähiger. Das spielt auch mit Blick auf klimabedingt zunehmende Extremwetterphänomene eine Rolle.“ Neyret ergänzt: „Wir wissen aus anderen Studien, dass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

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

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



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



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

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

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

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

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



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



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

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

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

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

## SCHULE & UNIVERSITÄT



Außerschulische Praktika sind trotz ihrer geografisch und historisch unterschiedlichen Ausgestaltungen konstanter

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

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

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

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

## STANDORTE

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



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



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

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

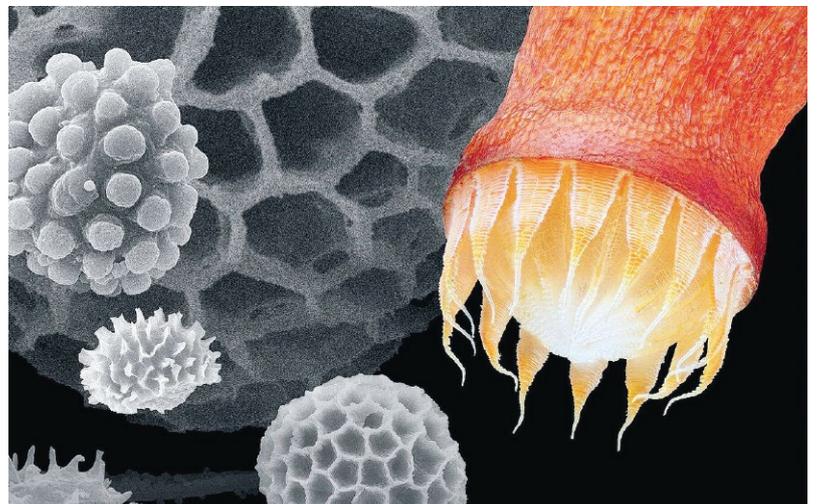
## AUSSTELLUNGEN

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

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

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

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



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

## AUS DEM VBIO

## „Faszination Biologie“ – Online-Vortragsreihe des VBIO mit positiver Resonanz

Im Oktober 2022 startete der VBIO die Online-Vortragsreihe „Faszination Biologie“ mit einem Vortrag von Prof. Felicitas Pfeifer zum Thema „Klein aber oho – Die faszinierende Welt der Mikroorganismen“. Nach insgesamt zehn Vorträgen bis Ende 2023 wurde es Zeit, direkt von den Teilnehmenden ein Feedback zu den angebotenen Inhalten, dem gewählten Format sowie zu den Stärken dieser Reihe zu erhalten. Die Umfrageergebnisse geben uns wichtige Hinweise für die weitere Planung der Reihe.

„Biowissenschaften bestmöglich kommunizieren“ ist ein Motto, das der VBIO sehr ernst nimmt. Gleich mehrere Beiträge in diesem Heft widmen sich diesem wichtigen Thema – so ebenfalls dieser Artikel, der die Auswertung der Umfrage zur Online-Vortragsreihe „Faszination Biologie“ des VBIO vorstellt. Unser Ziel ist es, Ihnen mit dieser Reihe auch weiterhin ein attraktives und wertvolles Angebot zu machen. Deshalb wurden die Teilnehmenden an dieser Reihe Ende 2023 darum gebeten, über ein Online-Umfragetool ihr Feedback zu geben. Die Ergebnisse dieser Umfrage finden Sie nachfolgend zusammengefasst.

### Wer wird angesprochen?

Im Fokus stand bei der ursprünglichen Planung der Reihe insbesondere die Zielgruppe „Lehrkräfte“. Im Hintergrund stand die Einschätzung, dass die Biologie ein unglaublich vielfältiges Spektrum an Themen umfasst und derzeit auf allen Forschungsgebieten eine sehr hohe Dynamik zeigt. Dies ist eine Herausforderung für jeden Biologie-Lehrplan und damit ebenso für jeden Lehrenden. Jenseits der Zielgruppe „Lehrkräfte“ steht aber auch jede Form von Wissenschaftskommunikation vor dieser Problematik.

Grundidee der Reihe „Faszination Biologie“ ist, biologische Sachkompetenz direkt über die Expertise von Wissenschaftler/-innen selbst erfahrbar zu machen und zu vertie-

fen. In Abständen von ca. vier Wochen lädt der VBIO renommierte deutschsprachige Wissenschaftler/-innen ein, in einem ca. 2-stündigen Vortrag – inklusive Diskussion und Beantwortung von Fragen – über das eigene Arbeitsgebiet zu berichten und damit spannende Themen der aktuellen Biologie zu veranschaulichen.

Schon in der Vorbereitung gab es den ausdrücklichen Wunsch, neben Lehrkräften weitere Biologieinteressierte anzusprechen, da die Biologie in ihrer Rolle als Leitwissenschaft mit anderen Wissenschaften erheblich dazu beiträgt, aktuelle und zukünftige wissen-

schaftliche, globale wie lokale ökologische, ökonomische und soziale Probleme zu bewältigen.

Dass es gelungen ist, ein recht breites Spektrum an Teilnehmenden anzusprechen, belegt die Umfrage, an der von 1218 angeschriebenen Personen 114 (9 %) teilgenommen haben, sehr deutlich (Abbildung 1): Laut Rückmeldung spricht das Angebot der Reihe neben Lehrkräften (47 %) aktive Wissenschaftler/-innen (16 %) sowie Beschäftigte in Verwaltung und Behörde (2 %) und in der Wirtschaft (7 %) an. Beachtenswert ist das hohe Interesse von Ruheständler/-innen (fast alle mit Biologiestudium und zu 40 % mit Promotion), deren Anteil bei 19 % liegt und die als Multiplikatorengruppe für die Vermittlung der Bedeutung der Biologie nicht zu unterschätzen ist. Neben Berufsbereichen im biologisch-medizinischen Kontext wurde eine Reihe von Tätigkeiten angegeben, die nicht so ohne weiteres zu erwarten waren – wie etwa Business Development Manager, Patentanwalt, Raumfahrt-Ingenieur, Softwareentwickler sowie Berufstätige in den Bereichen Regelleitungs- und Systemtheorie, Wissenschaftliches Telemarketing und Wissenschaftskommunikation.

### Welcher Tätigkeit gehen Sie aktuell nach?

Anzahl Antworten: 114

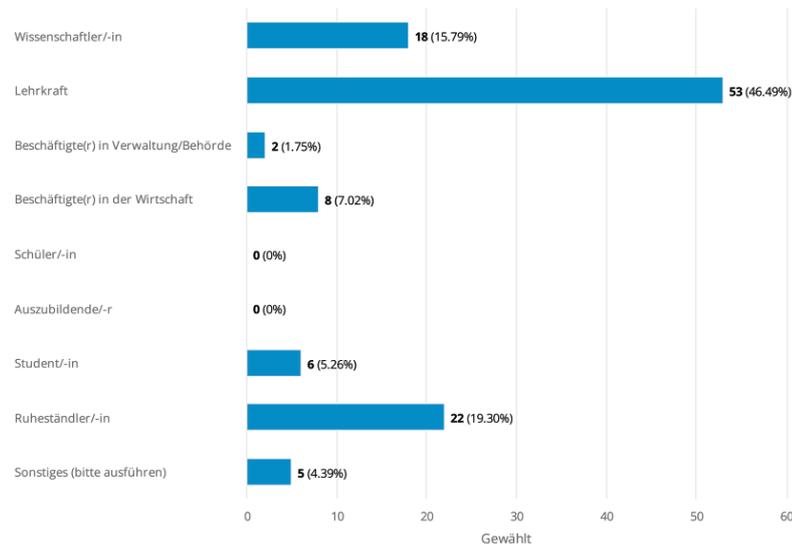
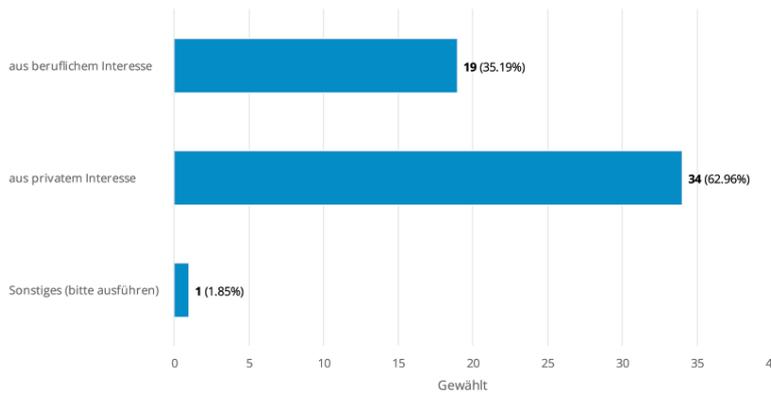


ABB. 1 Tätigkeit zum Zeitpunkt der Umfrage. Grafik VBIO.

**Warum nehmen Sie an der Veranstaltungsreihe "Faszination Biologie" teil?**

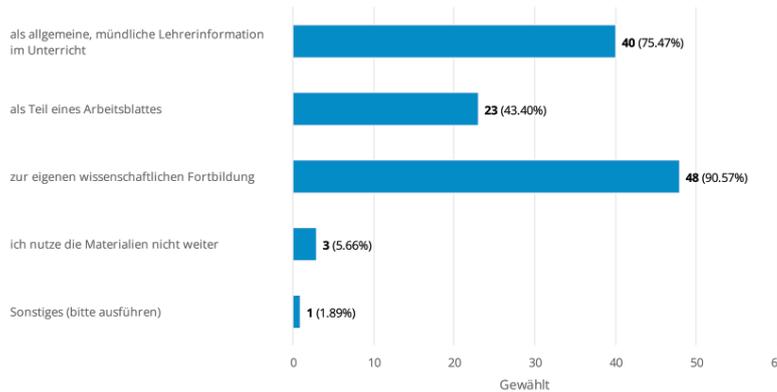
Anzahl Antworten: 54



**ABB. 2** Beweggrund zur Teilnahme bei Nicht-Lehrkräften. Grafik VBIO.

**Wie nutzen Sie die zur Verfügung gestellten Informationen und Materialien?**

Anzahl Antworten: 53



**ABB. 3** Nutzung der zur Verfügung gestellten Informationen und Materialien durch Lehrkräfte. Grafik VBIO.

**Was sind die Beweggründe, sich zuzuschalten und wie werden die Informationen und Materialien genutzt?**

Um dies zu erfahren, adressierte die Umfrage Nicht-Lehrkräfte und Lehrkräfte getrennt. Gefragt nach dem Beweggrund, teilzunehmen, führten die Nicht-Lehrkräfte zu einem hohen Prozentsatz ihr privates Interesse an (Abbildung 2).

Die Auswertung der spezifischen Fragen an die Lehrkräfte zeigte, dass sich fast ausschließlich Lehrkräfte zuschalten, die in der Sekundarstufe II (Oberstufe) unterrichten. Der Vortrag selbst, die spannende Diskussion, aber insbesondere die im Nachgang der Einzelveranstaltungen zugänglich gemachten Informatio-

nen und Materialien dienen bei fast allen der eigenen wissenschaftlichen Fortbildung und fließen als allgemeine, mündliche Information in den Unterricht ein oder werden Teil eines Arbeitsblattes (Abbildung 3). Sie werden aber ebenso als Grundlage für Leistungsüberprüfungen genutzt wie etwa bei schriftlichen Übungen und Klausuren, und sie finden Einsatz im Rahmen des Abiturs (Abbildung 4).

Diese Rückmeldungen belegen, wie die Inhalte der Vorträge direkt in den Unterricht Eingang finden, diesen mithilfe neuer, aktueller und wissenschaftlich fundierter Kontexte bereichern und somit die Qualität des Unterrichts beeinflussen. Befragt zu den einzelnen Veranstaltungen,

wird von den an der Umfrage Teilnehmenden eindrücklich bestätigt, dass sie jeweils viele neue Informationen erhalten haben.

**Was hat besonders gefallen?**

Besonders gefallen hat laut Umfrageergebnissen das zur Verfügung gestellte Material, aber ebenso die Aktualität, die neuen fachlichen Impulse und – auffallend oft genannt – die Themenauswahl (Abbildung 5). Die bisher gewählten Themen stoßen auf berufliches und laut Umfrage insbesondere auf ein hohes privates Interesse (siehe oben und Abbildung 2). Die Möglichkeit, dem VBIO weitere Themen vorzuschlagen, wurde dann auch von 61 Personen zum Teil sehr umfassend genutzt. Herzlichen Dank dafür!

Die Auswertung dieser Rückmeldungen macht den Wunsch und Bedarf nach mehr Veranstaltungen sehr deutlich – hauptsächlich zu den folgenden Schwerpunkten, wobei die Reihenfolge in der Liste in etwa die Häufigkeit der Nennungen wiedergibt:

- Ökologie
- Genetik/Gentechnik – vor allem Epigenetik
- Evolution
- Immunbiologie
- Biomedizin
- Krebs
- Zellbiologie
- Verhaltensbiologie
- allgemein gesellschaftliche Themen wie z. B. Ethik
- Fachmethoden (u. a. KI in der Wissenschaft)

Wir greifen die Anregungen gerne auf – und konnten so beispielsweise bereits eine Referentin für das mehrfach gewünschte Thema „Epigenetik“ gewinnen, die im September referieren wird (siehe <https://www.vbio.de/informationsangebote/faszination-biologie>).

**Wie wird das Format beurteilt?**

Die Gesamtlänge von 120 Minuten wird zwar als lang, aber angesichts der inhaltlichen Tiefe, die erreicht

werden soll, als angemessen betrachtet. Größerer konzeptioneller Änderungsbedarf hinsichtlich des gesamten Ablaufs wird nicht gesehen. Kommentare wie „schön“, „toll“, „optimal“ sowie „hervorragend“ sind Adjektive, mit denen diese Reihe charakterisiert wird, und die die Begeisterung der an der Umfrage Teilnehmenden widerspiegelt. „Das Online-Format“- so lautet zudem eine Rückmeldung – „ist eine große organisatorische Entlastung im Vergleich zu Präsenzfortbildungen“.

### Wissenschaftlichen Erkenntnisgewinn nachvollziehbar machen

Eine bemerkenswerte Auswirkung, die zu Beginn der Reihe nicht vorausgesehen werden konnte, ist der wissenschaftliche Dialog, der im Kontext dieser Reihe entsteht. So tauschen sich die geladenen Wissenschaftler/-innen offensichtlich im Vorfeld mit Kolleg/-innen zu den Vortragsthemen aus. Teilweise findet aber ein solcher Austausch ebenfalls im Nachhinein statt, da während der Fortbildungsveranstaltungen immer wieder interessante Fragen gestellt werden, die nicht so direkt beantwortet werden können und zu weiteren Überlegungen Anlass geben. Angeregt durch diese Reihe findet also ein wissenschaftlicher Dialog statt, der das hohe Interesse der Beteiligten an biologischen Themen belegt und die Auseinandersetzung mit diesen Themen führt immer wieder zu neuen Fragestellungen.

Der Weg der wissenschaftlichen Erkenntnisgewinnung wird durch die Vortragenden erlebbar gemacht. Dabei wird auch das Denken und Arbeiten mit Modellen und der Einsatz der immer besser werdenden Fachmethoden veranschaulicht. Oft ist dieser Weg nicht einfach oder Beobachtungen werden zwar gemacht, finden zunächst aber keine wissenschaftliche Beachtung, bis sie in einem ganz anderen Kontext aufgegriffen werden und an Bedeutung

### Nutzen Sie die zur Verfügung gestellten Materialien für Leistungsüberprüfungen?

Anzahl Antworten: 53

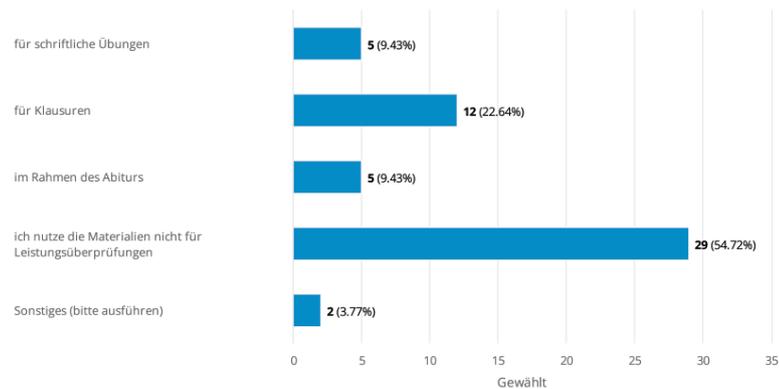


ABB. 4 Nutzung der Materialien für Leistungsüberprüfungen. Grafik VBIO.

### Was hat Ihnen besonders gut gefallen?

Anzahl Antworten: 95

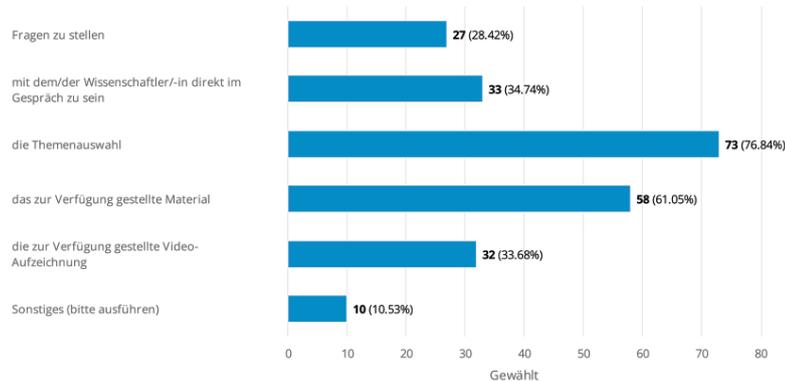


ABB. 5 Vorteile der Reihe „Faszination Biologie“. Grafik VBIO.

gewinnen. Forschung erscheint für den Außenstehenden als spannender Prozess – Entdeckungen lesen sich oft wie ein Kriminalroman – aber Forschung ist auch harte Arbeit. Wie oft werden aussichtsreiche Hypothesen verworfen, weil sie nicht verifiziert werden konnten. Dies ist scheinbar ein Rückschlag, sollte aber nicht so empfunden werden, denn nun ist Raum für neue Ansätze. Diese Ambivalenz wissenschaftlicher Forschungsarbeit, der sich die Wissenschaftler/-innen stellen müssen, ist erkennbarer Teil der Vorträge und wird von den Vortragenden authentisch dargestellt. Alle haben es bisher ausgezeichnet verstanden, die an den wissenschaftlichen Webinaren Teilnehmenden in das große Feld wissenschaftlichen Arbeitens und Forschens mitzunehmen – zu faszinieren, aber auch nachdenklich zu stimmen.

### Resümee

Schon in Heft 2/2023 der Biuz hieß es: „Dieses Format „Faszination Biologie“ trifft offensichtlich den Bedarf zur Diskussion und Vertiefung neuer wissenschaftlicher Erkenntnisse – und nicht nur bei Lehrkräften.“ Durch diese Umfrage konnte diese Aussage mit Zahlen belegt und zugleich die Motivation in Erfahrung gebracht werden, weshalb Zuschaltungen erfolgen und welcher hohen Wert die Materialien und Informationen für die Teilnehmenden für den eigenen Wissenszuwachs haben und wie sie genutzt werden.

### Danksagung

Ein herzlicher Dank geht an Kerstin Elbing, Geschäftsstelle Berlin, die mich bei der Umfrage stark unterstützt hat.

LRSD<sup>1</sup> a. D. Marga Radermacher,  
Sprecherin der Landesverbände  
im VBIO

## AUS DEM VBIO

## VBIO legt Positionspapier „Wissenschaftskommunikation“ vor

*Wissenschaftskommunikation in der Biologie steht vor spezifischen Herausforderungen. Dazu gehören die Geschwindigkeit des biowissenschaftlichen Erkenntnisgewinns sowie Erwartungen und Diversität der Zielgruppen. Der VBIO hat dazu ein Positionspapier vorgelegt, das die Besonderheiten skizziert und Empfehlungen an Forschungsfördernde, Hochschulen, Akademien sowie Wissenschafts- und Bildungspolitik formuliert.*



**ABB. 1** Wissenschaftskommunikation ist auch die Herausforderung, die passenden Botschaften zu senden.

Bild: Tumisu auf Pixabay.

Die Biowissenschaften entwickeln mit atemberaubender Geschwindigkeit neue Konzepte, revolutionieren das Methodenspektrum und treiben den Erkenntnisgewinn voran. Dies stellt Anforderungen an die Kommunikation des biologischen Wissens und dessen Anwendung. Die große Bedeutung biologischer Themen für das persönliche Leben erhöht das Interesse an biowissenschaftlichen Erkenntnissen. Dieses im Vergleich zu vielen

anderen wissenschaftlichen Disziplinen erhöhte Interesse bietet eine Chance für erfolgreiche wissenschaftliche Kommunikation, birgt aber auch besondere Herausforderungen.

### Anknüpfungspunkte

Die Kommunikation biologischer Themen fängt dabei selten bei „Null“ an, denn jeder ist Expert/-in eigener Sache – war schon einmal krank oder möchte die Natur schützen.

„Die Schwierigkeit dabei ist, dass es neben fundiertem Wissen auch viel Unkenntnis, Fehlvorstellungen, einseitige Betrachtungen und sich widersprechende Informationen gibt“, erläutert Prof. Dr. Kerstin Kremer, Präsidiumsmitglied des VBIO, die das Positionspapier „Wissenschaftskommunikation im Bereich der Biowissenschaften“ maßgeblich mitentwickelt hat. „Für die Öffentlichkeit ist es nicht immer einfach, Intentionen einzelner Akteur/-innen zu durchschauen und glaubwürdige Informationen und Quellen zu identifizieren,“ so Kremer weiter.

### Wissenschaftskommunikation: nicht „nebenbei“

Hier ist auch aus den Biowissenschaften selbst heraus noch viel zu tun. Insgesamt kann aber – so das Positionspapier des VBIO – nicht erwartet werden, dass die Vermittlung wissenschaftlicher Erkenntnisse von Forschenden ausschließlich „nebenbei“ durchgeführt wird. Effiziente Wissenschaftskommunikation profitiert von einer stärkeren Professionalisierung der Wissenschaftler/-innen und sollte

zusätzlich professionell ausgebildete Vermittler/-innen einbinden.

### Auch die Community ist gefordert

Zugleich wendet sich das Positionspapier auch an die biowissenschaftliche Community selbst. Diese ist gefordert, die Bedeutung der Wissenschaftskommunikation für die Vermittlung von Forschungsergebnissen und grundlegenden Konzepten stärker als bisher als wichtigen Teil der eigenen Rolle zu betrachten. Dazu gehört auch die Bereitschaft, sich grundlegende Fähigkeiten im Bereich der Wissenschaftskommunikation anzueignen und sich ggf. weiterzubilden. Leistungen im Bereich der biowissenschaftlichen Wissenschaftskommunikation müssen von Forschungsinstitutionen (z. B. Universitäten und außeruniversitäre Forschungsinstitutionen) und Förderern (z. B. BMBF, DFG, Stiftungen), aber auch von der Gesellschaft insgesamt in stärkerem Maß wertgeschätzt werden.

### VBIO

Der VBIO sieht sich in einer besonderen Verantwortung daran mitzuwirken, dass eine umfassende Vermittlung biowissenschaftlicher Inhalte gewährleistet ist. Er bietet daher Veranstaltungen unterschiedlichster Formate zu biologischen Themen an und setzt sich in Praxis und Theorie mit der Wissenschaftskommunikation in den Biowissenschaften auseinander. Darüber hinaus engagiert sich der VBIO für die Weiterentwicklung der genannten Formate sowie für Forschung in der Wissenschaftskommunikation.

Teil dieses Engagements ist das Positionspapier „Wissenschaftskommunikation im Bereich der Biowissenschaften“, das sich als Einladung an alle Akteur/-innen versteht, noch stärker in den Dialog zu treten, um die Situation im Sinne der vorgelegten Forderungen zu verbessern.

Den Volltext des Positionspapiers finden Sie hier: [https://t1p.de/VBIO\\_Wissenschaftskommunikation](https://t1p.de/VBIO_Wissenschaftskommunikation)

Projektgruppe Wissenschaftskommunikation / Kerstin Elbing

### FORDERUNGEN DES POSITIONSPAPIERS

Das Positionspapier formuliert konkrete Forderungen an Forschungsfördernde, Hochschulen, Akademien sowie an Wissenschafts- und Bildungsministerien von Bund und Ländern, darunter:

- Schaffung von organisationsinternen Freiräumen und die dafür erforderliche finanzielle Unterstützung sowohl für institutionelle Strukturen als auch für individuelle Projekte zur Wissenschaftskommunikation von Forschenden,
- zusätzliche Stellen für Kommunikationsexpert/-innen mit soliden biologischen Kenntnissen,
- Berücksichtigung von Leistungen in der Wissenschaftskommunikation auch im Rahmen von Berufungs- und Evaluationsverfahren,
- erleichterte Durchlässigkeit zwischen Studiengängen aus Biowissenschaften, Kommunikationswissenschaften sowie Lehramtsstudiengängen zwecks Schaffung von professionellen Ausbildungsgängen für Vermittler/-innen zwischen Wissenschaft und gesellschaftlichen Zielgruppen.

## AUS DEM VBIO

## VBIO Online-Seminarreihen: Die Zukunft der Biowissenschaften

*Studienberatung und Berufsorientierung sind seit Jahrzehnten Kerngeschäfte unseres Verbandes. Darüber hinaus hilft er im Bereich Studiengangentwicklung bei der Fortschreibung des „Fachkanon Biologie“ im Verbund mit der Konferenz biologischer Fachbereiche (KBF). Dies ist auch notwendig, da die Biowissenschaften sich in den letzten Jahrzehnten sehr schnell entwickelt haben und kontinuierlich auch die Arbeitswelt verändern.*

Etablierte biologische Berufsfelder entwickeln sich weiter und laufend entstehen neue Berufsfelder, die noch vor 10 Jahren völlig unbekannt waren. In diesem dynamischen Umfeld den Überblick über Berufsaussichten und mögliche Tätigkeitsfelder zu behalten, ist keine leichte Aufgabe. Aus diesem Grund bietet der VBIO seit Herbst 2021 parallel zum bewährten Bestseller „Perspektiven – Berufsbilder von und für Biologen und Biowissenschaftler“ (druckfrische 11. erweiterte Auflage siehe S.118) auch kostenfreie Online-Seminarreihen an, die sich insbesondere an Studierende, Absolvent/-innen sowie Stellensuchende richtet. Im April 2024 konnte bereits das 50. Webinar zur Berufsfeldorientie-

rung gefeiert werden. In den letzten 30 Monaten haben über 9.400 Teilnehmende diese Online-Angebote des VBIO genutzt.

### Warum sollten Sie teilnehmen?

Ob Sie noch unsicher sind, welchen Weg Sie nach Ihrem Abitur oder nächsten Studienabschluss einschlagen möchten, ob Sie bisher noch keine konkreten Vorstellungen von Ihren beruflichen Möglichkeiten haben, in die Wirtschaft oder die Branche wechseln wollen – die Online-Formate bieten Ihnen die Chance, neue Berufsperspektiven kennenzulernen und Unterstützung bei Ihrer Entscheidungsfindung oder Jobsuche zu erhalten. Die Online-Veranstaltungen bieten nicht nur

Einblicke in mögliche Berufsfelder, sondern auch hilfreiche Tipps für die Suche nach dem passenden Job und für erfolgreiche Bewerbungen. Interessierte können sich bei der ersten Registrierung in einen Mailverteiler eintragen lassen oder die aktuellen Informationen laufend auf [www.master-bio.de](http://www.master-bio.de) abrufen. Auf den Berufsfeld-Infoabenden berichten Berufspraktiker/-innen über ihre beruflichen Karrieren, mit Themen wie „Erfolgreich im Job – auch ohne Dokortitel?!“ oder „Öffentlichkeitsarbeit & Unternehmenskommunikation“. Es gibt aber auch Softskill-Seminare zu den Themen „Master/Promotion in Biologie: Was nun, was tun?“ oder „Persönlichkeitsprofile und mögliche Karrierewege“, in denen Hilfestellungen zur beruflichen Selbstfindung geboten werden.

### Videos zum Nacharbeiten verfügbar

Rückblicke auf vergangene Veranstaltungen und komplette Videoschnittschnitte zu vielen Berufsfeldern können auf [www.master-bio.de](http://www.master-bio.de) oder auf dem YouTube-Kanal des VBIO [www.youtube.com/@vbioe.v.6678](http://www.youtube.com/@vbioe.v.6678) angesehen werden. Bisher gab es 24 Berufsfeld-Infoabende u. a. zu den Bereichen Beratung und Coaching,



#### Perspektiven

Was kann ich mit einem Bio-Studium eigentlich werden? Antworten auf diese Frage geben 87 Biowissenschaftler/-innen in unseren topaktuellen "Perspektiven - Berufsbilder von und für Biologen und Biowissenschaftler" und zeigen dabei viele Wege in den Beruf auf.

Ab sofort Bestellung über [info@vbio.de](mailto:info@vbio.de) möglich.  
312 Seiten für 16,80 €, Sonderkonditionen für Mitglieder: 15,00 €



#### VBIO ONLINE-SEMINARREIHEN:

Die Biowissenschaften haben sich in den letzten Jahrzehnten rasend schnell entwickelt. Neue Berufsfelder sind entstanden und bestehende haben sich gewandelt. Hier den Überblick über Berufsaussichten und mögliche Berufsfelder zu behalten ist nicht einfach. Mit den sich ergänzenden Online-Formaten "Berufsfeld-Infoabende" und "SoftSkill-Seminare" wollen wir Studierenden, Absolvent/-innen sowie Stellensuchenden und allen anderen Interessierten weiterhelfen.

- ▶ **Warum sollten Sie teilnehmen?**
- ▶ **Wer organisiert die Veranstaltungen?**



Berufsfeld-Seminare des VBIO auf YouTube

Biologiedidaktik, Life Sciences in der Pharmabranche, in der Forensik, Embryologie, Klinischen Forschung und in einer Entwicklungsabteilung, in der Filmemacherbranche, in Großforschungseinrichtungen, in Museen, jenseits des staatlichen Schulwesens, in der Naturschutzverwaltung, in StartUps und Kleineren und mittleren Unternehmen (KMU), im Verlagswesen und in der Wirtschaftsförderung. In den 26 Softskill-Seminaren ging es u. a. um Bewerbungen und Fallstri-

cke im Bewerbungsverfahren, Vorbereitungsmöglichkeiten für den Berufseinstieg mit Erfahrungsaustausch, Eigen- und Fremdwahrnehmung, Einstiegsmöglichkeiten in Medtech & Pharma, Kommunikation & Wirkung, Motivationsboost für Promovierende, den perfekten Pitch, Persönlichkeitsprofile und Kommunikation und strategische Überlegungen für das Biologiestudium.

Die VBIO Online-Seminarreihen bieten eine wertvolle Ressource für

alle, die sich auf ihrem Karriereweg in den Biowissenschaften außerhalb des Studiums, der Promotion oder des aktuellen Arbeitsplatzes weiterbilden möchten. Melden Sie sich noch heute auf [www.master-bio.de](http://www.master-bio.de) für die nächsten Veranstaltungen an und profitieren Sie von wertvollen Einblicken und Tipps für Ihre berufliche Zukunft.

*Carsten Roller, VBIO,  
Ressort Ausbildung & Karriere*

## AUS DEM VBIO

# Wissenschaft verbindet – offener Diskurs und internationale Zusammenarbeit sind unabdingbar



*In diesem Frühjahr sind viele Menschen auf die Straße gegangen, um für demokratische Rechte einzustehen und nationalistischen und rassistischen Tendenzen eine Absage zu erteilen. Auch die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler sorgen sich um die Zukunft der Demokratie in Deutschland. Die unter dem Motto „Wissenschaft verbindet“ zusammengeschlossenen großen mathematisch-naturwissenschaftlichen Gesellschaften haben ihrer Sorge in einem gemeinsamen Statement Ausdruck verliehen.*

**ABB. 1** „Wissenschaft verbindet!“ – davon sind die mathematisch-naturwissenschaftlichen Gesellschaften überzeugt.

Unter der Überschrift „Wissenschaft verbindet – offener Diskurs und internationale Zusammenarbeit sind unabdingbar“ wenden sich die großen mathematisch-naturwissenschaftlichen Gesellschaften – neben dem VBIO auch der Dachverband der Geowissenschaften (DVGeo), die Deutsche Mathematiker-Vereinigung (DMV), die Deutsche Physikalische Gesellschaft (DPG) und die Gesellschaft Deutscher Chemiker (GDCh) – gegen nationalistische und antidemokratische Bestrebungen aller Art. Sie setzen damit ein Signal für Forschungsfreiheit, Demokratie und Rechtsstaatlichkeit sowie Weltoffenheit und internationale Zusammenarbeit. Diese Punkte sind Voraussetzungen für das wissenschaftliche, wirtschaftliche und soziale Wohlergehen unseres Landes – und damit auch für den indivi-

duellen Lebensstandard jeder einzelnen Bürgerin und jedes einzelnen Bürgers.

### Offene Diskurskultur

Wie die demokratische Gesellschaft lebt vor allem die Wissenschaft vom offenen Diskurs. Fakten und Argumente sind auszutauschen und zu bewerten. Die Beteiligten müssen bereit sein, unterschiedliche Perspektiven einzunehmen, abzuwägen und eigene Ansichten und Hypothesen weiterzuentwickeln, wenn eine veränderte Datenlage es erfordert. Davon ist jedoch in so manchem Diskurs im politisch-gesellschaftlichen Raum derzeit zu wenig wahrzunehmen: Fakten werden geleugnet oder verfälscht, Narrative orientieren sich an Opportunitäten und Eigeninteressen und der Ton wird rauer und lauter. Die Bereit-

schaft, eigene Meinungen zu hinterfragen, nimmt ab, während Intoleranz und Radikalisierung zunehmen.

Für die mathematisch-naturwissenschaftlichen Gesellschaften ist eine offene und wertschätzende Diskussionskultur unabdingbar. Dies gilt für den allgemeinen Diskurs ebenso wie für den Austausch in der Wissenschaft. Wissenschaftsfeindlichkeit, Behinderungen der Wissenschaftsfreiheit, Intoleranz und Ausgrenzung beschädigen den Wissenschaftsstandort Deutschland.

### Weltoffenheit und internationale Zusammenarbeit

Wissenschaft ist nicht an Ländergrenzen gebunden – dies gilt besonders im Kontext von Mathematik und Naturwissenschaften. Der Austausch von Ideen und die Zusammenarbeit von Personen mit unterschiedlichsten Hintergründen und Herangehensweisen wirken als Triebkraft für wissenschaftlichen Fortschritt und Erkenntnisgewinn, den wir für die Bewältigung der Zukunftsaufgaben dringend benötigen.

Die mathematisch-naturwissenschaftlichen Gesellschaften warnen daher vor einer Einengung der Wissenschaft auf die nationale Ebene und treten allen Bestrebungen, internationale Zusammenarbeit zu erschweren, entschieden entgegen. Eine rein nationale Wissenschaft würde unserem Land erheblich schaden.

## Demokratie und Rechtsstaatlichkeit

Demokratie und Rechtsstaatlichkeit bieten einen verlässlichen Rahmen, innerhalb dessen die Wissenschaft kreativ arbeiten und Ergebnisse liefern kann. Jede Infragestellung von Demokratie und Rechtsstaatlichkeit sowie jegliche Ausgrenzung gefährdet Forschungsprojekte in Deutschland. Die mathematisch-naturwissenschaftlichen Gesellschaften warnen vor einer freiwilligen oder erzwungenen Abwanderung von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern in andere Länder mit besseren Rahmenbedingungen. Der damit einhergehende Verlust an Wissen

schwächt den Forschungsstandort Deutschland - eine Tatsache, die gerade auch von jenen Akteurinnen und Akteuren billigend in Kauf genommen wird, die ansonsten sehr auf nationale Stärke setzen.

Vor dem skizzierten Hintergrund sind die mathematisch-naturwissenschaftlichen Gesellschaften alarmiert durch die jüngsten antidemokratischen und nationalistischen Bestrebungen in Deutschland. Sie sind der festen Überzeugung, dass Wohlstand und Stärke eines Landes nicht auf Homogenität beruhen, sondern auf Vielfalt und Freiheit.

Die mathematisch-naturwissenschaftlichen Gesellschaften werden

sich auch weiterhin für Forschungsfreiheit, Demokratie und Rechtsstaatlichkeit sowie Weltoffenheit und internationale Zusammenarbeit einsetzen. Sie rufen daher alle ihre Mitglieder auf, in ihrem privaten und gesellschaftlichen Umfeld ein klares Signal für eine weltoffene, demokratische Gesellschaft und für eine freie Wissenschaft zu setzen sowie ihre demokratischen Rechte z. B. bei Wahlen wahrzunehmen.

*Kerstin Elbing und Karl-Josef Dietz  
für den VBIO. Die Präsidenten  
und Kommunikator/-innen der  
mathematisch-naturwissenschaftlichen  
Gesellschaften*

## BAUER WILLIS KRAUT UND RÜBEN

### Teil 2: Wenn Pflanzen krank werden

**Landwirtschaft ist „angewandte Biologie“. Bauern sind Experten, die die Ergebnisse von Forschung, von Tier- und Pflanzenzucht, Bodenbiologie und Chemie umsetzen. Sie müssen auch etwas von Meteorologie verstehen, ökonomisch denken und sollen sich gleichzeitig auch um Tierwohl, Klima- und Artenschutz kümmern. Der Arbeitsplatz ist sehr teuer, nicht nur wegen des komplexen Maschinenparks, ohne den Landwirtschaft nicht mehr denkbar ist. Was Landwirte für unsere tägliche Versorgung mit Lebensmitteln tun und warum sie oft anders denken als ein großer Teil unserer urbanen Gesellschaft, beschreibt „Bauer Willi“ (Willi Kremer-Schillings) in einer vierteiligen Mini-Serie.**

Wenden wir uns den Pestiziden zu, die wir Bauern „Pflanzenschutzmittel“ nennen. Und das aus gutem Grund, denn auch Pflanzen können krank werden und benötigen dann Medizin. Wenn Sie es schon mal erlebt haben, wie eine Gelbrost-Epidemie (*Puccinia striiformis*) innerhalb von zwei Wochen einen Getreidebestand vernichtet, wissen Sie, was ich meine. Um das zu verhindern, verwenden wir Fungizide, die wir dann einsetzen, wenn Prognosemodelle ([www.isip.de](http://www.isip.de)) und eigene Beobachtungen einen Einsatz sinnvoll erscheinen lassen. Ist der Befall bereits sichtbar, wird es schwierig. Jeder, der Rosen im Garten hat, weiß wie schnell das geht. Allerdings werden Rosen nur selten gegessen.

Mit Schadinsekten ist es ähnlich. Wir verwenden Insektizide nur nach Schadschwelle und wenn nicht genügend natürliche Antagonisten vorhanden sind. Um einen Schädlingsbefall rechtzeitig zu erkennen, wird oft die „digitale Gelbschale“ verwendet, eine Fangschale für Insekten, in der über eine Kamera und eine entsprechende App Zahl und Art von Insekten gemessen werden (<https://t1p.de/8xq9j>). So haben wir im Jahr 2022 keine Insektizide im Getreide eingesetzt, weil zum einen genügend Marienkäferlarven die Blattlauspopulation dezimierten, zum anderen das trockene und heiße Wetter die Blattlauspopulation zusammenbrechen ließ. Wir Bauern sind auch Meteorologen



**ABB. 1** Die Beiztrommel ist ein etwas altmodisches Gerät, in dem Saatgut mit teilweise sehr gesundheitsschädlichen Präparaten wie Arsen und Quecksilber imprägniert wurde, um es vor Pilzen und anderen Schädlingen zu schützen. Heute wird Saatgut (meist) bereits vom Hersteller mit fungiziden Wirkstoffen gebeizt gekauft.

und wissen um die Bedeutung des Wetters.

Der Einsatz von Pflanzenschutzmitteln ist in den letzten Jahren etwas zurückgegangen (<https://t1p.de/epjes>). Bei der Interpretation der Statistiken ist aber Vorsicht geboten, weil man die inerten Gase, die bei

## DER AUTOR



Willi Kremer-Schillings ist Landwirt und war zuletzt als Leiter der landwirtschaftlichen Abteilung in der Zuckerfabrik Elsdorf und Jülich tätig. Seit seinem Eintritt in den Ruhestand betätigt er sich als Autor und betreibt den Internet-Blog *bauerwilli.com*. Darin thematisiert er die aus seiner Sicht schwierige Situation der Landwirte in Deutschland sowie fehlende gesellschaftliche Akzeptanz und Wertschätzung für ihre Arbeit.

der Lagerhaltung verwendet werden und die beispielsweise das Keimen von Kartoffeln verhindern sollen, mit in die Statistik aufgenommen hat. Da dies mehrere Tausend Tonnen sind, wurde die Statistik aufgebläht. Lebensmittel vor dem Verderb zu schützen, macht aber Sinn.

Wenn von Spritzmittel die Rede ist, wird häufig damit argumentiert, „dass es ja früher auch ohne diese Gifte ging und die Biobauern ja auch ohne auskommen“. Wir hatten auf dem Hof eine alte Beiztrommel, in der mein Vater das Saatgetreide gebeizt hat (Abbildung 1). Dazu hat er eine Quecksilber-Beize verwendet. Natürlich hatte er keinerlei Atemschutz, sondern hat stundenlang die Trommel gedreht, damit die Körner auch gleichmäßig von allen Seiten benetzt wurden. So viel zu „früher“. (Mein Vater ist übrigens 90 Jahre alt geworden.) Auch Bio-Bauern sprit-

zen, denn auch sie möchten möglichst viel ernten. Nicht alles, was da ins Spritzwasser kommt, ist Seifenlaug. Spinosad ist so ein Mittel. Es stammt aus dem Bakterium *Saccharopolyspora spinosa* und ist – weil natürlichen, biologischen Ursprungs – im Biolandbau zugelassen. Als Insektizid tötet es nahezu alle Insekten und ist als B1 – bienengefährlich – eingestuft. Es ist giftig für Algen, Fische und Fischnährtiere. Es ist sehr giftig für Wasserorganismen und kann in Gewässern längerfristig schädliche Auswirkungen haben. Diese Informationen sind alle öffentlich verfügbar (<https://t1p.de/rdbji>). Ich meine, in der Diskussion um Landwirtschaft und Lebensmittel sollte mit wissenschaftlichen Daten nicht selektiv umgegangen werden.

Wenn wir schon von Natur reden, müssen wir auch über Züchtung reden. Genau genommen ist Züchtung etwas Unnatürliches. Was nun folgt, ist etwas vereinfacht, da ich nun mal „nur Landwirt“ bin. Die herkömmliche Züchtung geschieht mittels relativ „brutalen“, d. h. nicht selektiven Methoden wie Bestrahlung oder chemischen Substanzen, die ungezielte, also zufällige Veränderungen im Erbgut verursachen. Daraus werden dann diejenigen Varianten herausgesucht, die dem Züchtungsziel entsprechen. Eine Garantie, ob dies gelingt, gibt es nicht. Die neuen Möglichkeiten über die Genschere

CRISPR/Cas9 ermöglichen es dagegen, bestimmte Gensequenzen auszuschnitten und das Genom gezielt zu verändern. Diese Veränderung könnte auch auf natürliche Art und Weise passiert sein, so dass ein Nachweis, wie sie zustande gekommen ist, nicht zu führen ist. Somit stellt sich jetzt die Frage, ob es sich bei der Genschere um Gentechnik handelt. Ich kann und will diese Frage nicht beantworten. Was mir in dieser und früheren Diskussion um Gentechnik immer wieder auffällt: Die Toleranz gegenüber Gentechnik ist beim Einsatz in der Humanmedizin relativ hoch, ihr Einsatz in der Landwirtschaft – z. B. bei der „Pflanzenmedizin“ (= Resistenzen gegen Pilze oder Schadinsekten) – wird aber seit Jahrzehnten dramatisiert, ja fast kriminalisiert. Ein trauriges Beispiel dafür ist die Geschichte um den *Golden Rice* (siehe hierzu auch *BiuZ* 02/23, S. 117). Wirklich verstehen kann ich diese Ungleichbehandlung nicht und so fundamental abgelehnt wird sie auch nur in wenigen Ländern. Deutschland gehört dazu. *German Angst*.

Meine Befürchtung: Wenn diese Ablehnung weiter anhält – und alles spricht dafür – werden Forschung und Wissenschaft im Agrarbereich noch mehr als bisher ins Ausland verlagert. Ich finde das nicht gut.

Willi Kremer-Schillings,  
Rommerskirchen

## KARRIEREWEGE FÜR BIOWISSENSCHAFTLER/-INNEN – ERFOLGSGESCHICHTEN ZUM NACHLESEN



Absolvent/-innen biologischer und biowissenschaftlicher Studiengänge steht ein breites Spektrum an Berufsmöglichkeiten offen. Diese Vielfalt macht Berufseinsteiger/-innen die Orientierung nicht unbedingt einfacher. Um Studierenden, Absolventen/-innen und Berufseinsteiger/-innen, aber auch Wechselwilligen und Stellensuchenden den Über-

blick zu erleichtern, gibt der VBIO seit 25 Jahren die Publikation „**Perspektiven – Berufsbilder von und für Biologen**“ heraus. 87 Biowissenschaftler und Biowissenschaftlerinnen berichten in der aktuellen, bereits **11. erweiterten Auflage** von ihrem jeweils ganz individuellen Karriereweg. Die Darstellung der unterschiedlichsten Berufsbilder wird ergänzt durch Hintergrundinformationen, Hinweise auf Weiterbildungsmöglichkeiten, Tipps und Tricks sowie Internetverweise. Das Inhaltsverzeichnis und eine Leseprobe finden Sie unter [www.vbio.de/publikationen/berufsbilder-perspektiven](http://www.vbio.de/publikationen/berufsbilder-perspektiven).

Zu beziehen sind die „Perspektiven“ über jede Buchhandlung oder direkt über den VBIO: Geschäftsstelle München Corneliusstraße 12 80469 München [info@vbio.de](mailto:info@vbio.de)

**Perspektiven Berufsbilder von und für Biologen und Biowissenschaftler**  
Hrsg. VBIO e. V.  
11. komplett überarbeitete Auflage  
312 Seiten, 978-3-9810923-4-9  
16,80 Euro (inkl. Versand)

## IMMUNBIOLOGIE

## Wie eukaryontische Darmmikrobiota Nahrungskonkurrenz vermeiden und die Immunabwehr fördern

Der Darm von Säugetieren einschließlich des Menschen beherbergt eine bislang unbekannt Vielfalt von Protozoen aus der Gruppe der Parabasalia. Durch unterschiedliche Nahrungspräferenz vermeiden diese Protozoen Konkurrenz untereinander und mit Bakterien. Der Ballaststoffgehalt der Nahrung beeinflusst die Effekte von Gärungsprodukten auf die Immunabwehr.

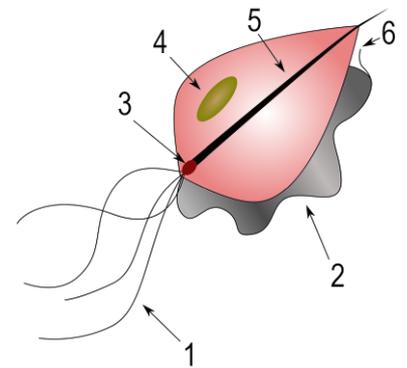
Die mikrobiellen Besiedler unseres Darms – die Darmflora oder Darmmikrobiota – sind bekanntlich nicht nur Kommensalen, d. h. harmlose Nutznießer. Vielmehr stehen einige von ihnen mit dem Wirt in mutualistischer Beziehung, indem sie lebenswichtige Vitamine oder eine Reihe gesundheitsfördernder Gärungsprodukte liefern. Acetat und Butyrat dienen den Zellen der Darmschleimhaut als Energiesubstrate und – zusammen mit anderen kurzkettigen Fettsäuren – beeinflussen sie das Immunsystem. Darüber hinaus unterstützen Darmmikrobiota die körpereigene Infektionsabwehr durch Konkurrenz um Nährstoffe im Darm sowie die Produktion von Antibiotika. Bekannt sind derartige Dienstleistungen bislang überwiegend von Darmbakterien. Welche Rolle andere Besiedler des Darms – Archaeen, Viren, Pilze, Protozoen – spielen, ist dagegen weitgehend unklar. Bei Termiten bzw. Wiederkäuern unterstützen Zellulose abbauende Flagellaten und Ciliaten die Verdauung. Kürzlich wurde bekannt, dass eukaryontische Einzeller auch die Immunabwehr im Darm steuern [1]. Dabei handelt es sich um Vertreter der Parabasalia, eine systematische Gruppe, die vor allem durch Erreger von Genitalinfektionen aus der Gattung *Trichomonas* bekannt ist.

Zellbiologisch fallen die Parabasalia durch ihre charakteristische Morphologie auf: Neben mehreren kurzen Zuggeißeln besitzen sie eine lange Schleppgeißel, die mit einer Membran verbunden ist und deren

wellenförmige (undulierende) Bewegung steuert (Abbildung 1). Eine weitere Besonderheit betrifft den Energiestoffwechsel bzw. den Besitz von Hydrogenosomen. In diesen doppelwandigen Zellorganellen, die sich im Verlauf der Evolution der Parabasalia sekundär aus Mitochondrien gebildet haben, wird Pyruvat zu Acetat, Kohlenstoffdioxid und Wasserstoff abgebaut [2].

Eine Bestandsaufnahme im Darm der Maus [1] zeigte jetzt neben der im Lumen dominierenden *Tritrichomonas musculus* (früher *T. muris*) eine neue Species: *Tritrichomonas casperi*, die sich morphologisch von ersterer vor allem durch ihre geringere Größe unterscheidet und bevorzugt die Oberfläche der Darmschleimhaut besiedelt. Die beiden Spezies sind eng verwandt mit zu 83,4 Prozent identischer Genomsequenz. Ihre unterschiedliche Verteilung im Darm zeigt die Nutzung unterschiedlicher Kohlenhydratquellen an: *T. musculus* verwertet fermentierbare Pflanzenfasern aus dem Ballaststoffanteil der Nahrung, während *T. casperi* bevorzugt die Mucine des vom Darmepithel ausgeschiedenen Schleims verwertet. Passend zur Nahrungspräferenz fällt bei *T. casperi* eine hohe Expression Mucin-abbauender Enzyme auf, darunter Galactosidasen und die UDP-Galactose-4-Epimerase, die Galactose in Glucose als nutzbares Energiesubstrat umwandelt.

Beide *Tritrichomonas*-Arten sind konkurrenzstark. Um im Darm von zuvor Tritrichomonaden-freien Mäusen eine stabile Population aufzu-



**ABB. 1** Schema einer Trichomonaden-Zelle mit Zuggeißeln (1), undulierender Membran (2), Kinetosom (3) Zellkern (4), Achsenstab (5) und Schleppgeißel (6). Die Gattung *Tritrichomonas* besitzt nur drei Zuggeißeln. Schema: Johannes Bedenbender, CC BY-SA 2.0, ergänzt.

bauen, genügen jeweils 1000 Zellen einer Art. Das ist bemerkenswert wenig, um sich gegen die Konkurrenz der residenten Mikrobiota durchzusetzen, d. h. die inhärente Kolonialisierungsresistenz der Mikrobiota zu unterlaufen. Beide Tritrichomonaden können sich nicht nur als Neuankömmlinge behaupten, sondern auch bakterielle Konkurrenten verdrängen: Bei Besiedlung mit *T. musculus* nimmt die Zahl der Pflanzenfaserkonsumenten *Bifidobacterium pseudolongum* und *Turricibacter sanguinis* ab, bei Besiedlung mit *T. casperi* die auf Mucine spezialisierte *Akkermansia muciniphila*. Andererseits erwies sich die Spezialisierung von *T. musculus* auf Ballaststoffe als Konkurrenzvermeidung, wie die Behandlung von Mäusen mit Antibiotika zeigte: Wurden die Mucine verwertenden Bacteroidetes und *A. muciniphila* durch Ampicillin ausgeschaltet, konnte sich *T. musculus* auch ohne fermentierbare Pflanzenfasern behaupten, indem sie Mucine verwertete.

### Stimulation von Immunantworten

Die Tritrichomonaden verwerten die Kohlenhydrate durch Succinatgärung (Abbildung 2). Dabei entsteht Succinat letztlich aus Malat durch Fumarase und Fumarat-Reduktase. Dass *T. musculus* das Gärungs-

produkt Succinat ausscheidet, welches die Typ2-Immunantwort (humorale Immunantwort) stimuliert, wurde bereits früher gezeigt. Daraus resultiert eine Vermehrung der Th2-Helferzellen im distalen Dünndarm. Dagegen nimmt bei Besiedelung mit *T. casperi* die Anzahl der GATA3- und CD4-positiven Th2-Helferzellen ab [1]. Diesen gegenläufigen Effekt erklären die Autoren der aktuellen Studie damit, dass *T. casperi* das Gärungsprodukt Succinat nicht aus der Zelle ausscheidet. Im Colon und Caecum stimulieren beide Trichomonaden über einen bislang ungeklärten Mechanismus CD4-positiv Th1-Helferzellen und Th17-Helferzellen, die ihrerseits entzündliche Immunreaktionen fördern. Wenn der Darm ausschließlich mit *T. casperi* besiedelt war, zeigte sich dieser Effekt auch im distalen Dünndarm, während dort bei gleichzeitiger Anwesenheit von *T. musculus* die durch Succinat ausgelöste Typ2-Immunantwort dominierte. Mit dieser Palette von immunstimulierenden Mechanismen können die Trichomonaden den Verlauf von Infektionen oder Entzündungsreaktionen beeinflussen. Dies geschieht unabhängig vom Stoffwechsel bakterieller Mikrobiota, denn die genannten Effekte der Immunstimulation zeigten sich auch bei Besiedlung keimfreier Mäuse mit Trichomonaden.

Die der Immunstimulation zugrunde liegenden Mechanismen sind bislang nur ansatzweise bekannt. Succinat wirkt über den chemosensorischen Rezeptor GPR91 und löst eine Signalkaskade unter Beteiligung des Calciumkanals TRPM5 aus. Die Stimulierung der Typ1-Immunantwort erfordert dagegen ein intaktes Inflammasom mit funktioneller Caspase 1 als Effektor. Die Kenntnis dieser Komponenten ermöglichte es, im Experiment die durch Succinat ausgelösten Effekte selektiv abzuschalten. Bei Mäusen ohne funktionellen TRPM5-Kanal, die nicht auf Succinat reagieren, induzierte *T. musculus* auch im Dünndarm die CD4-positiven Th1-Helferzellen und

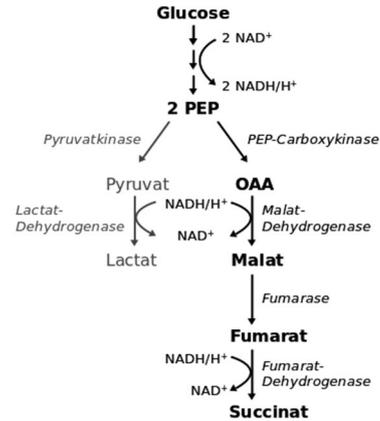
Th17-Helferzellen – d. h. beide Spezies der Trichomonaden haben den gleichen Effekt auf die Typ1-Immunantwort; allerdings wird dieser bei Wildtyp-Mäusen durch den Succinateffekt maskiert.

### Ernährungsbedingte Verarmung der Darmmikrobiota

Auch im menschlichen Darm sind Parabasalia nachweisbar, z. B. *Pentatrichomonas hominis* und *Dientamoeba fragilis*. Eine systematische Untersuchung von Stuhlproben mit für Parabasalia spezifischen genetischen Sonden zeigte jetzt signifikante Unterschiede in Populationen mit unterschiedlichem Lebensstil. Mit bis zu zwölf verschiedenen Spezies – darunter zwei bislang unbekannte – war die Vielfalt der Parabasalia in Jäger-Sammler-Gesellschaften besonders groß. In deren Populationen ließen sich bei mindestens jedem fünften Individuum Parabasalia nachweisen, darunter *T. buttrei* sowie die beiden in Mäusen charakterisierten Trichomonaden. Dagegen wurden nur in vier Prozent der Stuhlproben aus industrialisierten Populationen Parabasalia gefunden und unter diesen dominierte *D. fragilis*. Demnach hat die Industrialisierung zu einer Verarmung der eukaryontischen Darmmikrobiota geführt, wie bereits früher für bakterielle Mikrobiota gezeigt wurde.

Bei Jäger-Sammler-Populationen impliziert die Präsenz von *T. musculus* und *T. casperi* die Möglichkeit immunstimulierender Effekte. Ob Vergleichbares auch bei industrialisierten Populationen zum Tragen kommt, hängt davon ab, welche Vertreter der im Darm angesiedelten Parabasalia Succinat ausscheiden. Aufgrund der engen Verwandtschaft zu den Trichomonaden der Maus erscheint diese Option plausibel, aber nicht zwingend, denn manche Parabasalia betreiben Milchsäuregärung (Abbildung 2). Um diese Frage zu klären, sind weitere Untersuchungen erforderlich.

Im Hinblick auf die beim Menschen festgestellten ernährungsbe-



**ABB. 2 Vereinfachtes Schema des Gärungsstoffwechsels bei Parabasalia unter Berücksichtigung der Umsetzung von Redoxäquivalenten. *T. musculus* und *T. casperi* betreiben Succinatgärung (rechts). Malat-Dehydrogenase und Fumarat-Dehydrogenase regenerieren in der Glycolyse verbrauchte Redoxäquivalente. Bei Milchsäuregärung betreibenden Parabasalia geschieht dies durch die Lactat-Dehydrogenase (links) [3].**

dingten Unterschiede der Besiedelung mit Parabasalia ist ein Experiment mit Mäusen bemerkenswert. Wenn deren Nahrung keine fermentierbaren Pflanzenfasern enthielt und *T. musculus* deshalb Mucine verwertete, unterblieb die Stimulierung der Typ2-Immunantwort. Auf den ersten Blick überrascht dieser Befund, denn auch die Mucine werden durch Succinatgärung abgebaut und die Succinatausscheidung pro Zelle bleibt konstant. Allerdings wird *T. musculus* unter diesen Bedingungen durch konkurrierende Bakterien geschwächt, d. h. die Populationsdichte nimmt ab. Vermutlich reicht bei Mucinverwertung die Zelldichte von *T. musculus* nicht aus, um die für die Immunantwort erforderliche Menge an Succinat zu produzieren. Dieser Befund zeigt einmal mehr die Bedeutung von Ballaststoffen als Nahrungsbestandteil.

### Literatur

- [1] E. R. Gerrick et al. (2024). Cell 187, 62–78.e20.
- [2] I. Čepička et al. (2016). Parabasalia. In: J. Archibald et al. Handbook of the Protozoa. Springer, Cham.
- [3] M. Müller et al. (2012). Microbiol. Mol. Biol. Rev. 76, 444–495.

Annette Hille-Rehfeld, Stuttgart

## ÖKOLOGIE

## Zur Tierwelt an der Hainbuche

Wer mit offenen Augen durch unsere Natur streift, dem sind die im September/Oktober 2023 überaus reich fruchtenden Hainbuchen in städtischen Grünanlagen, an Waldrändern oder in Wäldern sicher aufgefallen. Die Hainbuchen hingen oft so voller Fruchtstände, dass sie fast braun erschienen und eine frühzeitige Herbstfärbung vortäuschten (Abbildung 1). Dem Naturfreund stellt sich die Frage, welche Tierarten können dieses überaus große Nahrungsangebot nutzen? Der folgende Beitrag soll diese Frage etwas näher beleuchten.



ABB. 1 Reich fruktifizierende Hainbuche. Foto: Gregor Aas.

Die Gattung *Carpinus* (Hain- oder Weißbuchen), zu der auch unsere heimische Hain-, Weiß- oder Hagebuche (*Carpinus betulus*) zählt, umfasst auf der Nordhalbkugel circa 35–50 Arten mit Schwerpunkt in China. Systematisch nahe verwandt mit der Gattung *Carpinus* sind die Gattungen *Ostrya* (Hopfenbuche) und *Corylus* (Haselnuss) mit 8–10 bzw. 10–25 Arten. Zusammen mit den Gattungen *Alnus* (Erlen) und *Betula* (Birken) zählen diese Gattungen zur Familie der Birkengewächse (*Betulaceae*) [1, 11]. Ein Vertreter dieser Familie, die Moorbirke (*Betula*



ABB. 2 Das Hainbuchennüsschen wird von einem dreilappigen Hochblatt umgeben. Foto: Gregor Aas.

*pubescens*), war Baum des Jahres 2023.

In Europa kommen zwei Arten der Gattung *Carpinus* vor: unsere heimische Hainbuche, die hauptsächlich in West-, Mittel- und Südeuropa verbreitet ist, und die Orient-Hainbuche (*Carpinus orientalis*), die ihren Verbreitungsschwerpunkt auf dem Balkan, in Südosteuropa und in Vorderasien hat. Die Orient-Hainbuche bleibt im Wuchs hinter der heimischen Hainbuche zurück und erreicht meist nur Höhen um



ABB. 3 Hainbuchenfrüchte auf der Schneeoberfläche. Foto: Norbert Wimmer.

10 m. Ihre Blätter sind deutlich kleiner als die unserer Hainbuche. Die Frucht besitzt kein dreilappiges, sondern ein eiförmiges, grob gesägtes Hochblatt.

Im Reifezustand fallen bei der Hainbuche die herabhängenden Fruchtstände auf. Die eigentliche Frucht – ein Nüsschen – wird von einem dreilappigen Tragblatt umschlossen, das mit ihr abfällt und als Flugorgan dient (Abbildung 2). Diese Hainbuchenfrüchte gehören zum „Schraubenfliegertyp“ unter den flugfähigen Baumfrüchten. Die Hainbuche bedient sich – wie die meisten der heimischen Baumarten – des Windes zur Ausbreitung ihrer Früchte [2].

Die Hainbuche (*Carpinus betulus*) produziert jährlich eine große Anzahl von Samen, die sehr lange am Baum – zum Teil bis ins nächste Frühjahr – hängen bleiben (sog. Wintersteher). In einem Mastjahr kann man bei einer mittelalten Hainbuche mit 10–12 kg Hainbuchennüsschen rechnen [3]. Das Tausendkorngewicht liegt um 35–50 Gramm (zum Vergleich: Weißtanne 44 g, Esche 59 g, Ahorn 125 g). Ein Teil der Früchte fällt im Winter ab und liegt dann auf der Schneefläche (Abbildung 3). Die Nüsschen stehen damit samenfressenden Tierarten lange zur Verfügung.

### Hainbuche und Vogelwelt

Trotzdem nutzen nur wenige Vogelarten diese hartschalige Nahrungsquelle. Aus der Vogelwelt ist es besonders der Kernbeißer (*Coc-*

*cotbraustes coccothraustes*), der die Hainbuchennüsschen als Nahrung annimmt. Mit einer Größe von 18 cm und einem Gewicht von 60 g ist der Kernbeißer der größte einheimische Finkenvogel (Abbildung 4). Trotz seiner Größe und seines charakteristischen Aussehens ist er im Wald sehr leicht zu übersehen, da er sehr scheu und versteckt lebt. Der Kernbeißer verrät sich oft durch seinen kurzen und metallischen Ruf „Zick-Zick“ oder durch das knackende Geräusch beim Öffnen von hart-schaligen Nüsschen und Kernen [4]. In seiner Kernbeißer-Monographie schreibt KRÜGER 1982:

„Der Kernbeißer gehört aufgrund seiner kräftigen Gestalt und seines großen Schnabels zu den auffälligsten Finkenvögeln. Er bewegt sich sonst unauffällig, heimlich und durch seinen leisen, nicht revierbestimmenden Gesang wird er kaum beachtet und wenig beobachtet.“

Bereits mit der Reifezeit der Hainbuchennüsschen ab Ende August, über den Herbst und Winter bis zum März und April des nächsten Jahres spielen Hainbuchennüsschen in der Ernährung des Kernbeißers eine große Rolle. In der Krone der Hainbuche wird der Samen von den Fruchständen mit dem Schnabel abgerissen oder abgelesen und auf



**ABB. 4 Der Kernbeißer zeigt im Winter einen horngelben Schnabel.**  
Foto: Norbert Wimmer.

einem Ast sitzend verzehrt. Innerhalb einer Minute kann der Kernbeißer drei bis sechs Hainbuchennüsschen enthülsen und verzehren. Fütterungsversuche ergaben, dass Kernbeißer täglich im Durchschnitt 260 Samen der Hainbuche als Nahrung aufnehmen können [4]. Im Spätsommer befliegen die Kernbeißer vielfach die Hainbuchenbestände und auch die Gemeine Traubekirsche (*Prunus padus*), wo sie die Steine der grünen Früchte knacken. Im Herbst ernähren sich die Kernbeißer ausschließlich von Samen der Hainbuche, Buchen und des Feldahorns. Herabgefallene Steine der Kirschen werden aber auch noch genommen. Der Kernbeißer sucht seine Nahrung während des größten Teils des Jahres in den Kronen der Bäume. Vor allem im Winter liest er jedoch auch abgefallene Samen und Hainbuchennüsschen vom Boden auf [5]. Bekannt ist dagegen, dass der Kernbeißer auch die Samen von Ahorn und Buche sowie Kirsch- und Pflaumenkerne verzehrt. Durch seinen kräftigen Schnabel ist er in der Lage, selbst die Kerne von Steinobst zu knacken. Dabei muss er beim Brechen von Kirschkernen im Schnabel eine Kraft von 27 bis 43 kg aufbringen [5].

Beim Kernbeißer wurde in verschiedenen Jahren während der Brutzeit in Buchenwäldern der Schwäbischen Alb festgestellt, dass ein Teil der Nahrung von Jung- und Altvögeln auch aus der Krautschicht des Laubwaldes stammt. Die Samen des Wald-Bingelkrauts (*Mercurialis perennis*) spielen dabei eine erhebliche

che Rolle. Die Samen werden im Rüttelflug von der Stauden gerissen [6]. Auch Ölsaaten wie z. B. Raps-samen werden vom Kernbeißer als Nahrung aufgenommen. Die Raps-schoten werden von der Pflanze abgelesen und dann mit dem Schnabel zerrissen [7]. Wegen seiner Bevorzugung von Hainbuchennüsschen als Nahrung über einen langen Zeitraum des Jahres besitzt der Kernbeißer seine höchsten Siedlungsdichten in Eichen-Hainbuchenwäldern. Hier konnten Dichten bis zu 3,5 Brutpaaren pro 10 ha ermittelt werden. Auch als Niststandort wird die Hainbuche vom Kernbeißer gerne angenommen. Allerdings nistet er auch gerne in Pappeln, Birken, Kiefern, Eichen, Linden oder in Weißdornsträuchern. Seine Nester baut diese Finkenart in relativ niedriger Höhe, meist 1–4 m über dem Erdboden. Interessant ist auch, dass sich die Verbreitungsgebiete des Kernbeißers und der Gattung *Carpinus* in Europa sehr ähneln [8].

Neben dem Kernbeißer ist es vor allem der Grünling (*Carduelis chloris*), der die Früchte der Hainbuche gerne verzehrt [4, 9]. Er sammelt auch die abgefallenen Hainbuchennüsschen vom Boden auf [4]. Von den anderen Vogelarten sind noch Kleiber, Gimpel, Fichtenkreuzschnabel, Kohlmeise, Bunt- und Mittelspecht, Eichelhäher und Fasan zu erwähnen, die ab und zu Hainbuchennüsschen als Nahrung aufnehmen [10, 11]. Der Kleiber (*Sitta europaea*) nutzt in Zeiten großen Nahrungsangebotes die Hainbuchennüsschen, um sie in Spalten und Ritzen – vor allem in tiefrissiger Borke – von Bäumen zu verstecken. Auch die tiefen Rindenspalten liegenden Totholzes nutzt er für diese Versteck-tätigkeit. Ist der Vermorschungs- und Zersetzungsgrad des Holzes so weit fortgeschritten, dass sich genügend Feuchtigkeit im Holzkörper halten kann, können die Hainbuchennüsschen dort keimen und weiterwachsen, und so entstehen oftmals auffällige Reihen von Hainbuchenkeimlingen auf mächtigen Totholzrollen.

#### STECKBRIEF DER HAINBUCHEN (*CARPINUS BETULUS*)

**Systematik:** Familie Birkengewächse (Betulaceae)

**Verbreitung:** West-, Mittel- und Osteuropa, Kleinasien bis Kaukasien

**Standortansprüche:** frische bis mäßig trockene, nährstoffreiche, auch kalkreiche Standorte; kann strenge Tonböden erschließen, vom Tiefland bis in mittlere Berglagen

**Wuchshöhe:** bis 25 m, Stammquerschnitt oft sehr unregelmäßig (spannrückig)

**Wuchsverhalten:** langsamwüchsig, Halbschattolzart

**Nutzung:** hartes und schweres Holz (Hagebuchen), wichtiger Begleiter der Eichen v. a. in planarer und colliner Lage, schlägt sehr gut aus dem Stock aus (Mittelwaldwirtschaft), schnittverträglich (Hecken)

**Frucht und Ausbreitung:** Nüsschen mit dreilappigem Tragblatt, hauptsächlich Windverbreitung

## Lebensraum für Wirbellose

Im Vergleich mit den anderen einheimischen Baumarten ist die Hainbuche bei phytophagen Insekten- und Milbenarten weniger beliebt als z. B. Eiche und Buche. In der Gesamtartenzahl aller phytophagen Insekten und Milbenarten an einheimischen Baumarten nimmt die Gattung der Weiden (*Salix*) mit 728 Arten den Spitzenplatz ein. Dicht gefolgt von der Gattung *Quercus*, die mit zwei heimischen Eichenarten bei uns vertreten ist, auf denen 699 Arten nachgewiesen wurden. Die weiteren artenreichsten Baumgattungen sind *Betula* (499) *Populus* (470) und *Prunus* (436), was die hohe tierökologische Bedeutung gerade unserer Pionierbaumarten Salweide, Sandbirke und Aspe belegt. Die Buche führt mit 275 Arten das zweite Drittel der Baumarten vor Weißdorn (273) und Hasel (259) an. Sie liegt damit in der Artenzahl Phytophager vor den Edellaubbaumarten Ulmen (237), Ahorne (210) und Linden (207). Die Hainbuche befindet sich mit 158 nachgewiesenen phytophagen Arten im letzten Drittel der heimischen Baumarten, zusammen mit Weißtanne (165) und Esche (145). Schlusslichter bilden Stechpalme (12) und Eibe (9) [12]. Die Hainbuche weist auch deutlich weniger phytophage Arten auf als die bei Insekten beliebten und mit ihr näher verwandten Baumarten Birken, Erlen oder Hasel.

So nutzt keine der rund 500 mitteleuropäischen Blattkäferarten die Hainbuche. Auch bei den Rüssel- und Bockkäfern sind nur wenige oligophage Arten an Hainbuche zu finden. Von den Großschmetterlingsarten ist der Kleine Asselspinner (*Heterogenea asella*) ziemlich eng an die Hainbuche gebunden. Die Raupen dieser Art können aber auch auf anderen Laubbaumarten wie z. B. Buche gefunden werden. Der eher polyphage Kleine Frostspanner (*Operophtera brumata*) tritt gerne an der Hainbuche auf und kann dann auch Kahlfraß verursachen. Der Buchen-Rot-schwanz oder Buchen-Streckfuß



**ABB. 5** Raupe des Buchen-Rot-schwanzes (*Calliteara pudibunda*) mit dem namensgebenden roten Haarbüschel am Körperende. Foto: Siegfried Braun.

(*Calliteara pudibunda*) kommt, neben der Buche, auch an Hainbuchen vor. Die farbenprächtige Raupe dieser Art ist sehr auffällig und wegen ihres roten Haarpinsels am Körperende auch namensgebend (Abbildung 5). Aktuell konnte im Raum München der seltene Hainbuchen-Trugfalter (*Paracrania chrysolepidella*) an mehreren Örtlichkeiten nachgewiesen werden. Die Larve dieses Schmetterlings miniert in typischer Weise in Hainbuchen- und auch in Haselnuss-Blättern [13].

Unter den Kleinschmetterlingen leben vier Arten monophag an der Hainbuche. Die Raupen der Blatttüttenmotte (*Parornix carpinella*) minieren zuerst im Blatt und befressen in den älteren Larvenstadien das Blatt in einem umgeschlagenen Blattrand. Die Raupe der Zwergminiermotten-Art *Stigmella carpinella* entwickeln sich im Hainbuchenblatt, wo die Raupe einen geschlängelten Gang zwischen den Epidermisschichten (Gangmine) ausfrisst. Daneben treten noch die zwei Blatttüttenzermotten-Arten *Phyllonorycter tenerella* und *Phyllonorycter esperella*, die am Aussehen ihrer Minen unterschieden werden können, an Hainbuchen auf [13].

## Fazit

Auch wenn die Hainbuche im Vergleich zu anderen heimischen Baumarten deutlich weniger phytophage Insektenarten aufweist, so spielt sie gerade in Mastjahren eine große Rolle bei der Ernährung des Kern-

beißers, der im Wesentlichen auf Hainbuchennüsschen angewiesen ist.

Außerdem ist die Hainbuche der wichtigste Begleiter der Eichen – zusammen mit Winterlinde und Feldahorn – in den Eichenmischwäldern der planaren und collinen Lagen. Auch im Klimawandel wird ihr eine Zukunft als wärme- und trockenheitstolerante Baumart zugesagt.

## Literatur

- [1] O. Schmidt (1996). Zur Dendrologie der Gattung *Carpinus*, in: Beiträge zur Hainbuche, LWF-Wissen Nr. 12, Bay. Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, 76.
- [2] U. Hecker (1981). Windverbreitung bei Gehölzen. Mittlg. d. Deut. Dendrolog. Ges. 72, 73–92.
- [3] R. Pfeifer, O. Schmidt (2022). Singvögel im Wald. AULA-Verlag, 271.
- [4] H. Blümel (1983). Der Grünling. Die Neue Brehm-Bücherei, Ziemsen-Verlag, Wittenberg Lutherstadt, 74 S.
- [5] G. Krüger (1982). Der Kernbeißer. Neue Brehm-Bücherei, Ziemsen-Verlag, Wittenberg-Lutherstadt, 108.
- [6] W. Gatter (1986). Notizen zu Brutzeitnahrung und Verhalten von Kernbeißern. Orn. Jh. Bad.-Württ. 2, Heft 2, 88–89.
- [7] A.-M. Ackermann (2012). Nachbrutzeitliche Truppbildung beim Kernbeißer bereits Anfang Juni. Ornithol. Jh. Bad.-Württ. 28, Heft 1.
- [8] O. Schmidt (1996). Hainbuche und Vogelwelt, in: Beiträge zur Hainbuche, LWF-Wissen, 55–57.
- [9] H.-G. Peglow (1996). Hainbuchennüsschen als Grünlingsnahrung. Ornithologische Mitteilungen, 70.
- [10] W. Radermacher (1983). Welche Vogelarten essen Samen der Hainbuche? Ornithologische Mitteilungen 35, 321–322.
- [11] F. Turcek (1961). Ökologische Beziehungen der Vögel und Gehölze. Slowak. Akademie d. Wiss., Bratislava, 330.
- [12] M. Brändle, R. Brandl (2001). Species richness of insects and mites on trees: expanding Southwood. Journal of Animal Ecology 70, 491–504.
- [13] B. Morawietz, A. v. Scholley-Pfab (2024). Erstfunde des Hainbuchen-Trugfalters *Paracrania chrysolepidella* (ZELLER, 1851) im Raum München. NachrBl. Bayer. Ent. 73 (1/2), 16–22.
- [14] H. Kolbeck (1996). Insekten auf der Hainbuche, in: Beiträge zur Hainbuche, LWF-Wissen Nr. 12, Bay. Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft, 58–59.

Olaf Schmidt, München

## ÖKOLOGIE

## Die Große Erdhummel – eine kryptische Charakterart großer Heidelandschaften

Weil die Bestimmung von Erdhummeln im Feld in vielen Fällen nicht sicher gelingt, wird die Große Erdhummel (*Bombus magnus*) in der Literatur oft eher zurückhaltend behandelt. Bei näherer Betrachtung in ausgedehnten Heidegebieten im nördlichen Brandenburg hat sie sich jedoch als wertgebende Art dieser Lebensräume erwiesen. Ihre Identifizierung ist an Hand von Individuen mit guter Merkmalsausprägung sogar leicht möglich, so dass es sich auch bei der Bewertung von Schutzgebieten sehr lohnt, auf diese prächtig gefärbte Art zu achten.



**ABB. 1** Königin der Großen Erdhummel (*Bombus magnus*) an Heidelbeerblüten. Gut erkennbar ist der breite, weit unter den Flügelansatz reichende hellgelbe Kragen (Kyritz-Ruppiner Heide, 27.4.2023). Alle Fotos: H. Petrischak.

Vier Erdhummelarten sind in Mitteleuropa heimisch: neben der Großen die Dunkle Erdhummel (*Bombus terrestris*) sowie die Helle Erdhummel (*B. lucorum*) und die Kryptarum-Erdhummel (*B. cryptarum*). Allen ist die folgende Färbung gemeinsam: Die Grundfarbe ist schwarz. Direkt hinter dem Kopf erstreckt sich ein gelber Kragen quer über den Brustabschnitt (Thorax), auch die Oberseite (Tergit) des 2. Hinterleibssegments ist gelb behaart. Ab dem 4. Segment ist der Hinterleib weiß behaart.

Dieses grundlegende Farbmuster ist den meisten Menschen auch ohne Spezialkenntnisse sehr vertraut, denn Dunkle und Helle Erdhummel sind häufige und weit verbreitete Arten, die als Ubiquisten regelmäßig in Gärten vorkommen und kaum Präferenzen beim Blütenbesuch

erkennen lassen. Im zeitigen Frühjahr, spätestens ab März, suchen die Königinnen nach Nistplätzen. Insbesondere unterirdische Nester von Mäusen und anderen Kleinsäugetern sind bei ihnen sehr beliebt, um dort ihre kugeligen Waben aus Wachs zu formen und ein Sommervolk zu gründen, das mit bis zu 600 Arbeiterinnen im Hochsommer recht groß werden kann. Ab Juli schlüpfen Geschlechtstiere, also Jungköniginnen und Männchen [1]. Männchen sind an den längeren, gebogenen Fühlern und einer kräftigen Gesichtsbehaarung zu erkennen.

### Erdhummeln – im Feld unbestimmbar!?

Die Bestimmung der Erdhummeln nach Unterschieden im Farbmuster gilt gemeinhin als unzuverlässig, bei den Arbeiterinnen oft sogar als unmöglich. Nur die Betrachtung präparierter Tiere unter dem Binokular hilft hier weiter; wichtig sind zum Beispiel die Feinstrukturen der Oberlippe (Labrum) und des 2. Tergits [2]. Große und Kryptarum-Erdhummel gelten wegen ihrer schwierigen Unterscheidbarkeit und verwandtschaftlichen Nähe zur Hellen Erdhummel sogar als kryptische Arten mit unklarer Datenlage [3].

Allerdings ist immerhin die Bestimmung der Erdhummel-Königinnen mit etwas Übung möglich: Der dunkelgelbe bis bräunliche Kragen der Dunklen Erdhummel ist schmal und endet seitlich auf der Höhe der Flügelansätze. Bei der Hellen Erd-

hummel ist er hellgelb und breit, endet aber ebenfalls etwa in Höhe der Flügelansätze. Bei der Kryptarum-Erdhummel reicht der gelbe Kragen seitlich unter die Flügelansätze hinab, wird hier aber auf beiden Seiten jeweils von einer schwarzen, s-förmigen Linie durchbrochen. Bei der Großen Erdhummel zieht sich der hellgelbe, breite Kragen weit bis unter die Flügelansätze und verbreitert sich hier noch einmal deutlich (Abbildung 1). Bevor die Arbeiterinnen geschlüpft sind, kann man im Frühjahr die Arten also recht gut dokumentieren. Erdhummeln unterliegen einer recht hohen Variabilität, so dass die Ausprägung dieser Merkmale zwar statistisch signifikant zugeordnet werden kann, es aber Überlappungsbereiche gibt. So sind in Einzelfällen Fehlbestimmungen nicht auszuschließen, wie genetische Untersuchungen gezeigt haben [4]. Daher ist es an einem Fundort für eine sichere Ansprache der Art hilfreich, mehrere Individuen mit klarer Merkmalsausprägung nachzuweisen.

### Heidelbeere und Heide als wichtige Ressourcen

Der Verbreitungsschwerpunkt der Großen Erdhummel liegt in den atlantisch geprägten Regionen West-, Mittel- und Nordeuropas, wo sie typischerweise in Moor- und Heidegebieten fliegt. Obwohl die Art auch an anderen Gattungen wie Klee (*Trifolium*) und Wachtelweizen (*Melampyrum*) Pollen und Nektar sammelt, ist ihre Präferenz für Heidekrautgewächse (*Ericaceae*) stark ausgeprägt. Eine besondere Rolle spielen die Gattungen *Erica*, *Vaccinium* und *Calluna*. Sie ist oft in Feuchtheiden mit Glockenheide (*Erica tetralix*) zu finden [2]. In Deutschland gilt die Große Erdhummel als selten [1]. In der Roten Liste der Bienen Deutschlands wird sie in der Kategorie D (Daten unzureichend) geführt [5].

Im nördlichen Brandenburg konnte die Große Erdhummel in den Jahren 2022 und 2023 in Siel-



**ABB. 2** Blühende Heidelbeeren (*Vaccinium myrtillus*) im Wald der Kyritz-Ruppiner Heide (27.4.2023).

manns Naturlandschaften Kyritz-Ruppiner Heide und Tangersdorfer Heide beobachtet werden. Beide Gebiete liegen auf ehemaligen Truppenübungsplätzen [6] und umfassen große Flächen, die mit Besenheide (*Calluna vulgaris*) bewachsen sind, sowie ausgedehnte Kiefern- und Mischwälder mit nahezu geschlossenem Unterwuchs von Heidelbeeren (*Vaccinium myrtillus*, Abbildung 2). Zur Hauptblütezeit der Heidelbeere Ende April 2023 suchten in diesen Waldbereichen Königinnen stellenweise in auffallend großer Zahl die Blüten auf, um Nektar zu trinken. Außerdem flogen sie im Wald und auch in angrenzenden Offenlandbereichen nestsuchend dicht über den Boden und inspizierten Mauselöcher (Abbildung 3). Nur wenige Königinnen sammelten zu



**ABB. 3** Nestsuchende Königin der Großen Erdhummel am Boden der Kyritz-Ruppiner Heide (27.4.2023).



**ABB. 4** Blühende Besenheide (*Calluna vulgaris*) in der Kyritz-Ruppiner Heide (23.8.2023).

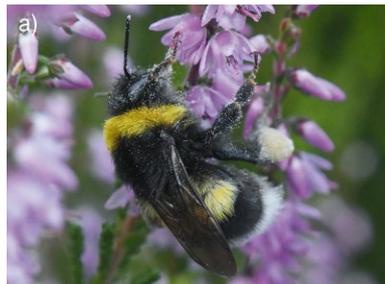
dieser Zeit schon den weißen Heidelbeerpollen, hatten also bereits mit der Versorgung eines Nestes begonnen. Auffällig war, dass sie auf unvorsichtige Annäherung sofort mit Flucht reagierten. Sowohl der im Vergleich zu den anderen Erdhummeln jahreszeitlich späte Beginn der Aktivitäten als auch das scheue Verhalten scheinen charakteristisch zu sein [7].

Zur Blütezeit der Besenheide (Abbildung 4) im August und September konnten auch die Arbeiterinnen nachgewiesen werden, denn einzelne Arbeiterinnen der Großen Erdhummel zeigen ein besonderes Merkmal, das sie von allen anderen in Deutschland heimischen Erdhummeln unterscheidet: Sie sind nicht nur auf dem zweiten, sondern auch auf dem ersten Tergit ausgedehnt

gelb behaart (Abbildungen 5); bei einigen Exemplaren sind sogar am Scutellum (Schildchen; am Hinterrand des Thorax) gelbe Haare zu erkennen (Abbildung 5b) [2, 8].

### Prächtige Männchen mit später Flugzeit

Noch deutlicher sind diese Merkmale bei den Männchen ausgeprägt (Abbildung 6): Der Hinterleib ist auf den ersten beiden Tergiten leuchtend gelb behaart, und das Scutellum zeigt einen deutlichen Saum von gelben Haaren [2]. Außerdem läuft der hellgelbe Kragen seitlich weit herab und wird hier von besonders langen Haaren geformt. Auf dem Gesichtsschild befindet sich ein gelbes Haarbüschel, eingefasst von schwarzen Haaren (Abbildung 7). Insgesamt wirken die Männchen im



**ABB. 5** Pollensammelnde Arbeiterinnen der Großen Erdhummel in der Kyritz-Ruppiner Heide. Deutlich ist bei beiden Exemplaren eine gelbe Behaarung auf dem 1. Tergit (Oberseite des 1. Hinterleibssegments) sichtbar (Foto a: 23.8.2023, Foto b: 7.9.2023).



**ABB. 6** Typisch kontrastreich gefärbtes Männchen der Großen Erdhummel in der Tangersdorfer Heide (9.9.2022).



**ABB. 7** Porträt eines Männchens der Großen Erdhummel mit „dezent“ gelber Gesichtsbehaarung (Kyritz-Ruppiner Heide, 7.9.2023).



**ABB. 8** Zum Vergleich ein charakteristisch gefärbtes Männchen der Hellen Erdhummel (*Bombus lucorum*) mit gelb-grauer Behaarung (Döberitzer Heide, 4.8.2018).

Vergleich zu anderen Erdhummeln sehr kontrastreich und farbenfroh. Sie sind lediglich mit dunkleren Männchen der Hellen Erdhummel zu verwechseln. Diese tragen aber im Normalfall auf den schwarzen Körperpartien graue Haarspitzen [2], so dass sie insgesamt eher einen verwaschen grau-gelben Eindruck machen (Abbildung 8). Außerdem ist ihr Gesicht meist ausgedehnter gelb behaart. Wichtig ist außerdem die Flugzeit: Die Männchen der Hellen Erdhummel fliegen im Juli und August [1]. Männchen der Großen Erdhummel wurden erst Anfang September zahlreich an den Blüten der Besenheide beobachtet.

Für die Große Erdhummel scheint also zumindest in Brandenburg die Kombination von heidelbeerreichen Waldgebieten für die Nestgründungsphase im Frühjahr mit ausgedehnten Beständen der

Besenheide für den Entwicklungshöhepunkt ihrer Völker im Spätsommer von großer Bedeutung zu sein. Sie profitiert wie die hier ebenfalls beobachtete, deutschlandweit gefährdete Heidehummel (*Bombus jonellus*) vom Erhalt der Heide Landschaften. Auch wenn die Bestimmung einzelner Erdhummeln im Feld mit Unsicherheiten behaftet ist, lassen sich individuenstarke Vorkommen der Großen Erdhummel anhand der beschriebenen Merkmale und Flugzeiten belegen. Sie sollte daher als Indikator- und Zielart von Maßnahmen zum Erhalt von Heidegebieten Beachtung finden.

#### Literatur

- [1] E. von Hagen, A. Aichhorn (2014). Hummeln – bestimmen, ansiedeln, vermehren, schützen. 6. Aufl., Fauna Verlag, Nottuln.
- [2] P. Rasmont, G. Ghisbain, M. Terzo (2021). Bumblebees of Europe and neighbouring regions. N.A.P Editions, Verrière-le-Buisson (F).

- [3] P. Westrich (2018). Die Wildbienen Deutschlands. Eugen Ulmer, Stuttgart.
- [4] J. C. Carolan et al. (2012). Colour patterns do not diagnose species: Quantitative evaluation of a DNA barcoded cryptic bumblebee complex. PLoS ONE 7(1), e29251, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0029251>
- [5] P. Westrich et al. (2011). Rote Liste und Gesamtartenliste der Bienen (Hymenoptera, Apidae) Deutschlands. Naturschutz und Biologische Vielfalt 70 (3), 373-416.
- [6] H. Petrischak (2019). Expedition Artenvielfalt. Oekom, München.
- [7] A. Bertsch, H. Schweer, A. Titze (2004). Discrimination of the bumblebee species *Bombus lucorum*, *B. cryptarum* and *B. magnus* by morphological characters and male labial gland secretions. Beiträge zur Entomologie 54 (2), 365-386, <https://doi.org/10.21248/contrib.entomol.54.2.365-386>
- [8] P. Rasmont (1984). Les bourdons du genre *Bombus* Latreille sensu stricto en Europe Occidentale et Centrale. Spixiana 7 (2), 135-160.

Hannes Petrischak, Heinz Sielmann Stiftung, [hannes.petrischak@sielmann-stiftung.de](mailto:hannes.petrischak@sielmann-stiftung.de)

Ein herzlicher Dank für hilfreiche Hinweise gilt Dr. Christoph Saure und Dr. Jörg Müller.

## PALÄONTOLOGIE

### Der Tod der Riesenaffen

*Zu Beginn des Quartärs besiedelten Riesenaffen die Wälder Südostasiens. Doch als das Klima trockener und saisonaler wurde, so dass sich die Wälder zurückzogen, fanden die Tiere nicht mehr genug geeignete Nahrung und starben schließlich aus.*

Im Jahr 1935 entdeckte der deutsche Paläontologe Gustav von Koenigswald in einer Hongkonger Apotheke einen „Drachenzahn“, der zu Pulver zer-

rieben und als Heilmittel eingesetzt werden sollte. Glücklicherweise erkannte er, dass es sich dabei um ein Primatenfossil handelte: Der

Blacksche Riesenaffe (*Gigantopithecus blacki*, Abbildung 1) war mit einer geschätzten aufrechten Körpergröße von bis zu 3 Metern und einem Gewicht von bis zu 300 kg wahrscheinlich der größte Primat, der je auf der Erde gelebt hat. In der Zeitspanne von vor 2,2 Mio. bis vor mindestens 330.000 Jahren besiedelte er zusammen mit den elefantenähnlichen Gattungen *Sinomastodon* und *Stegodon* sowie verschiedenen anderen Affenarten und Pandas (*Ai-*

*Ailuropoda*) das (sub-)tropische Südostasien. Bis heute ist der Fossilbestand dieses Affen sehr spärlich: Lediglich vier Unterkiefer und fast 2000 Zähne sind bekannt. Relativ große Unsicherheit besteht außerdem bei der Datierung der Funde, da bei nur wenigen der Fundstellen das Alter mit mehr als einer Methode ermittelt wurde. Erkennbar ist aber, dass im Laufe der Zeit die Backenzähne an Größe und Komplexität zunahmten, was darauf hinweist, dass ökologische Veränderungen zu einer anderen Ernährungsweise geführt haben könnten. Wahrscheinlich waren die Tiere Pflanzenfresser, die sich von Früchten, aber auch von faserigem und schwer zu kauendem Material ernährten.

Gegen Ende der Daseinsperiode von *Gigantopithecus blacki* erfuhr sein Verbreitungsgebiet eine drastische Reduktion auf die Guangxi-Provinz im heutigen China. Um die Gründe für diesen Rückgang zu untersuchen, haben Yingqi Zhang et al. jetzt 22 Höhlen miteinander verglichen, die entweder Überreste des Riesenaffen enthielten oder nicht [1]. Dabei kamen sechs unterschiedliche Datierungstechniken für die Sedimente, die insgesamt eine Zeitperiode von vor 2.300.000 Jahren bis vor 49.000 abdecken, zum Einsatz. Mit Hilfe von Pollen, Holzkohle, Fossilien und Isotopenanalysen wurde die damalige Umwelt der jeweiligen Höhlen untersucht. Außerdem wurden die Zähne von *G. blacki* und des eng verwandten, Chinesischen Orang-Utans (*Pongo weidenreichii*), der bis vor rund 60.000 Jahren überlebt hat, hinsichtlich der Isotopenzusammensetzung, der Spurenelemente und der Verschleißspuren miteinander verglichen, um Hinweise auf Veränderungen in der Nahrungszusammensetzung und des Verhaltens während der Aussterbepériode zu finden.

### Verlust des Lebensraums

In der Zeit von vor 2.300.000 bis vor 700.000 Jahren wurde die Land-



schaft von Wäldern aus Kiefern- und Buchengewächsen, in die kleine Lichtungen aus Grasland eingebettet waren, dominiert (Waldphase). Während dieser Phase ging es den Riesenaffen meistens recht gut. Vorübergehend nahm allerdings der Anteil des Offenlandes zu, um dann wieder abzunehmen. Auf diese Änderung im Landschaftsbild folgte zeitverzögert ein vorübergehender Rückgang der Riesenaffen im Vergleich zu den Orang-Utans. Vor etwa 700.000 Jahren begann dann eine Übergangsphase: Die Wälder bekamen größere Lücken und der Anteil an Offenland nahm zu, bis schließlich vor etwa 200.000 Jahren relativ plötzlich die Wälder fast ganz verschwunden waren und Gräser, Kräuter und Sträucher (*Podocarpus* und *Moraceae*: im Originalartikel fälschlich als „Farne“ bezeichnet) das Landschaftsbild bestimmten. Zu diesem Zeitpunkt nahm auch die Holzkohle stark zu, was auf das vermehrte Auftreten von Bränden hindeutet. Ursache für das sich ändernde Landschaftsbild war wahrscheinlich ein zunehmend saisonales Klima mit regelmäßigen Wechseln zwischen Trocken- und Regenzeiten. Die Tierwelt wurde während der Waldphase – abgesehen von den Riesenaffen – von Pandas (*Ailuropoda microta*), dem Pavianartigen *Procynocephalus*, den bereits erwähnten Elefanten-ähnlichen *Sinomastodon* und *Stegodon*, dem Paarhufer *Hesperotherium* und dem Paarhufer *Hipopotamodon* dominiert. In der Übergangsphase nahmen dann die Riesenaffen kontinuierlich ab und *Ailuropoda baconi*,

*Stegodon* und Elefanten (*Elephas*) beherrschten die Fauna. Die Aussterbephase der Riesenaffen begann vor 295.000 Jahren und endete spätestens vor 215.000 Jahren; *G. blacki* existierte aber noch vor mindestens 255.000 Jahren. In der Waldphase standen den Riesenaffen ein sehr vielfältiges Nahrungsangebot und immer ausreichend Wasser zur Verfügung.

Als dann das Klima wechselhafter wurde, änderte sich auch die Zusammensetzung der Flora, so dass viele bisher genutzte, hochwertige Nahrungsquellen wie etwa Früchte wegfielen. Auf der Suche nach geeigneter Nahrung zogen sich die Riesenaffen daher wahrscheinlich in die noch verbliebenen Wälder zurück, wo sie aber nicht mehr ein so reiches Nahrungsspektrum fanden wie früher. Außerdem dürfte ihnen nicht ganzjährig ausreichend Wasser zur Verfügung gestanden haben. Sie gerieten somit immer mehr unter Stress, ganz im Gegensatz zu den Orang-Utans, die auch mit dem Offenland gut zurechtkamen, da sie flexibler waren und sich besser an die minderwertigere Ersatznahrung anpassen konnten. Eine Rolle mag dabei auch die Größe der Riesenaffen gespielt haben, die einen hohen Nahrungsbedarf bedingte, sie weniger mobil machte und zu einem Leben am Boden zwang. Die Orang-Utans hingegen lebten auf den Bäumen, wo sie sich schnell fortbewegen konnten. Wasser können sie dabei direkt von den Blattoberflächen aufnehmen, während die Riesenaffen zum Trinken in die Flussniederungen hinabsteigen mussten. Als besonders große Tiere hatten die Riesenaffen darüber hinaus vermutlich eine kleinere Populationsgröße und brauchten länger, um erwachsen zu werden, was ihre Reproduktionsrate verringerte.

### Literatur

[1] Y. Zhang et al. (2024). *Nature* 625, 535–539.

Johannes Sander, Halver

**ABB. 1** Rekonstruktion von *Gigantopithecus blacki*. Foto: Concanvator über Wikipedia, CC BY-SA 4.0.

## BILDUNG

## Draußenunterricht am Beispiel Heidelberg: Eine lohnende Unterrichtsform?

*Draußenunterricht im Sinne von regelmäßigem Unterricht in der naturnahen Schulumgebung hat eine lange Tradition im Fach Biologie. Biologieunterricht findet jedoch nach wie vor zum größten Teil im Klassenzimmer oder in Fachräumen statt. Lohnt es sich, den Biologieunterricht – ggf. auch in fächerverbindender Weise – häufiger nach draußen zu verlagern? Der vorliegende Beitrag stellt das Heidelberger Outdoor-Education-Konzept an einem Gymnasium vor und skizziert einige Ergebnisse aus der umfangreichen Begleitforschung. Die Ergebnisse weisen darauf hin, dass regelmäßiger Unterricht in der naturnahen Schulumgebung beispielsweise die Bewegungsaktivität, die Lernmotivation und die Stressresilienz der Lernenden steigern kann. Eine breitere Implementierung vergleichbarer Unterrichtsformen und weitere empirische Untersuchungen wären wünschenswert.*



**ABB. 1** Schülerinnen bilden im Rahmen des HDOEK die naturräumliche Gliederung Baden-Württembergs mit Naturmaterialien nach. Foto: Jakob von Au.

Johann Matthäus Bechstein (1757–1822), Emil Adolf Roßmäßler (1806–1905), Friedrich Junge (1832–1905), Cornel Schmitt (1874–1958) und viele andere haben schon in den

Anfängen des modernen Schulwesens in Deutschland für mehr Draußenunterricht<sup>1</sup>, insbesondere im Fach Biologie, appelliert. Sie argumentierten unter anderem damit,

<sup>1</sup> Mit Draußenunterricht (im Englischen hat sich im letzten Jahrzehnt der Begriff „Education Outside the Classroom (EOTC) für dieses Forschungsfeld etabliert) werden im Folgenden Unterrichtsformen bezeichnet, die (1) regelmäßig (mindestens zweiwöchentlich) in der naturnahen Schulumgebung stattfinden, die (2) an den Bildungsplaninhalten orientiert sind und für die (3) Lernortauthentizität vorliegt (d. h., dass ein Zusammenhang zwischen Lernort und Lerninhalt gegeben ist).

dass Unterricht in authentischer Lernumgebung das Lernen durch Anschaulichkeit erleichtere, dass das Lerninteresse verstärkt werde und dass das Lernen über verschiedene Sinneskanäle zu nachhaltigeren Lernergebnissen führe. Eine weitere Hoffnung, die beispielsweise Cornel Schmitt mit Draußenunterricht verband, war eine gesteigerte Wertschätzung von Natur, die in naturfreundlichem Verhalten resultierte. Ähnliche Hoffnungen werden heute offenbar im Zusammenhang mit *Education for Sustainable Development* (ESD; Bildung für nachhaltige Entwicklung; BNE) in Verbindung gebracht, wenn als „Key methods for learning for the SDGs [Sustainable Development Goals]“ Umsetzungsvorschläge wie „Collaborative real-world projects“ oder „Analyses of complex systems through community based research projects“ vorgeschlagen werden [1].

Ausgehend von solchen und weiteren Überlegungen wurden in die Bildungspläne aller deutscher Bundesländer Verweise auf Draußenunterricht – insbesondere im Fach Biologie – aufgenommen. In den Leitgedanken zum Kompetenzerwerb wird im Bildungsplan für Baden-Württemberg für das Fach Biologie beispielsweise darauf hingewiesen, dass Draußenunterricht unbedingt ermöglicht werden soll [2]:

„Der Biologieunterricht geht von konkreten Situationen aus und erzeugt durch unmittelbare Begegnung mit dem Lebendigen Lebensweltbezug. Praktische Erkundungen in schulnahen Ökosystemen und Experimente fördern selbstständiges und entdeckendes Lernen. Diesen ist unbedingt Raum zu geben. Die Schülerinnen und Schüler können ihren Beobachtungsinteressen in der Natur und ihren kreativen Impulsen nachgehen und so durch originäre Naturerfahrungen die biologische Vielfalt kennen und schätzen lernen.“

Für Lehrkräfte bringt die Umsetzung von Draußenunterricht jedoch Herausforderungen mit sich, auf die sie wahrscheinlich in keiner Phase

ihrer fachlichen Professionalisierung vorbereitet wurden. Fragen wie „Was mache ich bei schlechtem Wetter?“, „Wie komme ich zu geeigneten Lernorten in der Schulumgebung?“, „Wie kann ich den Lernenden im eng getakteten Schulalltag genügend Zeit für das Lernen im Freien ermöglichen?“, „Wie kann ich die Lernfortschritte bewerten?“ und vor allem „Lohnt sich der Aufwand?“ müssen geklärt werden.

Im Folgenden wird skizziert, welche Antworten auf diese Fragen im Rahmen des Heidelberger-Outdoor-Education-Konzepts (HDOEK) gefunden wurden. Anschließend werden einige Ergebnisse der umfangreichen Begleitforschung vorgestellt und diskutiert, inwiefern sich der (Mehr-)Aufwand für Draußenunterricht lohnt und ob der Ansatz aus Heidelberg auf andere Kontexte übertragbar ist.

### Das Heidelberger-Outdoor-Education-Konzept

Das Heidelberger-Outdoor-Education-Konzept (HDOEK) wurde 2013 für Kinder im unteren Sekundarschulbereich (10–12 Jahre) entwickelt. Für das Konzept wurde eine fächerübergreifende Bildungsplananalyse durchgeführt, um einzelne Fachthemen zusammenführen und zentrale Themen identifizieren zu können, für die Draußenunterricht potenziell einen besonders hohen Mehrwert haben kann. Ein Jahresplan wurde erstellt, indem die identifizierten Themen – z. B. Klima, Boden und Wasser – jahreszeitlich gruppiert und mit Unterthemen der Fachpläne für Biologie und Geographie verknüpft wurden. Neben den Fachinhalten von Biologie als Leitfach (drei Wochenstunden) wurden die Fachinhalte der Geographie (zwei Wochenstunden) und des Sports (eine Wochenstunde) in das Konzept aufgenommen (Abbildungen 1 und 2).

Das Konzept wurde im Schuljahr 2013/2014 erstmals am Gymnasium Englisch Institut Heidelberg mit zwei fünften Klassen umgesetzt<sup>2</sup>.

Seit 2018 wird es mit allen vier (bzw. fünf) fünften Klassen des Gymnasiums praktiziert. Für die Schülerinnen und Schüler heißt das: Einen Vormittag pro Woche (sechs Schulstunden) wird das ganze Jahr über in naturnaher Umgebung gelernt. Weil es sich um ein von urbanem Umfeld geprägtes Gymnasium handelt und in der schulnahen Umgebung keine geeigneten Lernorte für große Lerngruppen gefunden werden konnten, fahren die Schülerinnen und Schüler gemeinsam mit ihren beiden begleitenden Lehrkräften jeden Morgen mit öffentlichen Verkehrsmitteln in ein nahegelegenes Waldgebiet mit angrenzenden Wiesenökosystemen. Dort wurde vom Umweltamt ein kleines Forsthaus zur Verfügung gestellt, das für die theoretische Vor- und Nachbereitung der Lerntage dient und bei starkem Regen vorübergehend aufgesucht werden kann. Das wichtigste Instrument für die Bewertung von Lernfortschritten stellen „Waldtagebücher“ dar, die von den Lernenden zu einem großen Teil auch selbständig (z. B. bei der Protokollierung selbst geplanter Experimente) geführt werden. Zusätzlich werden aber auch Klassenarbeiten geschrieben (ausführlich z. B. bei [3]).

### Begleitforschung des Heidelberger-Outdoor-Education-Konzepts

Das HDOEK wurde in mehreren Einzelstudien seit 2014 von der Pädagogischen Hochschule Heidelberg, der Universität Heidelberg, der Technischen Universität München, der Universität Mainz und dem Zentralinstitut für seelische Gesundheit Mannheim wissenschaftlich begleitet. Die zentrale Forschungsfrage aller Untersuchungen war, welche Auswirkungen der regelmäßige Draußenunterricht auf die Schülerinnen und Schüler hat.

<sup>2</sup> Seit einigen Jahren wird am Anna-Essinger-Gymnasium in Ulm ein leicht verändertes Konzept praktiziert, das unter anderem auch das Fach Mathematik impliziert.



**ABB. 2** Schülerinnen und Schüler arbeiten im Rahmen des HDOEK mit einem Bestimmungsschlüssel. Foto: Jakob von Au.

Eine Studie untersuchte beispielsweise die Bewegungsaktivität von Kindern der HDOEK-Klassen im Vergleich mit Klassen, die sechs Schulstunden an der Schule (inklusive zwei Sportstunden) hatten. Insgesamt nahmen 33 Kinder aus den HDOEK-Klassen teil (Interventionsgruppe) und 11 Kinder aus Vergleichsklassen (Kontrollgruppe). Die Datenaufnahme erfolgte an drei Messzeitpunkten im Herbst, im Frühling und im Sommer mittels Beschleunigungssensoren an den Körpern der Kinder. Die Ergebnisse zeigten, dass die Bewegungsaktivität der Kinder in den HDOEK-Klassen in allen Jahreszeiten höher war als die Bewegungsaktivität der Kinder in den Kontrollklassen. Am größten war der Unterschied im Bereich *low physical activity* (LPA), am kleinsten im Bereich *moderate-to-vigorous physical activity* (MVPA) (ausführlich bei [4]). Das Ergebnis legt die Schlussfolgerung nahe, dass kognitive Prozesse im Rahmen des HDOEK durch leichte Bewegung (und frische Luft) gefördert werden

und die Lernprozesse dadurch besonders erfolgreich sind.

In einer anderen Studie wurden Auswirkungen auf verschiedene Dimensionen der Lernmotivationen durch das HDOEK untersucht. Mit Hilfe eines adaptierten Fragebogens wurde der Grad der Selbstbestimmtheit (*Self-Determination-Index*, SDI, vgl. [5]) der HDOEK-Kinder ( $N=43$ ) mit dem von Kindern aus zwei Kontrollklassen ( $N=35$ ) verglichen. Die Werte für die Selbstbestimmtheit der Kinder in Bezug auf die Lernmotivation der Interventionsgruppe ( $M=5.11$ ;  $SD=3.33$ ) lagen im Mittel über den Werten der Kontrollgruppe ( $M=4.21$ ;  $SD=3.58$ ), wobei die Streuung der Werte unter den Kindern der HDOEK-Klassen etwas höher war. Besonders groß waren die Unterschiede zwischen Interventionsgruppe und Kontrollgruppe unter schwach eigenmotivierten Kindern. In den offenen Antwortformaten des Fragebogens wurden außerdem Hinweise darauf identifiziert, dass sich die regelmäßigen Naturerfahrungen positiv auf die Naturwahrnehmung und das Wohlbefinden der Kinder auswirken [4, 6, 7]. Eine hohe Lernmotivation und Wohlbefinden tragen zu positiven Lernergebnissen bei. Die Ergebnisse zeigen jedoch beispielsweise nicht, ob das Wohlbefinden bei einzelnen Kindern durch das HDOEK abgenommen hat.

Die Ergebnisse einer weiteren Untersuchung in Heidelberg zeigen, dass sich das Cortisol von Kindern der HDOEK-Klassen im Tagesverlauf schneller abbaut als von Kindern der Kontrollklassen. Das kann ein Hinweis darauf sein, dass sich die Stressresilienz durch regelmäßigen Draußenunterricht vergrößert [8]. In Heidelberg erhofft man sich zusätzlich durch die gemeinschaftlichen Naturerfahrungen im Rahmen des HDOEK positive Auswirkungen auf die sozialen Kompetenzen der Kinder. Die Ergebnisse einer Studie eines vergleichbaren Konzepts in Ulm weisen jedoch darauf hin, dass sich regelmäßiger Draußenunter-

richt auch negativ auf die soziale Interaktion und die soziale Eingebundenheit auswirken kann. Eigentlich nicht intendierte Grüppchenbildung kann durch regelmäßigen Draußenunterricht beispielsweise verstärkt werden [9]. Unterrichtsformen wie das HDOEK zeigen nicht nur bei den Kindern, sondern auch bei den Lehrkräften Wirkung. Ergebnisse einer Masterarbeit [10] weisen beispielsweise darauf hin, dass vom HDOEK auch die beteiligten Lehrkräfte auf vielfältige Weise profitieren. Beispielsweise scheint der Unterricht im Freien den Blick auf die kindlichen Bedürfnisse zu verändern und Lehrpersonen berichteten beispielsweise, dass sie im Anschluss an ihre Draußenunterrichtserfahrungen auch ihren Klassenzimmerunterricht bewegungsreicher gestalteten (ebd., S. 68).

### Diskussion der Studienergebnisse

Die Ergebnisse der skizzierten Studien im Rahmen des HDOEK sind in ihrer Aussagekraft limitiert. Erstens ist die Stichprobe bei allen Studien aufgrund der begrenzten Anzahl an Kindern, deren Eltern einer Teilnahme an den Studien zugestimmt haben, gering. Zweitens existierte ab dem Jahr 2018 nicht mehr die Möglichkeit, Kontrollgruppen der gleichen Klassenstufe in Studien einzubinden, weil ab diesem Jahr alle Klassen des Gymnasiums am HDOEK teilnahmen. Drittens sind die Reliabilität und die Validität, insbesondere bei Studien, an denen Studierende beteiligt waren, an einigen Stellen eingeschränkt. In Verbindung mit größeren internationalen Studien, die beispielsweise bekräftigen, dass sich regelmäßiger Draußenunterricht positiv auf die physische und psychische Gesundheit, auf Naturverbundenheit, Selbst-, Sozial- und Sachkompetenz auswirken kann (Überblick z. B. [11, 12]), liefern die Ergebnisse aus Heidelberg jedoch eine profunde Basis für die Annahme, dass Draußenunterricht den Klassenzimmerunterricht im Fach

Biologie und in weiteren Fächern bereichern kann.

Wie das Beispiel HDOEK aufzeigt, fordert und erfordert regelmäßiger Draußenunterricht ein hohes Maß an Reflexivität und Innovativität bei Lehrkräften (und auch Schulleitungen). Der eigene (Klassenzimmer-)Unterricht und seine Wirkung muss kritisch hinterfragt werden, Überzeugungen und motivationale Orientierungen müssen positiv hinsichtlich Draußenunterricht ausgeprägt sein und es müssen Antworten auf Fragen gefunden werden, die im Studium und im Referendariat wahrscheinlich nie thematisiert wurden. Werden Antworten auf strukturelle und organisatorische Fragen gefunden, so ergeben sich im methodisch-didaktischen Bereich neue Fragen, die durch Innovativität und profundes fachliches, fachdidaktisches und pädagogisches Wissen gelöst werden müssen, um Lernortauthentizität und erfolgreiche Lehr-Lernprozesse verwirklichen zu können. Das HDOEK zeigt, dass ein adäquates Methodenrepertoire für Draußenunterricht beispielsweise im Team-Teaching erfolgreich entwickelt und umgesetzt werden kann.

Das HDOEK zeigt darüber hinaus, dass Draußenunterricht einen Nährboden für innovative, institutionsübergreifende Zusammenarbeit darstellen kann, denn im Zuge des HDOEK kam es zu einer weitreichenden Zusammenarbeit zwischen Forst- und Umweltamt der Stadt Heidelberg, dem Gymnasium, der Universität und der Pädagogischen Hochschule Heidelberg. Mehrere Bachelor- und Masterarbeiten wurden bereits im Rahmen des HDOEK durchgeführt, Studierende besuchen im Rahmen von Seminaren das HDOEK und die Kinder des Gymnasiums besuchen im Unterricht mit Bezug zu den Leitperspektiven Bildung für nachhaltige Entwicklung

<sup>3</sup> „Innovativität und kreative Zusammenarbeit“ waren auch Teil der Begründung für die Verleihung des mit 25.000 Euro dotierten Lehrpreises BNE der Baden-Württemberg-Stiftung (2019) für die Entwickler des HDOEK.

(BNE) und Berufliche Orientierung (BO) des Bildungsplans die Universität und die Pädagogische Hochschule.<sup>3</sup>

Einiges spricht dafür, dass Unterrichtsformen wie das HDOEK auch in der Breite und an anderen Schularten erfolgreich umgesetzt werden könnte, denn die Bildungsplaninhalte sind im unteren Sekundarschulbereich in allen Bundesländern für alle Schularten vergleichbar aufgebaut. Die erfolgreiche Umsetzung des Outdoor-Konzepts am Anna-Essinger-Gymnasium Ulm mit anderer Fächerkombination zeigt ebenfalls, dass das HDOEK prinzipiell auf andere Kontexte übertragbar ist. Einschränkung muss aufgeführt werden, dass das Gymnasium Englisches Institut in Heidelberg ein Privatschulwesen ist. Lösungen wie das Team-Teaching sind an staatlichen Schulen ggf. schwieriger umzusetzen. Am staatlichen Anna-Essinger-Gymnasium konnte jedoch ebenfalls Team-Teaching ermöglicht werden.<sup>4</sup> Kurzum: Wo ein Wille ist, scheint überall ein Weg zu mehr Draußenunterricht zu sein.

## Fazit

Der Beitrag skizziert mit dem HDOEK eine Umsetzungsmöglichkeit für regelmäßigen Draußenunterricht an Schulen und gibt einen Einblick in erste Forschungsergebnisse im Rahmen des HDOEK: Ausgehend von den Ergebnissen des Beitrags kann zusammenfassend festgehalten werden: Regelmäßiger Biologieunterricht in der schulnahen Umgebung ist möglich und auf verschiedenen

Ebenen wirkungsvoll. Besonders im unteren Sekundarschulbereich und besonders mit fächerverbindender Perspektive spricht Vieles dafür, dass der Mehrwert den ggf. höheren Aufwand und die durch Anfahrtswege ggf. etwas reduzierte Lernzeit (erfahrungsgemäß wird der Mehraufwand und die Lernzeitreduzierung von Novizen überschätzt) legitimiert.

Die empirische Fundierung für diese These ist in einigen Bereichen jedoch noch schwach. Beispielsweise wurde bisher noch kaum untersucht, wie Draußenunterricht umgesetzt werden muss, um besonders große positive Wirkungen zu erzielen. Ebenfalls weitgehend unklar ist, welche Kinder besonders von Draußenunterricht profitieren, und welche Kinder durch Draußenunterricht ggf. sogar negativ beeinflusst werden. Unzweifelhaft ist, dass weitere Untersuchungen notwendig sind, um besser verstehen zu können, wie, wo und wann Draußenunterricht den Klassenzimmerunterricht bereichern kann. Um dies zu ermöglichen, werden noch mehr Lehrkräfte benötigt, die innovative Antworten auf alte didaktische Fragen finden und sich mutig auf ungewöhnliche Lehr-Lern-Wege begeben.

## Literatur

- [1] Unesco (Hrsg.). (2017). *Education for sustainable development goals: Learning objectives*, <https://t1p.de/rpy3>
- [2] Ministerium für Kultus, Jugend und Sport Baden-Württemberg (Hrsg.). (2016). *Bildungspläne 2016. Gymnasium Biologie. Leitgedanken zum Kompetenzerwerb*, <https://t1p.de/34r6m>
- [3] J. von Au (2018). Draußentage. Lernen mit viel Herz, Hand und Verstand. *Zeitschrift für Pädagogik*, 4, <https://doi.org/10.3262/PAED1804010>.
- [4] J. von Au, C. Mall (2022). Draußenlernen als Bildung für nachhaltige Entwicklung mit Kopf, Herz und Hand. Ergebnisse aus einem innovativen Praxis- und Forschungsprojekt. In B. Bous, M. Scholz, & G. Zimmermann (Hrsg.), *Ganzheitliche Bildung mit Kopf, Herz und Hand. Aktuelle Forschungsprojekte zum handlungsorientierten Lernen* (S. 83–94). Ziel-Verlag.
- [5] R. M. Ryan, E. L. Deci (2000). Self-determination theory and the facilitation of intrinsic motivation, social development, and well-being. *American Psychologist*, 55(1), 68–78, <https://doi.org/10.1037/0003-066X.55.1.68>
- [6] U. Dettweiler, C. Becker (2016). Aspekte der Lernmotivation und Bewegungskompetenz bei Kindern im Draußenunterricht. Ein Überblick über erste Forschungsergebnisse. In J. von Au & U. Gade (Hrsg.), *„Raus aus dem Klassenzimmer“. Outdoor Education als Unterrichtskonzept*. Beltz.
- [7] C. Mall et al. (2021). Students' Appropriation of Space in Education Outside the Classroom. Some Aspects on Physical Activity and Health from a Pilot Study with 5-Graders in Germany. In E. Brymer & M. Rogerson (Hrsg.), *Nature and Health Physical Activity in Nature* (S. 223–232). Routledge.
- [8] U. Dettweiler et al. (2017). Stress in School. Some Empirical Hints on the Circadian Cortisol Rhythm of Children in Outdoor and Indoor Classes. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 14(5), 475, <https://doi.org/10.3390/ijerph14050475>
- [9] J. Ellinger et al. (2023). Changes in social interaction, social relatedness, and friendships in Education Outside the Classroom: A social network analysis. *Frontiers in Psychology*, 14, 1031693. <https://doi.org/10.3389/fpsyg.2023.1031693>
- [10] A. Schmidt (2022). *Anspruch und Wirklichkeit von Outdoor Education. Eine Interviewstudie mit Lehrkräften am Gymnasium Englisches Institut in Heidelberg*.
- [11] U. Gebhard et al. (Hrsg.) (2021). *Naturerfahrung und Bildung* (1. Auflage). Springer VS.
- [12] J. von Au, R. Jucker (Hrsg.) (2022). *Draußenlernen: Neue Forschungsergebnisse und Praxiseinblicke für eine Bildung für nachhaltige Entwicklung* (1. Auflage).

Jakob von Au, Heidelberg

Lesen Sie zu diesem Thema auch unseren „Im Fokus“-Artikel „Draußenschulbewegung in Deutschland“ von J. von Au und U. Gebhard in: *Biologie in unserer Zeit* 53 (BiuZ 02/23), S. 180-187.

<sup>4</sup> Weder aus juristischen noch aus pädagogischen Gründen ist es aber zwangsläufig notwendig, dass zwei Lehrkräfte pro Klasse am Draußenunterricht beteiligt sind.

## BUCHBESPRECHUNG

## Zoologisches Grundpraktikum: Aller Anfang ist schwer

*Zoologische Praktika wurden seit den Zeiten Otto Bütschlis (1848–1920) zum festen Bestandteil des Biologiestudiums an deutschen Universitäten. Neben „internen“ Praktikumsanleitungen galt dabei die Nutzung von Standard-Lehrbüchern als Selbstverständlichkeit. Da in den letzten Jahrzehnten morphologische Studieninhalte gekürzt und Großpraktika aufgegeben wurden, war – neben allgemeinen Modernisierungen – eine Anpassung praktikumsbegleitender Literatur zu erwarten: eine nicht ganz einfache Aufgabe, der sich im vergangenen Jahr ein Osnabrücker Autorenteam annahm.*



Nachdem Generationen deutscher Biologiestudenten mit Neuauflagen von *Kükenthals Leitfaden für das Zoologische*

*Praktikum* arbeiten durften, hinterließ die ausbleibende Aktualisierung dieses Klassikers eine Leerstelle im Lehrbuchangebot. Zwar bot das aus dem Englischen übersetzte *Praktikum Allgemeine Zoologie* von Charles Lytle und John Meyer mit sehr gutem Farbmateriale eine Alternative, war inhaltlich aber von Merkwürdigkeiten durchsetzt (etwa der Behauptung, Cnidaria und Ctenophora seien „evolutiv aus Protisten hervorgegangen“, vgl. S. 131 in Lytle/Meyer 2010). Da leider auch die letzten Kükenthal-Auflagen „Verschlimmbesserungen“ enthielten (z. B. im dortigen Porifera-Kapitel der Gebrauch der Termini Mesohyl und Mesogloea), durfte man gespannt sein, ob das neue *Praxisbuch zum Zoologischen Praktikum* von Achim Paululat und Günther Purschke so etwas wie einen Fortschritt markiert.

Nicht unbedingt glücklich ist dabei der gewählte Haupttitel *Metazoa – Morphologie und Evolution der vielzelligen Tiere*, mit dem der angedachte Nutzen als Praktikumsbegleiter in den Untertitel verschoben wird. Die suggerierte Behand-

lung der gesamten Metazoen-Evolution wirkt fragwürdig, wenn man – wie für das Zoologische Praktikum von je her üblich – nur etwa ein Drittel ausgewählter Metazoen-Stammlinien behandelt (deren elf bei Paululat/Purschke). Auf andere Weise befördern die Autoren selbst diesen Einwand, indem sie gleich im Einleitungskapitel die Meinung äußern, es sei „bis heute nicht gelungen, ein phylogenetisches System der Metazoa zu erstellen, das [sic] die Verwandtschaftsbeziehungen der Metazoa mit hinreichend großer Wahrscheinlichkeit wiedergibt“ (S. 2). An anderer Stelle (S. 48) freilich behaupten sie, man würde „heute wissen“, dass segmentierte Metazoenbaupläne mehrfach unabhängig entstanden sind, was ihrer oben genannten Aussage deutlich widerspricht – denn zu fragen ist ja, woher Paululat/Purschke ihr vorgebliches „Wissen“ beziehen können, wenn nicht mittels Rückgriff auf eine konsensfähige Metazoen-Großphylogenie. Kurz: Dem Buch fehlt, wenn es um Fragen der Bauplanevolution geht, die inhaltliche Stringenz, und eben dies spricht gegen den gewählten Haupttitel.

Lässt man Abstammungs- und Verwandtschaftsfragen außen vor und konzentriert sich auf unmittelbar praktikumsrelevante Inhalte, so ist an der Brauchbarkeit des Buches keinesfalls zu zweifeln. Wo die Tradition des „Kükenthal“ zeichnerische Darstellungen der Präparate

bot, liefern Paululat/Purschke eine Vielzahl beschrifteter Fotografien – und damit bessere Vergleichbarkeit der angestrebten Präparationsvorgänge. Dass die (Abdruck-)Qualität der Fotos nicht an das Bildmaterial bei Lytle/Meyer heranreicht, lässt sich verschmerzen, zumal heutige Studentengenerationen längst technische Möglichkeiten mitbringen, in Eigenregie hervorragende Praktikumsdokumentationen anzufertigen. In puncto Menge und Zusammenstellung des Bildmaterials (Totalpräparate, histologische Schnitte) jedenfalls hat das Werk von Paululat/Purschke beste Voraussetzungen für einen künftigen Praktikumsklassiker à la „Kükenthal“.

### Ein Dauerproblem: Sprache versus Faktenlage

Kritikwürdig sind, wie angedeutet, andere Punkte. Zunächst einmal fehlen dem Buch sowohl ein Register als auch ein Glossar – bedauerlich schon angesichts von drei Leerseiten am Ende des Bandes. Die Folge ist, dass Leser – vornehmlich Zoologie-Einsteiger – mit schöner Regelmäßigkeit auf unerklärte bzw. nicht-nachschlagbare Fachbegriffe stoßen. Es mag sein, dass Paululat/Purschke ihren Anhang „Weiterführende Literatur“ als zureichende Kompensation betrachten, aber konkrete und systematisch angelegte Erläuterungen hätten zweifelsohne eine bessere Lösung dargestellt.

Erschwerend kommt hinzu, dass Paululat/Purschke zuweilen unglücklich agieren, wenn sie doch einmal Definitionen anbieten. Unter anderem behaupten sie gleich mehrfach, ein echtes Epithelium sei stets einer Basallamina aufgelagert. Nach diesem Kriterium sind weder bei den Porifera noch Placozoa Epithelien ausgebildet; im Falle letzterer sprechen Paululat/Purschke von einem „Epitheloid“ (S. 3). Dass andere Zoologie-Lehrbücher die Placozoa hier anders beurteilen, sogar mehrheitlich einem Taxon „Epitheliozoa“ zuzuordnen, erwähnen die Autoren

nicht – abgesehen davon, dass Paululat/Purschke die Placozoa bald wieder vergessen und einzig den Porifera das Fehlen von Epithelien attestieren (S. 10, S. 37). Im Rahmen solcher Merkmalsgruppenbildungen grob falsch ist ihre Behauptung auf S. 37, bei „allen“ Metazoa mit echten Epithelien sei die äußere Körperabdeckung als „einschichtige“ Epidermis organisiert. Zwar wird dies am Ende der Seite mit Verweis auf die Craniota ansatzweise korrigiert, doch das Hin und Her setzt sich fort: Auf S. 184 heißt es fälschlich, „bei allen wirbellosen Tieren“ sei „die Epidermis einschichtig“; diesmal erfolgt die Korrektur erst auf S. 207 mittels Erwähnung der Chaetognatha. Verbesserungsbedürftig wirkt auf S. 37 auch eine andere, längere Passage, die den Eindruck erweckt, alle Metazoa außer den Porifera würden eine Cuticula produzieren.

Uneinheitliche Terminologien und anderweitig widersprüchliche Aussagen sind in der Zoologie offenbar so weit etabliert, dass man sie nicht nur in Sachen Epithelien, sondern auch sonstiger Gewebe- und Zelltypen einfach hinnehmen soll – etwa, wenn im Plathelminthes-Kapitel ohne weitere Erläuterung „Mesenchym“ und „Parenchym“ gleichgesetzt werden (S. 33ff.). Diesen traditionell kryptisch gehandhabten Inhalten – vgl. obige Bemerkung zu den letzten Kükenthal-Aufgaben – fügen Paululat/Purschke erstaunlich zu nennende Eigenschöpfungen hinzu (siehe ihre Einführung des Coelom-Begriffes, S. 104ff.): „Die sekundäre Leibeshöhle, das Coelom, entsteht bei allen Metazoa im Zuge der Embryonalentwicklung entweder durch Abfaltung aus dem dorsalen Urdarmdach (bei Deuterostomia) oder durch Einwanderung von Zellen aus der Urmundregion in die primäre Leibeshöhle und eine darauffolgende Aufspaltung des Mesoderms (bei Spiralia).“ Wenn die Autoren im Einleitungskapitel behaupten, die

Makrophylogenie der Metazoa sei zur Zeit nur recht unsicher rekonstruiert, so müsste man ihnen eigentlich entgegen, dass dies unausweichliche Folge einer Methodik ist, die erkenntnistiftende Merkmalsvergleiche vorgibt, besagte Merkmale jedoch auffällig nachlässig handhabt – und das schon seit Jahrzehnten.

Unter solchen Voraussetzungen sollte man evolutionsbiologische Exkurse in einem Präparationskursbegleiter mit Bedacht formulieren, wie anhand etlicher weiterer Passagen aufzeigbar. So bemühen Paululat/Purschke sowohl auf dem Niveau von Arten als auch größerer Abstammungsgemeinschaften immer wieder die Anpassungsmetaphorik – die Säugetiere etwa sollen „einen der beiden am besten an das Leben an Land angepassten Evolutionswege“ repräsentieren (S. 219). Wie schnell derart unscharfe Interpretationsgrundlagen auf Abwege führen, sieht man z. B. im Cnidaria-Kapitel, wo es auf S. 23 zu Süßwasser-Hydran heißt: „Das Fehlen der Larven wie auch der Medusenform lässt sich sehr plausibel als eine sekundär erworbene Anpassung an den Lebensraum Süßwasser deuten. Ein Verbreitungsstadium, sei es eine planktonisch driftende Meduse oder eine sich ebenso bewegende Planula-Larve, hat hier keinen Selektionsvorteil.“ Soll man daraus nun folgern, dass limnische, medusengenerierende Cnidarier – von den Autoren nicht erwähnt, aber faktisch existent – weniger gut „an den Lebensraum Süßwasser angepasst“ seien?

### Nach dem Lehrbuch ist vor dem Lehrbuch

Alles in allem wird deutlich, dass sich bei Buchprojekten wie dem vorliegenden eine Fokussierung auf konkret benennbare, unmittelbare Zusammenhänge von morphologischer Struktur und biologischer Funktion sehr empfiehlt. Da das Werk in dieser Hinsicht durchge-

hend informativ ist, bietet es auf dieser Ebene die eigentlich lesenswerten Passagen. Ganz pannenfrei geht es aber auch hier nicht vonstatten: Beginnend im Acrania-Kapitel (S. 179), wird z. B. die namensgebende Chorda der Chordatiere mehrfach als „Stützstab“ bezeichnet, ansonsten soll ihr eine „zentrale Funktion“ als Signalgeber in der Frühentwicklung zukommen (S. 184, S. 201). Die unzweifelhafte Bedeutung für den Bewegungsapparat der Acrania (wenn nicht der frühen Chordata insgesamt) bleibt gänzlich unerwähnt! Erst im Folgekapitel behaupten Paululat/Purschke zur larvalen Chorda der Tunicata, diese diene „ausschließlich und essenziell der Fortbewegung“ (S. 189) – nur um dieser Aussage einige Seiten später vollständig zu widersprechen (S. 201).

Für Folgeaufgaben am einfachsten zu korrigieren sind – neben Redundanzen – einige verbliebene Schreibfehler (S. 12 „Desmospongiae“, S. 22 „Scyphistostoma“, S. 30 „Darmdivertikel“, S. 33 „Tubellarien“, S. 43 „Tranversalmuskeln“, S. 60 „Pupertätsleiste“, S. 64 u. 66 „Samenrichter“, S. 92 „Pallilakomplex“, S. 114 „Illeus“, S. 121 „Orconectus“, S. 122 „Chephalothorax“, S. 127 „Praeopod“, S. 166 „Asteria“, S. 167 „Ambularkralfüßchen“, S. 181 „Hatsckek“, S. 219 „Mesencephalon“, S. 221 „Rippen“). Gerne gestrichen werden dürfen auch Schwämme „als tierische Entsprechungen impressionistischer Kunstwerke“ (S. 5), der gemeinsprachliche Exkurs auf S. 121 sowie eine unangebrachte Literaturangabe zu den Arthropoda (S. 239).

Tareq Syed, Hamburg

**Metazoa – Morphologie und Evolution der vielzelligen Tiere.** Ein Praxisbuch zum zoologischen Praktikum. Achim Paululat und Günther Purschke, Springer Spektrum, Heidelberg, 2023, 256 S., 44,99 €, ISBN 978-3-662-66183-3.

## ÖKOLOGIE

## Stadtleben ist anstrengend

*Während manche Wildtiere relativ gut in städtischen Lebensräumen zurechtkommen, stellt die Futtersuche Spezialisten wie größere, insektenfressende Fledermausarten vor Herausforderungen: Um satt zu werden, müssen Individuen des Große Abendseglers (*Nyctalus noctula*, Abbildung 1) in der Stadt länger als ihre Artgenossen auf dem Land fliegen und fangen dennoch weniger Insekten. Zudem gehen städtische Fledermäuse in der Regel alleine auf die Jagd, während auf dem Land die Artgenossen regelmäßig gemeinsam unterwegs sind.*



**ABB. 1** Ein Großer Abendsegler (*N. noctula*) im österreichischen Rum. Foto: Mnolf, CC BY-SA 3.0.

Forschende des Leibniz-Instituts für Zoo- und Wildtierforschung (IZW) statten Große Abendsegler – eine ungefähr 30 Gramm schwere Fledermausart – im Stadtgebiet Berlin und in einem ländlichen Gebiet in Mecklenburg-Vorpommern mit kleinen Sensorloggern aus [1]. Dies ermöglichte es ihnen, den Aufwand für die Nahrungssuche, die Anwesenheit von Artgenossen und den Jagderfolg während der Nahrungssuche in städtischer und ländlicher Umgebung miteinander zu vergleichen. Die Ergebnisse deckten sich mit den Vermutungen: Obwohl die Abendsegler in beiden Umgebungen ähnlich große Beutetiere jagten, erbeuteten sie in der Stadt deutlich weniger Beutetiere pro Flugzeit und

insgesamt eine geringere Gesamtmenge an Insekten als ihre Artgenossen auf dem Land. Zudem flogen sie in größerer Höhe und legten weitere Strecken zurück. Das „Stadtleben“ ist für die Fledermäuse also sehr energieaufwändig im Vergleich zum Leben auf dem Land. „Es leben zwar viele Fledermausarten in städtischen Gebieten, aber es geht nicht allen gleichermaßen gut“, sagt Dr. Christian Voigt, Leiter der Abteilung für Evolutionäre Ökologie am IZW. Vor allem für größere Arten sei das Nahrungsangebot aufgrund der starken Versiegelung durch Straßen, Parkplätze und Bebauung eher schlecht. Alle europäischen Fledermausarten sind Insektenfresser, die abends oder nachts auf Nahrungssuche gehen. In den Städten finden sie ihre Beute in räumlich eng umgrenzten Arealen wie in Parks und Friedhöfen. Städte scheinen für größere Fledermausarten wie den Großen Abendsegler wenig attraktiv. „In der Stadt waren Große Abendsegler zudem weniger sozial, sie jagten also seltener mit Artgenossen zusammen. Wahrscheinlich war die Gruppenjagd in der Stadt unnötig, da es für eine Stadtfledermaus überschaubar ist, in welchen Grünanlagen sich Beuteinsekten befinden. Auf dem Land benötigen sie hierfür die Unterstützung ihrer Artgenossen.“

Die meisten Fledermausarten haben aufgrund ihres hohen Stoffwechsels und ihrer energieaufwändigen Fortbewegung einen hohen

Energiebedarf. Um diesen während des gesamten Tagesverlaufes in Zeiten von Nahrungsknappheit zu reduzieren, versetzen sie sich in einen Schlafzustand. Dabei senken sie ihre Körpertemperatur und somit ihren Energieverbrauch erheblich. Möglicherweise nutzen größere Arten wie der Abendsegler diese Methode in der Stadt gezielt, um eine positive Energiebilanz aufrechtzuerhalten. Allerdings hat der energiesparende Ruhezustand auch negative Folgen, zum Beispiel für Weibchen des Großen Abendseglers während der Trächtigkeit und für die Jungtierentwicklung, denn bei niedrigeren Körpertemperaturen wird auch das Wachstum ausgebremst.

Die Verstädterung hat erhebliche Auswirkungen auf Wildtiere und ihre Lebensräume. Auch wenn sich einige wenige Tierarten an städtische Umgebungen anpassen können, meidet die Mehrheit der Wildtierarten urbane Landschaften, was zu einem allgemeinen Rückgang der Artenvielfalt führe, so die Forschenden. Die Urbanisierung wirke wie ein Umweltfilter, der einige Arten mit geeigneten Verhaltens-, Morphologie- und Fortpflanzungsmerkmalen begünstige, viele jedoch verdränge. Städtische Gebiete zeichnen sich durch wenige Spitzenprädatoren (typischerweise Säugetiere), große räumliche Heterogenität und fragmentierte Lebensräume aus, was zu einem höheren Wettbewerb innerhalb und zwischen Arten führt. Die Situation großer Fledermausarten in städtischen Gebieten ist dafür ein gutes Beispiel. Für den Schutz großer Fledermausarten in städtischen Umgebungen seien Lebensräume mit vielen Insekten entscheidend, so die Forscher.

### Literatur

- [1] L. Stidsholt et al. (2023). Low foraging rates drive large insectivorous bats away from urban areas. *Global Change Biology*. <https://doi.org/10.1111/gcb.17063>

Wilhelm Irsch, Reblingen-Siersburg

## SINNESPHYSIOLOGIE

## Wie wandernde Mückenfledermäuse navigieren

Während Fledermäuse ihre Ortung über Echolot sicherstellen, navigieren sie großräumig wie Vögel über einen Magnetkompass. Mückenfledermäuse (*Pipistrellus pygmaeus*) kalibrieren diesen bei Sonnenuntergang – wie die Ergebnisse einer Studie in der Fachzeitschrift *Biology Letters* zeigen. Dabei beeinflussen zwei unterschiedliche Komponenten des Erdmagnetfelds die Orientierung.

Die nur wenige Gramm schweren Mückenfledermäuse legen auf nächtlichen Wanderungen von Nordost nach Südwesteuropa vermutlich jedes Jahr tausende Kilometer zurück. Wie sie in der Dunkelheit ihren Kurs über diese langen Distanzen finden, wirft viele Fragen auf. Ein internationales Team um den Biologen Dr. Oliver Lindecke von der Universität Oldenburg hat jedoch Hinweise darauf gefunden, dass sich Mückenfledermäuse bei der Navigation nicht nur auf einen Magnetkompass stützen, sondern diesen auch bei Sonnenuntergang kalibrieren [1]. Dabei können zwei unterschiedliche Komponenten des Erdmagnetfelds die Orientierung der Tiere beeinflussen.

Das Team führte die Experimente auf der Ornithologischen Station der Universität von Lettland in Pape durch, einem Dorf im äußersten Südwesten des Landes an der Ostsee. „Im August und September wandern hier Zehntausende Fledermäuse entlang der Küste, vor allem Richtung Mitteleuropa“, berichtet Lindecke. In einer früheren Studie hatte er bereits herausgefunden, dass Mückenfledermäuse ihren inneren Kompass bei Sonnenuntergang neu justieren: Sie nutzen dafür den Punkt, an dem die Sonne untergeht, um ihre Flugroute auch später in der Nacht bestimmen zu können. Um diese Befunde zu präzisieren, fingen sie 65 Mückenfledermäuse und setzten einen Teil der Tiere am folgenden Tag zur Zeit des Sonnenuntergangs mittels einer sogenannten Helmholtz-Spule einem manipu-

lierten Magnetfeld aus. Dessen horizontale Richtung war um 120 Grad im Uhrzeigersinn gegenüber dem Erdmagnetfeld gedreht, also so, dass eine Kompassnadel nicht nach Norden, sondern nach Südosten zeigen würde. Bei einer zweiten Gruppe kehrte das Team zusätzlich die Neigungsrichtung des Magnetfeldes um, die sogenannte Inklination. Diese entsprach somit natürlichen, auf der Südhalbkugel der Erde gemessenen Werten. Ein weiterer Teil der Fledermäuse diente als Kontrollgruppe und war nur dem natürlichen Erdmagnetfeld in den Dünen von Pape ausgesetzt.

Einige Stunden später ließen die Forscher die Fledermäuse bei Nacht einzeln in einem Feldlabor frei und bestimmten dabei deren Abflugrichtung. Frühere Studien hatten bereits gezeigt, dass die Tiere die einmal gewählte Richtung auf ihren nächtlichen Flügen beibehalten. Das Ergebnis: Aus der Kontrollgruppe flog etwa die Hälfte der Tiere nach Süden, die andere Hälfte nach Norden. Die beiden Gruppen mit manipuliertem Magnetfeld verhielten sich unterschiedlich: Diejenigen Tiere, bei denen die horizontale Richtung des Magnetfeldes gedreht war, orientierten sich überwiegend nach Nordwesten. Bei der Gruppe, bei der zusätzlich die Inklination umgekehrt war, war hingegen keine bevorzugte Abflugrichtung zu erkennen. Die Ergebnisse zeigten vor allem eins, so Lindecke: „Die Fledermäuse sind bei Sonnenuntergang sowohl für die horizontale Richtung als auch für die Inklination des Magnetfeldes



**ABB. 1** Eine Mückenfledermaus (*P. pygmaeus*) im russischen Sotchi-Distrikt. Foto: Evgeniy Yakhontov, CC BY-SA 3.0.

sensibel – und das beeinflusst ihren Abflug noch Stunden später.“ Zwar sei der Mechanismus der dem Magnetsinn der Fledermäuse zugrunde liege, bislang nicht geklärt, die Studie zeige jedoch, dass sie ähnlich wie Vögel die Inklination des Erdmagnetfeldes für ihre Navigation nutzen könnten.

### Wo sitzt der Kompass?

Doch wo sitzt dieser sechste Sinn? Experimentelle Studien deuten darauf hin, dass das geheimnisvolle Orientierungssystem bei Säugetieren mit Magnetsinn in der Hornhaut der Augen lokalisiert ist. Sehen, Hören, Riechen, Schmecken und Fühlen gehören zu den Standardqualitäten der Wahrnehmung – doch bei manchen Tieren kommt wohl noch eine Komponente hinzu, wie viele Studien gezeigt haben: Einige Vogelarten, Fische, Schildkröten und auch Säugetiere wie Delfine, Wale oder Fledermäuse besitzen bei großräumigen Bewegungen ein Orientierungsvermögen, für das die klassischen fünf Sinne wohl nicht ausreichen. Experimente deuten darauf hin, dass diese Fähigkeit auf Eisenoxid-Partikeln in bestimmten Körperzellen beruht, die als „mikroskopische Kompassnadeln“ fungieren.

Bisher gab es nur Hinweise darauf, dass Graumulle durch Sinnesrezeptoren in ihren verkümmerten Augen Magnetfelder wahrnehmen können, um sich in ihren verzweig-

ten Tunnelsystemen zurechtzufinden. Im Rahmen ihrer Studien hatten die Forscher um Oliver Lindecke die in Europa beheimateten Raauhautfledermäuse (*Pipistrellus nathusii*) im Visier, die ähnlich wie einige Vogelarten von ihren Sommerquartieren in Nord- und Osteuropa für den Winter in Bereiche mit mildem Klima ziehen [2]. Sie fingen nachts einige Raauhautfledermäuse an der Ostseeküste, die sich auf ihrem spätsommerlichen Zug in den Süden befanden. Einem Teil der Tiere verabreichten sie einen Tropfen Oxybuprocain in die Augen, ein nur kurz wirksames Betäubungsmittel, das in der menschlichen Augenheilkunde bei diagnostischen und chirurgischen Verfahren verwendet wird. Es betäubt dabei Nerven in der Hornhaut (Cornea), ohne allerdings das Sehvermögen zu beeinträchtigen. Dadurch ließ sich ausschließen, dass die beobachteten Effekte auf einer Beeinträchtigung des Sehsinns beruhen, den Fledermäuse neben ihrem Echoortungssystem ebenfalls noch manchmal zur Orientierung nutzen.

Bei einer Gruppe der Fledermäuse behandelten die Wissenschaftler beide Augen, bei einer zweiten wurde hingegen nur die Hornhaut eines Auges betäubt. Als Kontrollgruppe fungierten Tiere, denen nur eine wirkungslose Kochsalzlösung als Augentropfen verabreicht wurde. Anschließend ließen die Forscher die Tiere in elf Kilometer Entfernung vom Fangplatz auf einem freien Feld wieder einzeln frei und erfassten, in welche Richtungen die Tiere in die Dunkelheit davonflogen.

### Mit Augentropfen vom Kurs abgebracht

Es zeigte sich: Individuen aus der Kontrollgruppe und der Gruppe mit einseitiger Cornea-Betäubung orientierten sich ihrer Zugroute entsprechend sofort nach Süden, nicht jedoch die Fledermäuse mit beidseitig anästhesierten Hornhäuten: „Diese Tiere flogen in zufälligen Richtungen davon“, berichtet Lindecke. „Dies deutet darauf hin, dass die Betäubung der Cornea den Orientierungssinn nachhaltig störte – und

dass dieser offenbar auch noch mit einem Auge gut funktioniert.“ Da die Cornea-Betäubung schnell nachlässt, wurden die Tiere nur kurzzeitig beeinträchtigt und konnten schon bald wieder ihre Reise in den Süden fortsetzen, betonten die Wissenschaftler. „Wir konnten hier das erste Mal im Versuch beobachten, wie ein ziehendes Säugetier wortwörtlich vom Kurs abgebracht wurde – ein Meilenstein in der Verhaltens- und Sinnesbiologie, der es uns erlaubt, das biologische Navigationssystem der Säugetiere gezielter zu erforschen“, ordnet Lindecke die Bedeutung der Studie ein.

### Literatur

- [1] W. Schneider et al. (2023). Migratory bats are sensitive to magnetic inclination changes during the compass calibration period. *Biology Letters* 19, 20230181.
- [2] O. Lindecke et al. (2021). Corneal sensitivity is required for orientation in free-flying migratory bats. *Communications Biology*. <https://doi.org/10.1038/s42003-021-02053-w>

Wilhelm Irsch, Reblingen-Siersburg

## BIOLOGIEOLYMPIADE

### Neue Ausschreibung nach großem Erfolg

*In 2023 konnte der große Erfolg des deutschen Teams bei der IBO 2022 noch einmal gesteigert werden: mit zwei Goldmedaillen und zwei sehr guten Silbermedaillen errang das deutsche Team einen herausragenden 9. Platz in der Nationenwertung und wurde das beste europäische Team (Abbildung 1).*

Als Gastgeber hatten die Vereinigten Arabischen Emirate die Nationalteams der IBO 2023 aus 73 Ländern für eine Woche in Al Ain versammelt, um mehr als 290 Schülerinnen und Schüler im fairen Wettstreit um olympische Medaillen kämpfen zu lassen. Für das deutsche Nationalteam hatten sich in vier Auswahlrunden aus fast 1200 Personen vier Olympioniken qualifiziert (Abbildung 2).

Der internationale Wettbewerb in Al Ain, eine Universitätsstadt inmitten der Wüste des Emirates Abu Dhabi, begann mit einer großen Eröffnungsfeier mit viel politischer Prominenz, die den Stellenwert der Biologie als eine prägende Naturwissenschaft des 21. Jahrhunderts betonte. Für die Teilnehmenden bestand das anspruchsvolle Klausurprogramm in den folgenden Tagen aus



vier praktischen Klausuren in Biochemie, Bioinformatik, Molekularbiologie der Pflanzen sowie Ökologie und Ethologie und einer großen zweiteiligen Theorieprüfung. Neben dem akademischen Programm waren für die Schülerteams auf mehreren Ausflügen, z. B. nach Dubai und Abu Dhabi, auch das Kennenlernen untereinander und der Austausch mit Gleichgesinnten aus vielen Län-



**ABB. 1** Mit vier Medaillen erreicht das deutsche Team Platz 9 in der Nationenwertung.



**ABB. 2** Das deutsche Nationalteam IBO 2023 (v.l.n.r.): Anya Zhu (Silber), Konrad Jannes Köhler (Gold), Elora Marx (Gold), Jieoh Ahn (Silber), mit seinen Betreuern.

dern und Kontinenten in dieser anstrengenden, aber von freundschaftlichem Wettbewerb geprägten Woche wichtig.

Begleitet wurde das deutsche Team von PD Dr. Burkhard Schroeter (IPN, Kiel) als Delegationsleiter sowie von Cedric Cappel (Universität Kiel), Julia Hansen (Universität Köln), Dr. Dennis Kappei (Universität Singapur) und Dr. Christiane Mühle (Universität Erlangen). Die Aufgaben waren von einer internationalen Aufgabenkommission sehr gut vorbereitet und direkt vor der IBO von einer internationalen Subjury, in der Deutschland durch Dr. Dennis Kappei vertreten war, noch einmal überarbeitet worden.

Am Ende einer anstrengenden Woche in Al Ain, die von den extremen Temperaturwechseln von klimatisierten Räumen zu der „Außenwelt“ mit Temperaturen von bis zu 47°C geprägt war, steht nun ein

großartiger Erfolg des deutschen Nationalteams als bestes europäisches Team mit zwei Gold- und zwei Silbermedaillen. Ein besonderer Dank gilt dem MPI für Multidisziplinäre Naturwissenschaften in Göttingen und insbesondere Alexander Rotsch für die kompetente Organisation des Trainingslagers. Ein herzlicher Dank geht auch an Prof. Dr. T. Goßmann für das engagierte Training in Bioinformatik. Der VBIO und der Förderverein der BiologieOlympiade e. V. unterstützen und begleiten seit vielen Jahren die nationalen Auswahlrunden und die Vorbereitung des deutschen Teams – herzlichen Dank!

### **Nach der Olympiade ist vor der Olympiade**

Im Februar wurden in der 3. Runde die Besten für die finale nationale 4. Wettbewerbsrunde ausgewählt, die dann zur 35. IBO 2024 nach

Astana in Kasachstan fahren dürfen. Anfang April 2024 hat wieder eine neue Auswahlrunde der Biologie-Olympiade in Deutschland für die IBO 2025 begonnen, an der alle biologieverinteressierten Schülerinnen und Schüler teilnehmen können. Bis September können unter [www.biologieolympiade.info](http://www.biologieolympiade.info) die neuen Aufgaben heruntergeladen und an den Schulen ausgewertet werden.

Der jährliche Auswahlwettbewerb für die Internationale BiologieOlympiade (IBO), die Biologie-Olympiade in Deutschland, wird vom IPN – Leibniz-Institut für die Pädagogik der Naturwissenschaften und Mathematik, Kiel, im Auftrag des Bundesministeriums für Bildung und Forschung und in Zusammenarbeit mit den Kultusministerien der Länder durchgeführt.

*Burkhard Schroeter, Kiel*

ABB. 1 Ein fossiler Prachtkäfer (*Buprestidae*) aus der Grube Messel mit überlieferten Strukturfarben.  
Foto: U. Kiel.

# Fossile Insekten aus der Grube Messel Kleine Juwelen im Ölschiefer

SONJA WEDMANN

*Die Grube Messel ist eine weltberühmte Fossilagerstätte in Hessen, die besonders für ihre herausragend gut erhaltenen Wirbeltiere bekannt ist. Deswegen wurde die Grube Messel im Dezember 1995 als erstes UNESCO-Naturdenkmal Deutschlands in die Liste der Welterbestätten aufgenommen. Weniger bekannt ist, dass in Messel auch sehr viele fossile Insekten gefunden werden, die einzigartige Einblicke in eine Zeit vor 47,5 Millionen Jahren erlauben.*

Seit 1975 gräbt das Senckenberg Forschungsinstitut und Naturmuseum Frankfurt regelmäßig in der Grube Messel, und es wurden und werden zahlreiche, teilweise sensationelle Funde gemacht, darunter auch hervorragend erhaltene Insekten (Abbildung 1). Diese Fossilien öffnen ein Schaufenster in die Zeit des Eozäns, als Messel ein großer ► Maar-See in einem tropisch-subtropischen Urwald war [1]. Der Maar-Krater entstand vor etwa 48 Millionen Jahren durch eine vulkanische Explosion, die ein tiefes Loch in den Boden gesprengt hat. Der Krater füllte sich schnell mit Wasser und Sedimenten, und der so entstandene Maar-See existierte circa eine Million Jahre lang. Geografisch lag er im Eozän auf der Höhe der heutigen Alpen, später erfolgte die Verschiebung noch weiter nach Norden hin. Deswegen ist der eozäne Messel-See einmalig, denn bei einer durchschnittlichen Jahrestemperatur von ca. 20 °C herrschten damals subtropische bis tropische Temperaturen, aber dennoch schwankte die Tageslänge

im Jahresverlauf. Dies gibt es heute nicht mehr auf der Erde, vielleicht jedoch wieder in den kommenden Jahrzehnten, wenn die Erderwärmung weiter so voranschreitet, wie sie es aktuell tut [1].

Die heutige Fossilagerstätte Grube Messel (Abbildung 2) ist durch den Tagebau im 19. Jahrhundert entstanden, als der sogenannte „Ölschiefer“ abgebaut wurde. Aus dem dort gewonnenen Rohöl wurde z. B. Heizöl, Leucht- und Schmieröl, Benzin und Paraffin hergestellt. Erst 1971 wurde der Tagebau komplett eingestellt; dann drohte zwei Jahrzehnte lang die Verfüllung der Grube Messel mit Müll. Dies konnte zum Glück abgewendet werden, und seit 1995 ist die Fossilagerstätte Messel ein UNESCO-Naturerbe [1].

Die „Ölschiefer“ der Grube Messel sind die Ablagerungen des ehemaligen Sees, und in den tonigen, ► kerogenhaltigen Sedimenten sind zahlreiche Vertreter der ehemaligen Tier- und Pflanzenwelt bis in kleinste Details, teil-

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 145 erklärt.



ABB. 2 Blick in die Fossilagerstätte Grube Messel. Foto: S. Tränkner.

weise sogar mit Mageninhalt und Staubgefäßen überliefert. Am besten bekannt sind die Säugetiere der Grube Messel, und hier vielleicht die Urfpferchen (z. B. *Propalaeotherium bassiacum* oder *Eurobippus messelensis*), die viel kleiner waren als heutige Pferde und statt nur eines Hufes noch mehrere Finger und Zehen besaßen. [1]. Durch die jährlichen Ausgrabungen in der Grube Messel werden immer noch regelmäßig neue Fossilien entdeckt: meistens Pflanzen und Insekten, Wirbeltiere sind seltener. Die fossilen Insekten sind im Senckenberg-Institut mit aktuell über 20.000 Funden die mit Abstand größte Sammlung fossiler Tiere aus Messel. Nur Pflanzen werden noch häufiger gefunden.

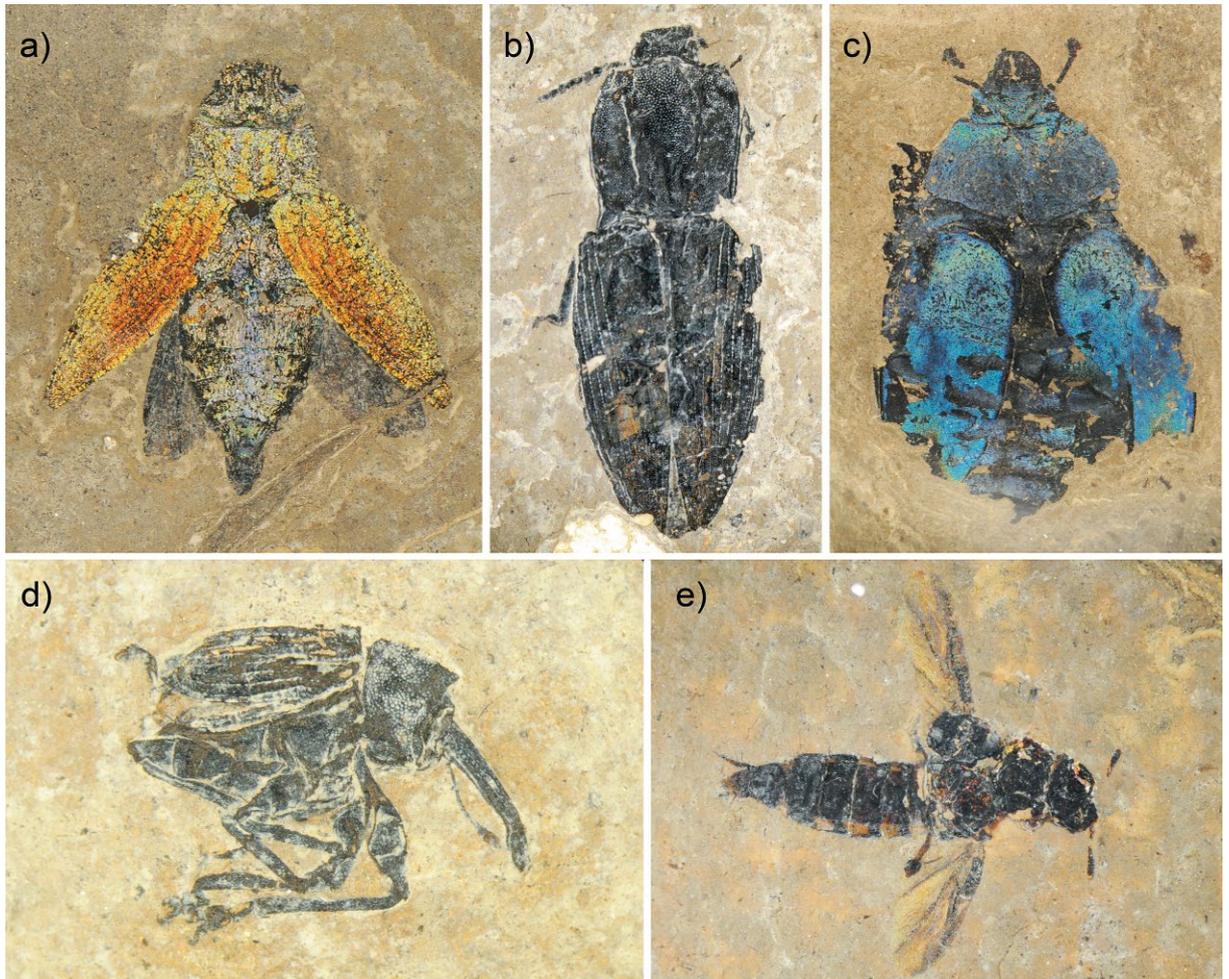
### Welche Insekten finden wir in Messel als Fossilien?

Quasi alle geflügelten Großgruppen der Insekten sind in Messel nachgewiesen. Das reicht von Eintagsfliegen (Ephemeroptera), Libellen (Odonata), Steinfliegen (Plecoptera), Ohrwürmern (Dermaptera), Schaben und Termiten (Blattodea), Gespenstschrecken (Phasmatodea), Heuschrecken (Orthoptera), Fransenflüglern (Thysanoptera), Wanzen (Heteroptera), Pflanzenläusen (Sternorrhyncha) und Zikaden (Auchenorrhyncha) hin zu den Hautflüglern (Hymenoptera), Netzflüglern (Neuroptera), Käfern (Coleoptera), Fächerflüglern (Strepsiptera), Schnabelfliegen (Mecoptera), Fliegen (Diptera), Köcherfliegen (Trichoptera) und Schmetterlingen (Lepidoptera) [1].

Meistens werden fossile Käfer gefunden; sie stellen etwa 60 Prozent der gesammelten Fossilien. Unter den Käfern sind Rüsselkäfer (Curculionoidea) am häufigsten, von denen die meisten ihrem Namen entsprechend einen rüsselartig verlängerten Kopf haben (Abbildung 3d). Am Ende des „Rüssels“ befinden sich die Mundwerkzeuge, mit denen die Käfer meist an Pflanzen fressen. In Messel reicht das Größenspektrum der Rüsselkäfer von winzigen 1 mm bis hin zu 20 mm Körperlänge. Sie sind sehr schwierig zu

#### IN KÜRZE

- Die UNESCO-Fossilagerstätte Grube Messel erlaubt Einblicke in **eine Zeit vor über 47 Millionen Jahren**, als das Klima weltweit deutlich wärmer war als heute. In der Grube Messel wurden und werden herausragend erhaltene Fossilien gefunden, darunter auch zahlreiche Insekten.
- Die Qualität der Fossilierung reicht bei den Messel-Insekten von **leuchtenden Strukturfarben über kleinste Details des Körpers** bis hin zu Pollen im Magen-Darm-Trakt und auf den Körpern.
- In der Grube Messel sind fast **alle heute lebenden Großgruppen der Insekten** überliefert. Dabei ist bemerkenswert, wie „modern“ die damaligen Insekten schon waren, denn viele können zu rezenten Gattungen gestellt werden. Dadurch können z. B. **Rückschlüsse auf den ehemaligen Lebensraum** und zu biogeografischen Beziehungen gezogen werden.



**ABB. 3** Fossile Käfer aus der Grube Messel. **a)** Prachtkäfer (Buprestidae), **b)** Schnellkäfer (Elateridae), **c)** Blatthornkäfer (Scarabaeoidea), **d)** Rüsselkäfer (Curculionidae), **e)** Kurzflügelkäfer (Staphylinidae). Fotos: U. Kiel, S. Wedmann.

bestimmen: Aus Messel sind trotz der Vielzahl an Funden erst vier Arten beschrieben [1]. Die zweithäufigste Käfergruppe sind die Schnellkäfer (Elateridae) (Abbildung 3b), die ihren Namen daher haben, dass sie sich mit einer Art „Sprunggelenk“ auf ihrer Bauchseite ganz plötzlich aus einer Rückenlage wieder auf die Beine „schnellen“ können. Es gibt auch sehr viele Prachtkäfer, bei denen die Strukturfarben sehr schön erhalten sind (Abbildung 1 und 3a). Für Blatthornkäfer (Abbildung 3c) und die verwandten Mistkäfer und Hirschkäfer zählt Messel zu den weltweit artenreichsten Fossilvorkommen [1]. Kurzflügelkäfer (Staphylinidae) sehen mit ihrer langgestreckten Körperform und den verkürzten Flügeldecken für Käfer eher untypisch aus. Unter den kurzen Deckflügeln sind die häutigen Hinterflügel klein zusammengefasst. Zum Flug werden sie entfaltet, wie auch bei dem Fossil zu sehen ist (Abbildung 3e). Es werden noch sehr viele weitere Käfer und Käfergruppen gefunden und es würde den Rahmen dieses Artikels sprengen, sie alle zu benennen.

Ebenfalls oft gefunden, aber nur stichprobenartig gesammelt werden die Köcher von Köcherfliegenlarven.

Dies sind kleine Bauten aus Sandkörnchen oder Seide (die ehemals darin wohnenden Larven sind nur sehr selten erhalten), deren Häufigkeit je nach Grabungsstelle stark schwanken kann. Hautflügler, also z. B. Ameisen, Wespen, Bienen und Verwandte, stellen fast 15 Prozent und Wanzen fast 12 Prozent der gesammelten Insektenfossilien. Einige sehr artenreiche Großgruppen der Insekten sind in der Grube Messel mit nur wenigen Funden vertreten wie z. B. Fliegen oder Schmetterlinge. Diese Seltenheit spiegelt in diesem Fall jedoch nicht ihre Seltenheit in der ehemaligen Lebensgemeinschaft wider, sondern ist mit großer Sicherheit taphonomisch bedingt. Das bedeutet, dass Schmetterlinge und Fliegen fossil wahrscheinlich deshalb so selten überliefert wurden, weil Faktoren wie ihr leichtes Gewicht und die im Verhältnis dazu große Fläche ihrer Flügel das Absinken im ehemaligen Messel-See erschwert haben [2]. Nur die Organismen, die bis zum Grund des tiefen, anoxischen Bereiches des Messel-Sees absanken und sich dort ablagern konnten, wurden als Fossilien erhalten [1].

Es scheint auf den ersten Blick merkwürdig zu sein, dass bei den Insektenfunden die fliegenden, eigentlich an

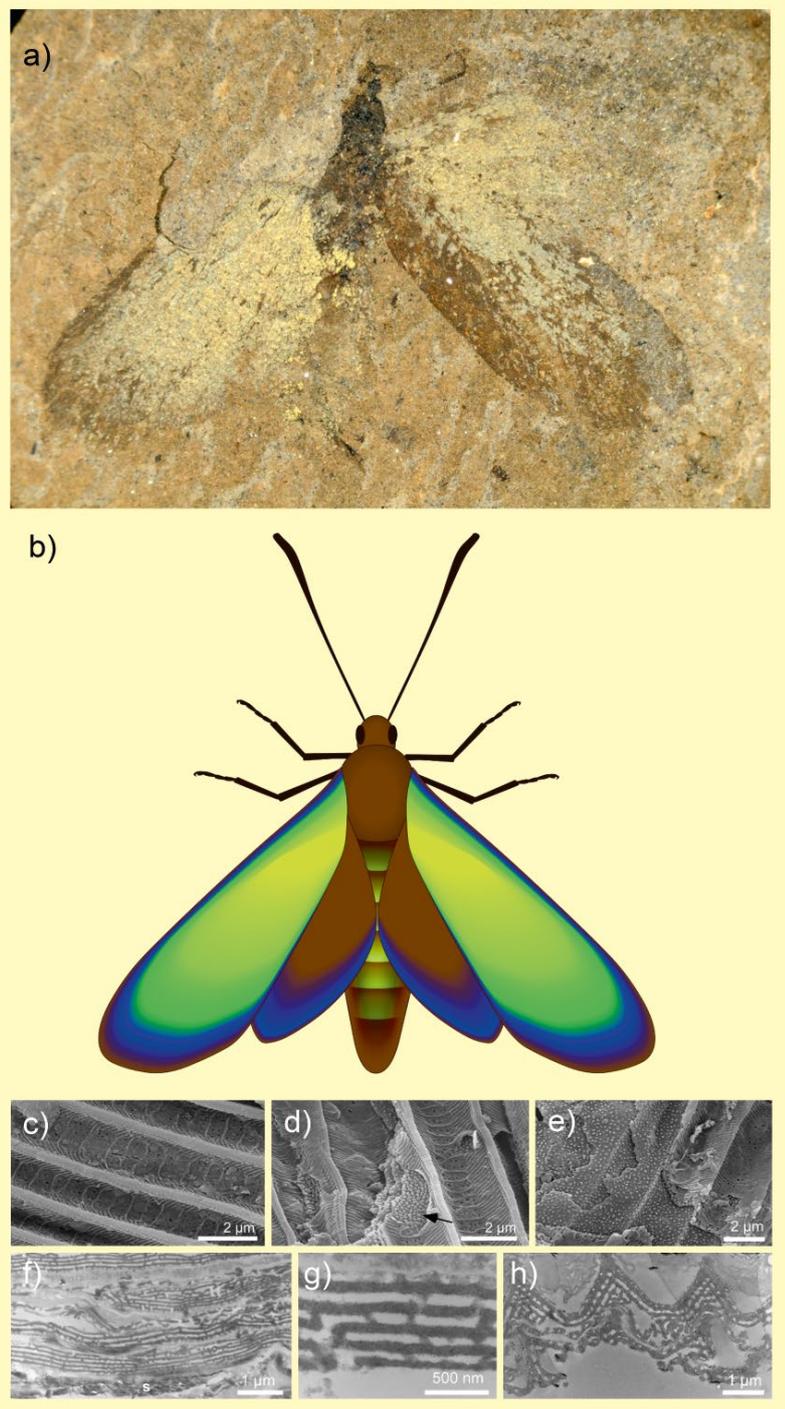
Land lebenden Gruppen häufiger sind als die wasserbewohnenden Insekten. Dies liegt daran, dass sich die fossilführenden Sedimente in den tiefen Bereichen des Sees gebildet haben, aber nicht in der Uferregion, wo die meisten wasserbewohnenden Insekten leben. Die meisten Insekten, die im Ölschiefer gefunden werden, sind beim Überfliegen des Sees auf die Wasseroberfläche gefallen und dann (mehr oder weniger schnell) in den anoxischen Bereich abgesunken [1].

### Die Farben der Messel-Insekten

Wie heutige Insekten leuchteten viele der Messeler Insekten zu ihrer Lebenszeit bunt. Diese Farben werden bzw. wurden einerseits durch Pigmente, also durch farbgebende Moleküle, erzeugt, und andererseits sind es Strukturfarben, die physikalisch entstehen. Die Proteine der Pigmentfarben wurden bei den Fossilisierungsvorgängen zerstört und sind deshalb in den fossilen Insekten von Messel nur als verschiedene Schattierungen von Brauntönen überliefert [1]. Die Insekten, deren Farben auf Strukturfarben beruhen, leuchten jedoch auch heute noch in ihren metallisch glänzenden Farben (z. B. Abbildung 1) – und das dauerhaft, wenn die Fundstücke in Glycerin aufbewahrt werden. Die Fossilien dürfen allerdings nicht austrocknen, denn dadurch würde die feine Struktur der Kutikula und damit die Strukturfarben zerstört.

Strukturfarben entstehen physikalisch durch Interaktionen des Lichtes mit sehr kleinen morphologischen Strukturen. Sie kommen zum Beispiel bei vielen Käfern in Messel vor, etwa bei Prachtkäfern und Blatthornkäfern (Abbildung 1 und 3), aber auch bei Schmetterlingen, deren Schuppen erhalten blieben und das Licht wie vor Jahrmillionen reflektieren. Während die in Glycerin gelagerten Fossilien in einem gelb-oranger-grünlichen Ton schillern, zeigen die Analysen und daraus folgende Rekonstruktionen, dass die Schmetterlinge leuchtend gelb-grün schillerten, als sie noch lebten (Abbildung 4a, b). Die geringen Änderungen der Reflexion sind wahrscheinlich durch Veränderungen der organischen Substanz, also des Chitins, bedingt [3]. Die fossil überlieferten Nanostrukturen der Schuppen auf den Schmetterlingsflügeln wurden mit Hilfe von ► Rasterelektronenmikroskopie (REM, Abbildung 4c-e), ► Transmissionselektronenmikroskopie (TEM, Abbildung 4f-h) und physikalischen Verfahren aufwendig untersucht [3]. Es zeigte sich, dass sich die Nanostrukturen der fossilen Schuppen nicht von denen der heute lebenden Schmetterlinge unterscheiden. Die untersuchten Schmetterlinge gehören wahrscheinlich zu den Grünwiderchen (*Zygaenidae: Procridinae*), einer Schmetterlingsgruppe, die heutzutage sowohl in gemäßigten als auch in tropischen Klimaten weit verbreitet ist. Heutige Grünwiderchen sind durch ihre grünlichen Schuppen beim Aufenthalt auf Blättern gut getarnt. Bei der Nahrungsaufnahme auf Blüten leuchten sie jedoch auffallend und warnen dadurch Fressfeinde vor ihrer Giftigkeit, denn sie enthalten Stoffe, die Blausäure freisetzen können.

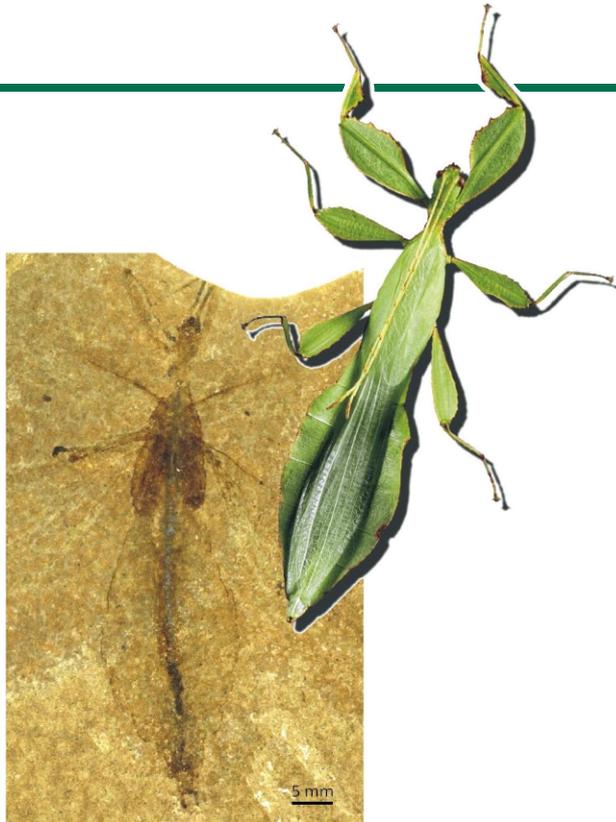
ABB. 4 | SCHMETTERLING AUS MESSEL



a) Fossil des Schmetterlings, b) Rekonstruktion seiner Farben, c-e) REM-Aufnahmen, f-h) TEM-Aufnahmen. Fotos: a) S. Wedmann, b-h) entnommen und modifiziert aus [3].

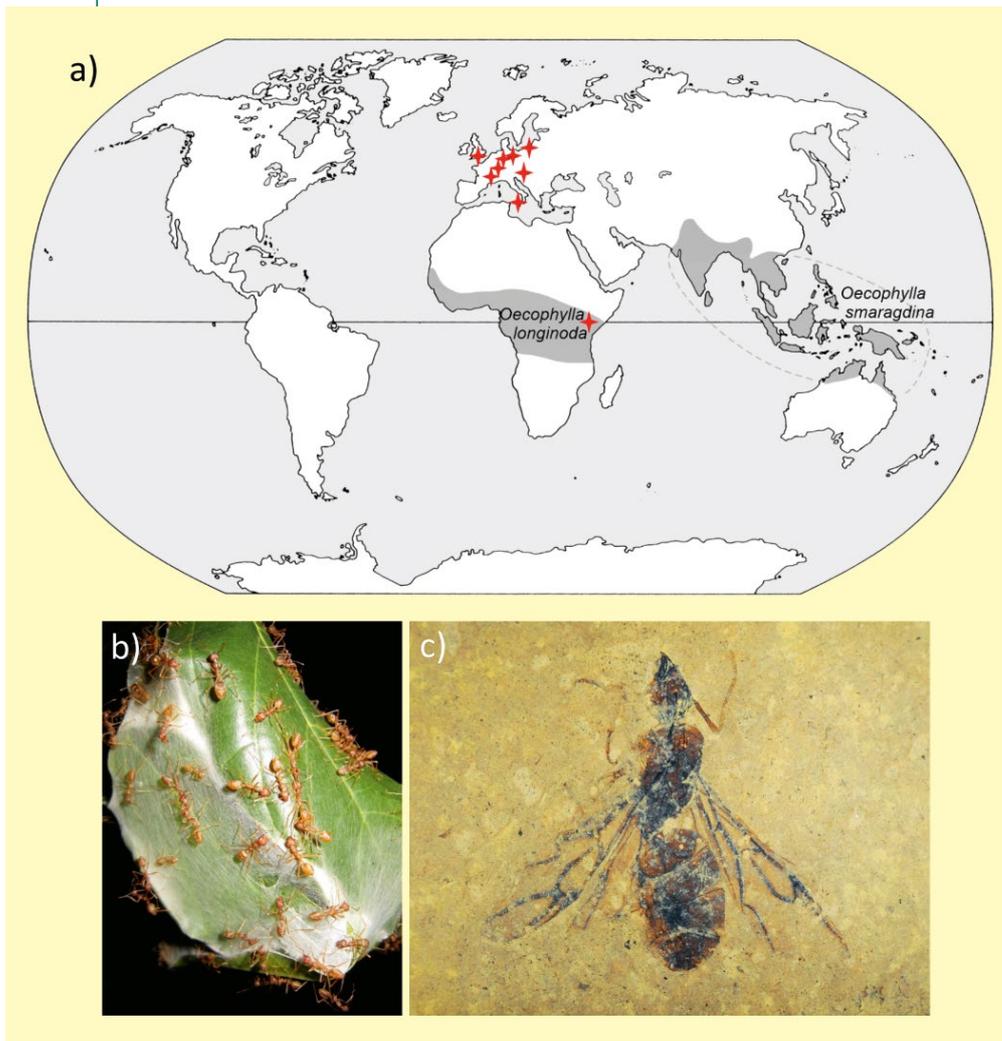
Diese Doppelfunktion visueller Signale ist auch von anderen Schmetterlingen bekannt. Die Messel-Fossilien zeigen, dass die Zweifachfunktion von Färbung als Tarnung und Abschreckung vermutlich schon bei ursprünglichen Grünwiderchen vorhanden war [3].

**ABB. 5** „Wandelnde Blätter“ – das fossile Exemplar ist ein Männchen und ähnelt sehr der heutigen Art *Phyllium celebicum* (rechts). Foto Fossil: S. Wedmann, Foto *P. celebicum*: G. Oleschinski.



**ABB. 6** Ausgestorbene Riesenameise aus Messel, auf Kunstharz umgebettet. Das abgebildete Exemplar hat eine Körperlänge von 6 cm. Foto: U. Kiel.

**ABB. 7 | RELIKTÄRE WEBERAMEISEN**



**a)** Verbreitung heutiger Weberameisen (grau hinterlegt) und Fundorte fossiler Weberameisen (rote Sternchen), **b)** Nest mit Weberameisen im südlichen Afrika, **c)** Weberameise *Oecophylla longiceps* aus Messel. Abb. a) modifiziert aus [6], Fotos: S. Wedmann.

**Das bisher einzige fossile „Wandelnde Blatt“**

Viele der fossilen Insekten hatten Pigmentfarben wie zum Beispiel das „Wandelnde Blatt“ *Eophyllium messelense* aus der Grube Messel – ein einzelner und bisher einzigartiger Fund weltweit (Abbildung 5). Wandelnde Blätter gehören zu den Gespenstschrecken (Phasmatodea), deren Vertreter unterschiedliche Tarnmechanismen entwickelt haben, die vom Nachahmen von Laubblättern bis zum Imitieren von Ästchen reichen.

Bei dem Messeler Wandelnden Blatt sind alle wichtigen Körperstrukturen und Details hervorragend erhalten. Ganz vorne liegt der Kopf mit den Fühlern, darunter sind dunkel die beiden verkürzten Vorderflügel zu sehen. Wenn man genau hinschaut, kann man auch den seitlich verbreiterten, blattähnlichen Umriss des Hinterleibes erkennen, der genauso aussieht wie bei einem rezenten Männchen. Auch das fossile Tier war also ein Männchen, was durch die Analyse der Geschlechtsorgane bestätigt werden konnte. In der Mitte des fossilen Hinterleibes ist sogar der Darmkanal überliefert, während im Foto bei dem rezenten Männchen die seidig glänzenden Hinterflügel über den Hinterleib gefaltet sind [4].

Dieser Fossilfund ist bisher weltweit einmalig. Er belegt, dass schon

im Eozän vor 47,5 Millionen Jahren Beutegreifer wie Vögel oder Primaten durch die Nachahmung von Laubblättern, also durch ► Mimese, optisch getäuscht worden sind. Solch eine optische Täuschung ist nur in Kombination mit einem reglosen Verharren während des Tages erfolgreich. Erst bei Nacht fressen Wandelnde Blätter die Blätter, auf denen sie so hervorragend getarnt sind. Gegenwärtig sind Wandelnde Blätter in Südostasien und angrenzenden Regionen verbreitet [4].

### Ausgestorbene Riesenameisen

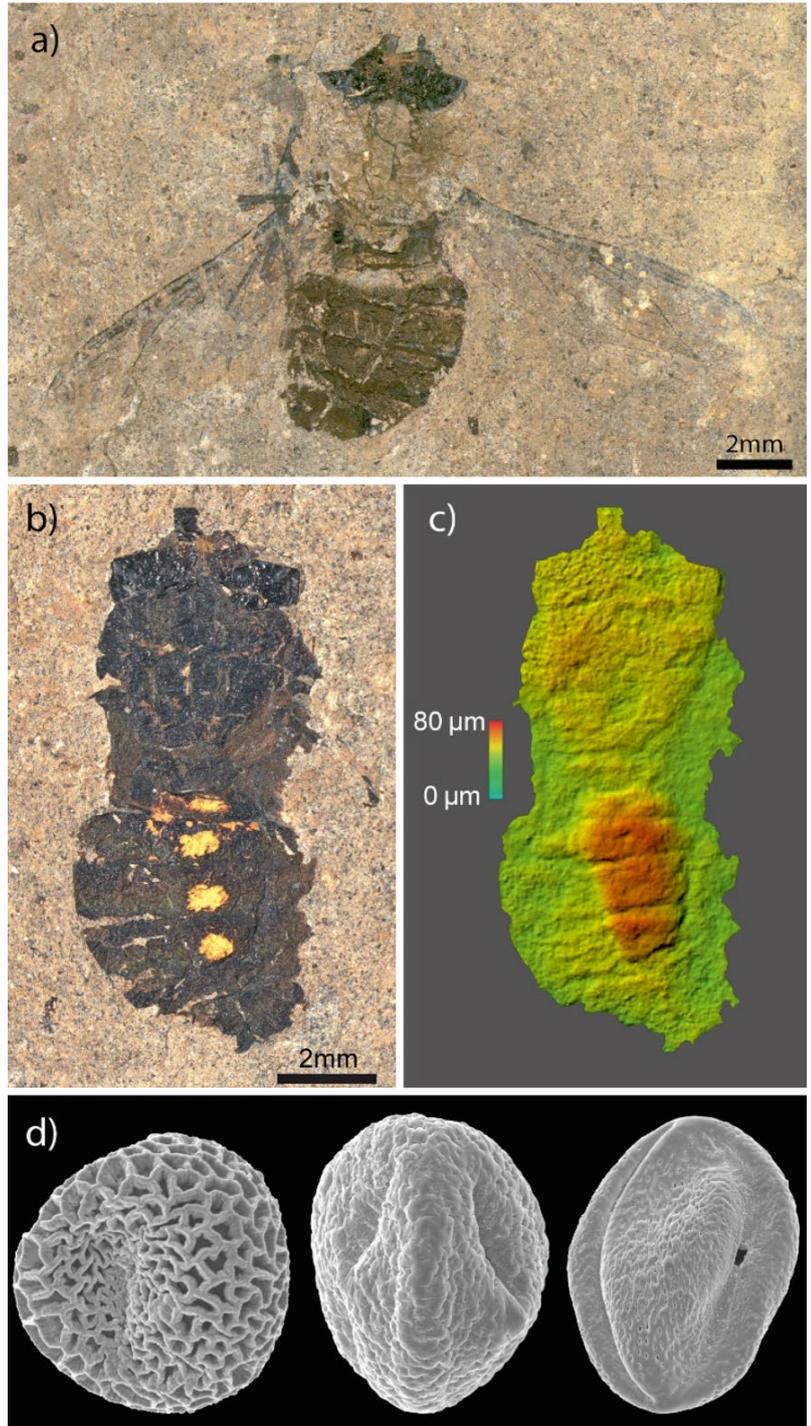
Ameisen (Formicidae) gehören zu den bekanntesten staatenbildenden Insekten. Damit neue Völker entstehen können, werden bei den meisten Arten geflügelte Königinnen und Könige gebildet. Diese geflügelten Ameisen, die während ihres „Hochzeitsfluges“ zahlreich in den damaligen Messel-See gefallen sind, werden vielfach als Fossilien gefunden. Zwei Arten von Riesenameisen der Gattung *Titanomyrma* – mit bis zu 15 cm Flügelspannweite wohl weltweit die größten Ameisen – sind in Messel am häufigsten (Abbildung 6) [1]. Heute sind die Riesenameisen ausgestorben, aber im Eozän waren sie in Europa und in Nordamerika verbreitet. Vermutlich bevorzugten die Riesenameisen ein warmes Klima mit relativ geringen Temperaturschwankungen, wie es im Eozän in Messel der Fall war. Möglicherweise waren kühle Winter ein begrenzender Faktor für ihre Verbreitung, was letztendlich auch zu ihrem Aussterben geführt haben könnte [5].

### ► Reliktäre Weberameisen

Heutzutage gibt es weltweit nur zwei Arten von Weberameisen der Gattung *Oecophylla*, die in den Tropen und Subtropen von Afrika und Südostasien verbreitet sind. Diese beiden Arten leben geographisch deutlich voneinander getrennt. Die Art *Oecophylla longinoda* kommt vom äquatorialen Afrika bis nach Südafrika vor; *O. smaragdina* ist von Indien bis zum nördlichen Australien verbreitet (Abbildung 7a). Beide Arten bauen Nester aus Blättern in den Baumwipfeln, bei denen sie – mit Hilfe von Seidenfäden, die von ihren Larven produziert werden – einzelne Blätter zu größeren Nestern zusammenweben [6] (Abbildung 7b).

Die Weberameisen von Messel (Abbildung 7c, Körperlänge 14 mm) gehören zu den ältesten Fossilfunden dieser Gruppe. Weitere fossile Arten wurden in verschiedenen Bernsteinen und Sediment-Lagerstätten in ganz Europa gefunden (rote Sternchen in Abbildung 7a), die altersmäßig vom Eozän bis ins Miozän reichen. Laut Fossilbericht scheinen teilweise auch zwei Arten pro Region koexistiert zu haben, was heute wohl nicht mehr der Fall ist. In Europa sind Weberameisen inzwischen – vielleicht auch mit den Klimaveränderungen zusammenhängend – ausgestorben [6].

Schon die fossilen Arten sind ► polymorph, haben also Arbeiterinnen mit sehr verschiedenen Größen. Wie die heutigen Weberameisen (Abbildung 7b) hatten auch die



**ABB. 8** Fossile Netzfliege mit gefressenem Pollen im Hinterleib. a) Fossilplatte mit Körper und Flügeln. b) und c) Gegenplatte, der Hinterleib der Fliege ist aufgewölbt, bei b) sind vier helle Beprobungsstellen sichtbar, an denen Pollen entnommen wurde, c) farbkodiertes 3D-Relief, erhöhte Bereiche orange gefärbt. d) Drei stark vergrößerte Pollenkörner aus dem Hinterleib, aufgenommen mit REM. Abb. modifiziert aus [6], Fotos: S. Wedmann, F. Grímsson.

fossil überlieferten Arten Oberkiefer (Mandibeln) mit einem spitzen apikalen Zahn, der von den heutigen Arten zum Zusammenziehen der Blätter beim Nestbau eingesetzt

wird. Das könnte darauf hindeuten, dass schon sehr früh Nester aus Blättern gebaut wurden. Der Fund eines fossilen Nestes aus dem Miozän von Afrika belegt eindeutig, dass die dort überlieferte Art bereits Nester aus Blättern baute und wohl in den Baumwipfeln lebte [6].

### Die Henkersmahlzeit einer Fliege

Wie eingangs erwähnt, sind Fliegen in der Grube Messel eher selten zu finden. Umso bemerkenswerter ist es, dass aus einer Fliegenfamilie, den Netzfliegen (Nemestrinidae), bereits zwei Fossilien beschrieben wurden. Einer der Funde ist besonders interessant, da im Hinterleib der fossilen Fliege eine Aufwölbung erhalten ist (Abbildung 8). Eine Untersuchung ergab, dass diese Aufwölbung aus Blütenstaub besteht, den die Fliege am letzten Tag ihres Lebens gefressen hatte. Von diesem Blütenpollen konnten minimal-invasiv kleinste Proben entnommen werden, die dann aufbereitet und bestimmt wurden [7].

Aus dem Hinterleib der Netzfliege konnten auf diese Weise Pollen von Pflanzen aus den Familien der Sapoten- und Ölbaumgewächse (Sapotaceae, Oleaceae) sowie aus den heutigen Gattungen der Wasserweideriche (*Decodon*)

und Jungferneben (*Parthenocissus*) identifiziert werden. Mit über 50 Prozent machten Pollen der Jungfernebe den Hauptanteil des gefressenen Blütenstaubs aus, dicht gefolgt von Pollen des Wasserweiderichs. Letztere ist eine krautige, in der Regel einen halben bis zwei Meter hohe Pflanze, die in seichten Gewässern und an deren Rändern wächst. Die hohe Anzahl der *Parthenocissus*-Pollen unterstützt die Rekonstruktion, dass die Fliege sich von Pflanzen ernährte, die am Waldrand und entlang des Messel-Sees wuchsen. Die Fliegen haben sehr wahrscheinlich auf Langstreckenflüge zwischen ihren Futterpflanzen verzichtet, um Energie zu sparen. Deswegen scheint sicher, dass die zu den Pollen gehörigen Pflanzen auf einem relativ kleinen Gebiet nahe am ehemaligen Messel-See zu finden waren [7].

Der Fossilfund ist der erste Beleg, dass sich Netzfliegen in der Vergangenheit von Blütenpollen ernährten und es möglicherweise bis heute tun. Über die Ernährungsgewohnheiten der heutigen Arten der Netzfliegen-Gattung *Hirmoneura* gibt es bisher keine Informationen. Man kann also sagen, dass wir in diesem Fall durch ein Fossil etwas über die Ökologie einer Insektengattung erfahren haben, was bei den jetzt lebenden Verwandten noch nicht untersucht worden ist. Außerdem hebt dieser Fund die Bedeutung von blütenbesuchenden Fliegen als mögliche Bestäuber hervor [7].

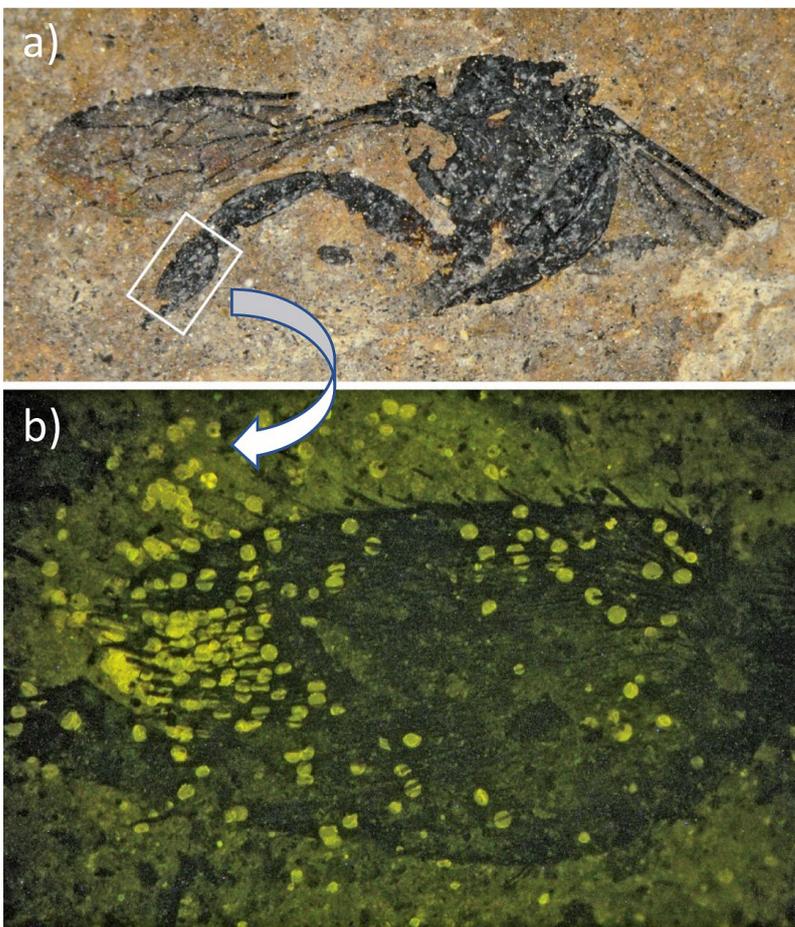
### Pollen und Bestäubung

Die Bestäubung von Blütenpflanzen durch Insekten ist ein schönes Beispiel für Koevolution. Die wechselseitigen Beziehungen sind oft hochkomplex: Bienen sind wichtige Bestäuber von Blütenpflanzen, und schon im Eozän gab es eine vielfältige Bienenfauna. Bei fossilen sozialen Bienen aus Messel wurden Pollenkörner entdeckt (Abbildung 9), die sich sowohl auf ihren Körpern verteilt als auch in den Pollensammelapparaten an ihren Beinen befanden. In den Pollensammelapparaten („Körbchen“) konnten Pollen anderer Pflanzenarten nachgewiesen werden als auf dem Körper zu finden waren [8].

Wahrscheinlich sammelten die Bienen die Pollenkörner, die sich auf den Pollensammelapparaten der Beine befinden, aktiv und auch selektiv, denn heutzutage – und vermutlich auch im Eozän – bringen soziale Bienen den in den Körbchen auf den Hinterbeinen dicht gepackten Pollen in ihr Nest, um damit ihre Larven zu füttern. Der eher einzeln verteilt auf dem Körper befindliche Pollen blieb wohl zufällig an den Bienen haften, als sie z.B. auf der Suche nach Nektar waren, der die Hauptnahrung der erwachsenen Bienen darstellt [8].

### Bizarre Gestalten – Wanzen aus Messel & Green River

Fossile Baumwanzen-Funde sind unter den Messel-Insekten gar nicht so selten, aber eine kürzlich beschriebene Art ist wirklich bemerkenswert: *Eospinosus peterkulkai*. Diese Art beeindruckt durch ihre Wehrhaftigkeit, denn sie



**ABB. 9** a) Fossile Biene aus Messel, Flügellänge 7 mm. b) Detailfoto vom Fußsegment der Biene mit grün fluoreszierenden Pollenkörnern (UV-beleuchtet). Abb. modifiziert aus [1], Fotos: S. Wedmann.

hat dornartige Auswüchse an verschiedenen Stellen ihres Körpers: am Halsschild direkt neben dem Kopf, an den beiden vorderen Ecken des Halsschildes und am Rand des Hinterleibes (Abbildung 10). Die Dornen dienten wahrscheinlich vor allem zur Tarnung, weil sie den Körperumriss auflösen. Doch solche Strukturen können auch Beutegreifern wie Vögeln oder Reptilien die Jagd erschweren, da die stacheligen Insekten den Räubern quasi im Hals stecken bleiben. Zusammen mit den Stinkdrüsen, die alle Wanzen haben, halfen die Stacheln den Insekten also vermutlich bei der Abwehr ihrer Fressfeinde [9].

Während heute ähnlich bizarr aussehende Wanzen nur in Madagaskar und in Südamerika vorkommen, war dieses Erscheinungsbild im Eozän auch in der Nordhemisphäre verbreitet. Denn in der ebenfalls eozänen Fundstelle *Green River* in Nordamerika wurde ein Fossil gefunden, das den Messeler Wanzen frappierend ähnlich sieht [9]. Das Fossil hat noch etwas Besonderes: Wenn man genau hinguckt, sieht man etwa in seiner Körpermitte eine kleine braunorangefarbene Struktur. Dies ist Pflanzensaft, den das Tier in seinem Bauch hatte, als es gestorben ist, und der jetzt zu Bernstein geworden ist [9].

### Zusammenfassung

Die Fossilagerstätte Grube Messel ermöglicht durch die sehr gute Erhaltung ihrer Fossilien einzigartige Einblicke in die Zeit des Eozäns vor etwa 47,5 Millionen Jahren. Insekten waren im ehemaligen Ökosystem sehr häufig und werden oft in den Ölschiefer-Sedimenten gefunden. Bei vielen der Insekten sind die Strukturfarben fast unverändert, so dass sie in ihren ursprünglichen Farben leuchten. Besondere Funde wie die eines fossilen Wandelnden Blattes, von Weberameisen oder von bizarr gestalteten Baumwanzen erlauben nicht nur Einblicke in die enorme Vielfalt der ehemaligen Lebensgemeinschaften, sondern erlauben auch Rückschlüsse zur Evolution und zur Biogeographie. Ohne diese Fossilnachweise wären z. B. biogeographische Rekonstruktionen unvollständig. Analysen der auf manchen Fossilien vorhandenen Pollenkörner ermöglichen neue Erkenntnisse zur Lebensweise, zur Bestäubung und zum Fressverhalten, die beispielsweise bei den Netzfliegen noch nicht für die heutige Gruppe bekannt waren.

### Summary

#### Small jewels in the oil shale

Due to the exceptionally good preservation of its fossils, the Fossilagerstätte Grube Messel provides unique insights into the Eocene period, approximately 47.5 million years ago. Insects were very common in the former ecosystem and are often found in the oil shale sediments. In many of the insect fossils, the structural colours are almost unchanged, thus shining in their original hues. Special finds, for example those of a fossilized walking leaf, weaver ants, or bizarrely shaped shield bugs, do not only provide insights into the tremendous diversity of past communities but also offer clues as to evolution and biogeography. Without these



**ABB. 10** Stachelbewehrte Baumwanze aus Messel mit fossilem Pflanzensaft als Mageninhalt. Foto: S. Wedmann.

### GLOSSAR

**Kerogen:** Feste organische Substanz fossilen Ursprungs.

**Maar-See:** Ein besonders tiefgründiger See, der sich in einem ehemaligen Maar-Krater gebildet hat, der also einen vulkanischen Ursprung hat.

**Mimese:** Besondere Form der Tarnung.

**Polymorphismus:** Vielgestaltigkeit, insbesondere im Körperbau.

**Rasterelektronenmikroskopie (REM):** Sehr hoch auflösende Methode der Mikroskopie, bei der durch Nutzung eines Elektronenstrahls die Oberflächen der Untersuchungsobjekte abgebildet werden können.

**Reliktär:** Im Vergleich zu früher kleinere heutige Verbreitung.

**Taphonomie:** Die Untersuchung von allem, was mit einem organischen Körper zwischen dem Tod des ursprünglichen Organismus und dem Zeitpunkt, an dem der fossil gewordene Körper von einem Sammler gefunden wird, passiert.

**Transmissionselektronenmikroskopie (TEM):** Sehr hoch auflösende Methode der Mikroskopie, mit der durch Nutzung eines Elektronenstrahls bei biologischen Objekten interne Strukturen abgebildet werden können.

*fossil records, biogeographic reconstructions, for instance, would be incomplete. Analyses of pollen grains present on some fossils provide new insights into lifestyle, pollination, and even feeding behaviour that were previously unknown for certain groups, such as the tangle-veined flies.*

### Schlagworte:

Insekten, Grube Messel, UNESCO-Welterbe, Fossilagerstätte, Eozän

### Danksagung

Herzlicher Dank geht an das gesamte Senckenberg Grabungsteam der Forschungsstation Grube Messel, die alle diese fossilen Schätze mit der Unterstützung von zahlreichen Grabungspraktikant/-innen in mühseliger Feldarbeit ausgegraben haben, und an Uta Kiel, die die Insekten präpariert, fotografiert und auch in jeglicher anderen Hinsicht sorgfältig betreut. Ebenso herzlich möchte ich mich bei den zahlreichen Wissenschaftlerkolleg/-innen für die Zusammenarbeit bedanken, ohne die eine wissenschaftliche Bearbeitung vieler Insektengruppen nicht möglich wäre.

### Literatur

- [1] S. F. K. Schaal et al. (Hrsg.) (2018). Messel – Ein fossiles Tropenökosystem. E. Schweizerbart'sche Verlagsbuchhandlung, Stuttgart.
- [2] X. Martínez-Delclòs, J. Martinell, J. (1993). Insect taphonomy experiments. Their application to the Cretaceous outcrops of lithographic limestones from Spain. *Kaupia* 2, 133–144.
- [3] M. E. McNamara et al. (2011). Fossilised biophotonic nanostructures reveal the original colors of 47 million-year-old moths. *PloS Biology* 9(11), e1001200, <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001200>
- [4] S. Wedmann et al. (2007). The first fossil leaf insect: 47 million years of specialized cryptic morphology and behavior. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 104 (2), 565–569, <https://doi.org/10.1073/pnas.0606937104>
- [5] S. B. Archibald et al. (2023). Eocene giant ants, Arctic intercontinental dispersal, and hyperthermals revisited: discovery of fossil

- Titanomyrma (Hymenoptera: Formicidae: Formiciinae) in the cool uplands of British Columbia, Canada. *The Canadian Entomologist* 155, e6. <https://doi.org/10.4039/tce.2022.49>
- [6] G. M. Dlussky et al. (2008). New middle Eocene formicid species from Germany and the evolution of weaver ants. *Acta Palaeontologica Polonica* 53(4), 615–626. <https://doi.org/10.4202/app.2008.0406>
  - [7] S. Wedmann et al. (2021). The last meal of an Eocene pollen-feeding fly. *Current Biology* 31(9), 2020–2026. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.02.025>
  - [8] T. Wappler et al. (2015). Specialized and generalized pollen-collection strategies in an ancient bee lineage. *Current Biology* 25(23), 3092–3098. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2015.09.021>
  - [9] S. Wedmann et al. (2021). Bizarre morphology in extinct Eocene bugs (Heteroptera: Pentatomidae). *Royal Society Open Science*, 211466, <https://doi.org/10.1098/rsos.211466>

### Verfasst von:



Sonja Wedmann studierte an der Universität Osnabrück Biologie und promovierte 1998 an der Georg-August-Universität Göttingen. Nach einem Volontariat am Niedersächsischen Landesmuseum Hannover hat sie als Postdoc am Institut für Paläontologie der Universität Bonn gearbeitet. Seit 2007 leitet sie die Sektion Paläontologie an der Senckenberg Forschungsstation Grube Messel und ist auch für die Senckenberg-Grabungen in der Grube Messel zuständig. Ihre Forschungsschwerpunkte sind die Biodiversität, Evolution und Ökologie fossiler Insekten aus dem Paläogen.

### Korrespondenz:

Dr. Sonja Wedmann  
Senckenberg Forschungsstation Grube Messel  
Markstraße 35  
64409 Messel  
E-Mail: [sonja.wedmann@senckenberg.de](mailto:sonja.wedmann@senckenberg.de)

## VERSTETIGUNG DES OPEN SCIENCE OFFICE AN DER UNIVERSITÄT MANNHEIM

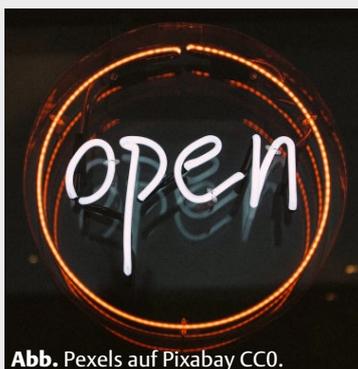


Abb. Pexels auf Pixabay CC0.

Das Open Science Office wurde im Jahr 2021 eingerichtet, um Open Science institutionell zu verankern und eine zentrale Anlaufstelle für Anfragen rund um das Thema Offene Wissenschaftskultur innerhalb der Universität zu schaffen. Es unterstützt Wissenschaftler/-innen aller Karrierestufen und Disziplinen bei der Umsetzung von Open-Science-Praktiken durch Beratung, Fortbildungen sowie spezielle Förderung. Zwischen 2021 und 2023 wurden zahlreiche Workshops, Seminare und Schulungen im Rahmen der Research

Skills Seminare der Universitätsbibliothek durchgeführt. Neben der Unterstützung beim Einwerben von Drittmitteln werden eigene Open Science Grants angeboten, die Wissenschaftler/-innen Anreize bieten, Open-Science-Praktiken in ihre Forschung zu integrieren. Die Verstetigung des Open Science Office nach drei Jahren Anschubfinanzierung unterstreicht das klare Bekenntnis der Universität zur transparenten und reproduzierbaren Forschung sowie ihre aktive Rolle bei der Förderung von Open Science.

# Historische Spurensuche zu Ökologie und Evolution

## Umwelt-DNA aus der Vergangenheit

MIKLÓS BÁLINT | LAURA S. EPP

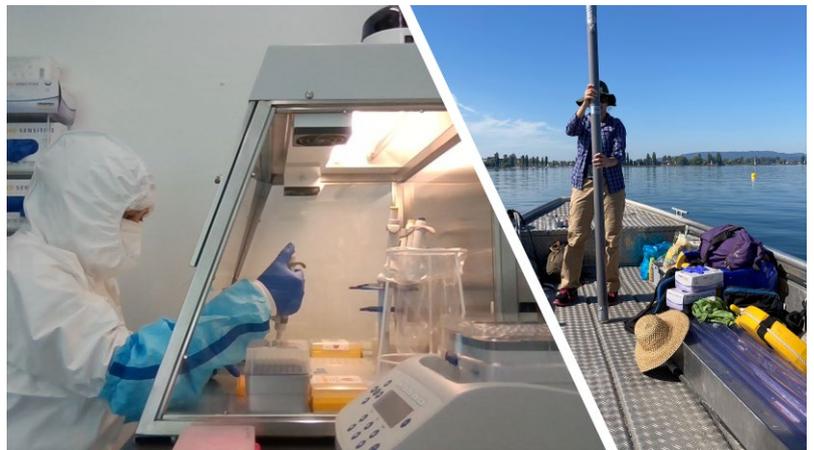
*Alte Umwelt-DNA kann vergangene biologische Vielfalt rekonstruieren und genomische Variationen erkennen, selbst wenn Arten keine sichtbaren Überreste hinterlassen.*

Als im Jahr 2003 ein internationales Forschungsteam um Eske Willerslev von der Universität von Kopenhagen alte DNA aus eiszeitlichen arktischen Permafrostböden extrahierte [1], war die Relevanz dieser Ergebnisse noch nicht abzusehen. Tatsächlich war damit aber der Grundstein für ein seit einigen Jahren stetig wachsendes Feld der Analyse von Ökosystemen und biologischen Gemeinschaften gelegt: der Nutzung von Umwelt-DNA oder *environmental DNA*, inzwischen üblicherweise abgekürzt als eDNA. Aktuelle Nutzungsmöglichkeiten der eDNA reichen vom hochsensiblen Nachweis von neu eingewanderten oder seltenen endemischen Arten [2] über die Etablierung von neuen Routinen zum Monitoring ganzer Gemeinschaften [3], zum Aufspüren von Säugetier-DNA in Zusammenhang mit Zoonosen [4], dem Artenschutz und eben der Rekonstruktion vergangener Ökosysteme [5]. Diese DNA kann direkt aus Wasser, Boden oder auch Luft gewonnen werden und ist inzwischen eine wichtige Quelle von Biodiversitätsinformationen.

Alte Umwelt-DNA – *ancient environmental DNA* oder aeDNA – lässt sich aus einer Vielzahl von Ablagerungen extrahieren. Dazu gehören Sedimentbohrkerne aus Seen und Meeren, Paläoböden oder Höhlensedimenten [6] und Höhlenmineralien [7]. Die Untersuchungen der ersten Jahre waren mühsam und von vielen Rückschlägen gekennzeichnet, jedoch hat sich das Feld mit der Einführung von neuen Sequenzierungstechnologien rasant entwickelt, und es entwickelt sich weiter. Dabei liefert es sehr wertvolle Daten zur Geschichte von Arten und Ökosystemen und gibt weiterhin methodische Impulse, die über Paläökologie und Evolution hinauswirken.

### Zeitreihen biologischer Vielfalt – hochauflösend und umfassend

Die aeDNA ermöglicht es, kontinuierliche und umfassende Zeitreihen der biologischen Vielfalt über lange Zeiträume zu erzeugen, die eine Vielzahl von Arten und geogra-



fischen Kontexten umfassen. Ein besonderes Merkmal von eDNA-Daten ist ihre große taxonomische Breite. Dies erlaubt die gleichzeitige Untersuchung mehrerer taxonomischer Gruppen von Organismen, einschließlich solcher, die keine sichtbaren Überreste hinterlassen. So können z. B. auch viele Algen, Pilze und Tiere erfasst werden, die keine festen Bestandteile vorweisen, oder von denen nur kleinste Partikel in die Umweltprobe gelangen. Die aeDNA kann deshalb zur Bewertung ökologischer Theorien, Hypothesen und Modelle eingesetzt werden, die eine umfassende Abdeckung langer Zeiträume und eine große taxonomische Vielfalt erfordern. Damit können z. B. Zeitreihendaten über verschiedene trophische Ebenen und funktionelle Gruppen hinweg verglichen werden – teilweise sogar mit einer Auflösung auf Artniveau.

Solche eDNA-Beprobungen über Zeit und Raum hinweg können zudem Aufschluss über Veränderungen in den räumlichen Mustern des Vorkommens von Arten geben und Verschiebungen der relativen Häufigkeiten an verschiedenen Orten im Laufe der Zeit aufzeigen. Wichtig ist das bei der Analyse von räumlichen Mensch-Umwelt-Beziehungen auf Zeitskalen von Jahrtausenden. Die aeDNA-Analyse zweier Seen auf einer potenziellen Besiedlungsrouten von Menschen nach Nordamerika über das Festland konnte wichtige Argumente in der Debatte über die wahrscheinlich genommene Route liefern: Die Daten zeigten, dass die Umwelt in dem sich öffnenden, 1500 km langen Korridor zwischen den großen Eisschilden des

nördlichen Nordamerikas erst dann für das Überleben großer Säugetiere geeignet wurde, als die ersten menschlichen Siedlungen südlich der Eisschilde auftauchten. Dies stützt die These, dass die Besiedlung Amerikas eher entlang der Pazifikküste verlief als über Land [8].

Mit Hilfe von aeDNA können wir Artengemeinschaften auf Zeitskalen von Jahrzehnten bis zu Jahrmillionen rekonstruieren und bislang unbekannte Ökosysteme sichtbar machen. Zum Beispiel liegt der größte Teil Grönlands heute unter Eis, aber vor etwa zwei Millionen Jahren gab es dort artenreiche, offene Waldökosysteme. Von diesen Ökosystemen sind nur sehr wenige organismische Überreste erhalten. Aus diesen Ablagerungen gewonnene aeDNA zeigt aber, dass diese alten Wälder aus Pappeln, Birken und borealen Sträuchern bestanden und dass Säugetiere wie Mastodon, Rentiere und verschiedene Nagetiere sowie Gänse in ihnen lebten. Damals herrschte in Grönland ein ähnlich warmes Klima, wie es in den aktuellen Erwärmungsszenarien vorhergesagt wird, und dies ermöglichte das Gedeihen von fremdartigen Waldökosystemen, die ganz anders waren als die uns heute bekannten [9].

### Bedeutung für das Verständnis der jüngeren Umweltgeschichte und den Naturschutz

Eine solch langfristige, Millionen Jahre währende Erhaltung von aeDNA ist eher eine Ausnahme, die nur durch außergewöhnlich günstige Bedingungen für die DNA-Konservierung ermöglicht wird, wie sie etwa in (sehr) kalten Regionen der Erde vorherrschen. Unter weniger günstigen Bedingungen – also in wärmeren Klimazonen – überlebt aeDNA jedoch immerhin Jahrzehnte, Jahrhunderte oder Jahrtausende. So kann nahezu überall mit relativ geringer Mühe die jüngere Vergangenheit von Ökosystemen untersucht werden. Das erlaubt eine (zeit)historische genetische Untersuchung von verschiedenen Aspekten des globalen Wandels: Klimaerwärmung, Ausbeutung von Ressourcen, Einführung nicht heimischer Arten, Umweltverschmutzung oder veränderte Landnutzung (Abbildung 1).

Untersuchungen von Seesedimenten haben hier bereits wichtige Beiträge für verschiedene Organismengruppen geliefert [10], z.B. für Cyanobakterien, die einen

wichtigen Teil der photosynthetischen Lebewesen in Süßwasserseen ausmachen. Veränderungen in ihrer Zusammensetzung werden häufig mit Eutrophierung und Klimaerwärmung in Verbindung gebracht. Aufgrund des Vorkommens toxischer Arten ist dies auch von erheblicher Bedeutung für den Gewässerschutz. Eine Analyse von zehn Seen der europäischen Alpen hat ergeben, dass die Cyanobakterien-Gemeinschaften der verschiedenen Seen sich in den letzten 100 Jahren immer ähnlicher wurden [11]. Diese Homogenisierung der Zusammensetzungen kann als wahrscheinliche Folge des Klimawandels und der Eutrophierung im 20. Jahrhundert gesehen werden, die dazu geführt haben, dass sich toxische und Blüten bildende Cyanobakterien im Laufe der Zeit ausgebreitet haben. Menschliche Einflüsse auf Cyanobakterien in Seen können allerdings bereits jahrtausendealt sein, wie aeDNA-Untersuchungen am Tiefen See in Mecklenburg-Vorpommern nahelegen [12]. Dort führte eine mutmaßliche menschliche Landnutzung in der Bronzezeit zu Änderungen der Cyanobakterien-Gemeinschaft, die bis heute besteht – vielfältigen Umweltveränderungen seit dieser Zeit zum Trotz.

In der jüngeren Geschichte sind Änderungen des Nährstoffeintrags und der Phytoplanktongemeinschaften in Seesystemen gut dokumentiert – so auch am Bodensee. Dort konnte eine dramatische Eutrophierung – vor allem in der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts – durch strenge Umweltregelungen wieder teilweise rückgängig gemacht werden. Dadurch sind die Nährstoffkonzentrationen seit den 1990ern wieder deutlich gesunken (Re-Oligotrophierung). Hier zeigten aeDNA-Daten aus einem Sedimentkern große Veränderungen in der Zusammensetzung der Diatomeen-, Cyanobakterien- und allgemeinen mikrobiellen Eukaryotengemeinschaften im Zusammenhang mit der Eutrophierung. Neben einer Änderung der Artengemeinschaften zeigte sich in allen untersuchten Gruppen eine Verringerung der Biodiversität. Nach der Re-Oligotrophierung kehrte der Artenreichtum zurück. Allerdings unterscheidet sich die genetische Zusammensetzung der heutigen Gemeinschaften deutlich von der historischen [13].

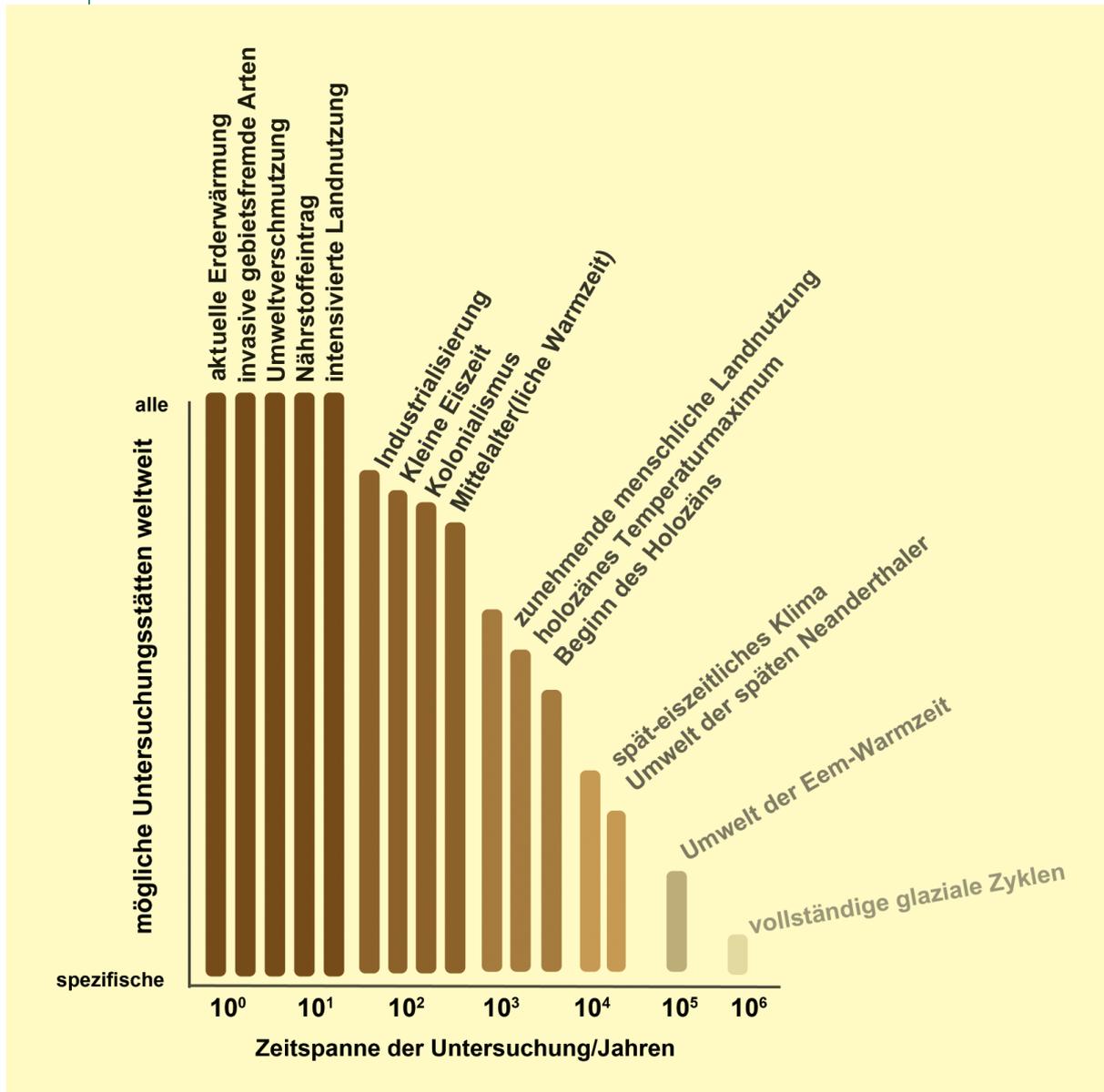
### Evolutionäre Informationen aus alter Umwelt-DNA

Obwohl die Evolution traditionell als ein Prozess betrachtet wird, der über lange Zeiträume abläuft, ist inzwischen allgemein anerkannt, dass sie auch auf ökologischen Zeitskalen ablaufen kann – angetrieben durch Rückkopplungsschleifen zwischen Selektionsdruck, evolutionären Reaktionen und ökologischer Dynamik. Informationen zu diesen Prozessen können wir durch genomische Untersuchungen gewinnen – sowohl durch die Analyse von Genen, die einer Selektion unterliegen, als auch von Genen, die das nicht tun (sogenannte neutral evolvierende Gene). Die aeDNA bietet die einzigartige Möglichkeit, gleichzeitig ökologische Informationen (wie Vorkommen,

#### IN KÜRZE

- Umweltproben wie Sedimente und andere Ablagerungen liefern **hochauflösende und umfassende Zeitreihen** an Biodiversitätsinformationen aus DNA.
- Untersuchungen über Jahrmillionen bis zu Jahrzehnten machen die **Auswirkungen von veränderten Umweltbedingungen** und menschlichem Einfluss auf Ökosysteme und einzelne Arten sichtbar.
- **Ökologische und evolutionäre Informationen** können parallel aus den Daten erhalten werden.
- Alte Umwelt-DNA kann **Biomonitoring-Zeitreihen in die Vergangenheit verlängern**.
- Mit der Erweiterung von **genomischen Referenzdatenbanken** und der Optimierung von Analysen wird der Informationsgehalt weiter steigen.

ABB. 1 | MÖGLICHE UNTERSUCHBARE UMWELTASPEKTE UND UNTERSUCHUNGSSTÄTTEN



Es besteht ein Spannungsfeld zwischen der langfristigen Erhaltung der aeDNA und der Breite der Untersuchungsstätten weltweit, an denen aeDNA zur Rekonstruktion der vergangenen biologischen Vielfalt verwendet werden kann. Fragestellungen zum Verständnis historischer Umweltveränderungen über Jahrzehnte und Jahrhunderte können aber fast überall bearbeitet werden.

Häufigkeit und Zusammensetzung der Gemeinschaft) und evolutionäre Informationen (genetische Daten) durch die Zeit zu liefern. So konnten erfolgreich die Genome mehrerer alter Bärenarten anhand von aeDNA aus Höhlensedimenten sequenziert werden, die 14-16.000 Jahre alt sind [14]. Die Ergebnisse zeigten, dass Schwarzbären aus dem späten Pleistozän in Mexiko Vorfahren der heutigen ostamerikanischen Schwarzbärenpopulationen waren. In ähnlicher Weise wurden mitochondrielle Genome charakteristischer Arten der eiszeitlichen Megafauna aus aeDNA rekonstruiert, die aus Permafrostproben gewonnen worden war [15]. Diese Studien verdeutlichen das Potenzial von aeDNA, über die ökologische Rekonstruktion von Habitaten hinauszugehen und evolutionäre Prozesse zu beleuchten.

### So wird's gemacht: Vom alten Schlamm zur genomischen Information

In jeder Umweltprobe steckt ein Potpourri an DNA-Molekülen vieler verschiedener Organismen, die sowohl in ihrer Gesamtheit aus der Probe extrahiert als auch einzeln ausgelesen werden müssen. Bei der Entnahme der Proben - und bei allen weiteren Schritten - ist größte Sorgfalt geboten, um eine Kontamination mit DNA aus der modernen Umgebung zu vermeiden (Abbildung 2). Das Vorgehen entspricht einer kriminaltechnischen Untersuchung: Die Arbeiten werden in spezifischen, reinen Laboren für alte DNA durchgeführt, untergebracht in Gebäuden, in denen keine weiteren molekulargenetischen Arbeiten durchgeführt werden. Einen Überblick über den experimentellen Ablauf gibt Abbildung 3.



**ABB. 2** Verarbeitung von aeDNA aus Sedimenten. a) Sedimentkerne werden aus einem See entnommen, b) Entnahme von Proben aus einem Sedimentkern für die aeDNA-Extraktion unter geringen Kontaminationsbedingungen, c) Vorbereitung von *Metabarcoding*-PCR-Reaktionen mit Kontaminationskontrolle. Fotos: A. Junginger, L.S. Epp, M. Bálint.

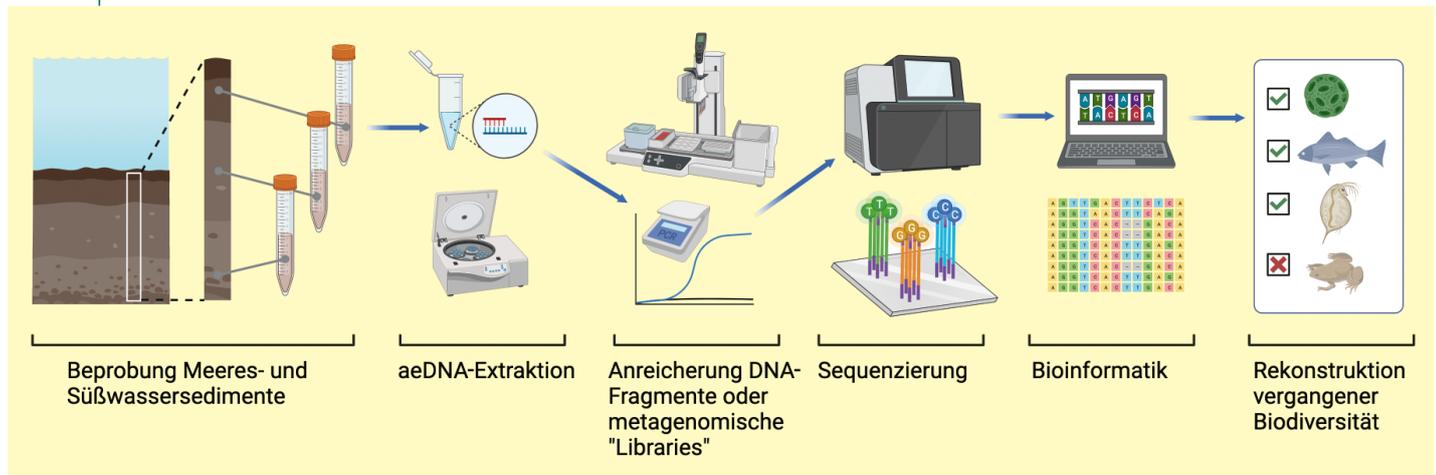
Nach der Extraktion wird die DNA entweder in ihrer Gesamtheit sequenziert oder es werden bestimmte Fragmente vor der DNA-Sequenzierung angereichert. Die einfachste und klassischste Art der Anreicherung besteht in einer PCR. Dabei wird ein genomisches Fragment in einer spezifischen Reaktion vervielfältigt. Ist diese Reaktion so spezifisch, dass sie nur bei einer einzigen Art stattfinden kann, so resultiert die Reaktion in einem einzigen Produkt, dessen DNA-Sequenz durch eine traditionelle Sanger-Sequenzierung abgelesen werden kann. Damit kann eine einzelne Art, z. B. eine invasive Art, identifiziert und ihre DNA-Konzentration durch quantitative PCR-Verfahren bestimmt werden. Bei Verwendung von standardisierten Genomabschnitten wird ein solches Verfahren als *Barcoding* bezeichnet [16].

Häufiger wird das extrahierte DNA-Gemisch allerdings einem sogenannten *Metabarcoding* unterzogen [17]. Dabei wird eine PCR durchgeführt, mit der ein Fragment bei allen Vertretern einer größeren Organismengruppe (z. B. Pflanzen, Tieren, Kieselalgen) vervielfältigt wird. Das resultierende Produkt wird sequenziert, und die DNA-Stränge der einzelnen Produkte können jeweils ausgelesen und durch einen Datenbankabgleich bestimmt werden. Damit lässt sich ein Überblick über die vorhandenen Arten erhal-

ten. Die resultierenden Daten ähneln z. B. denen einer klassischen ökologischen Vegetationsaufnahme oder einer Pollenzählung – aber basierend auf Millionen von DNA-Sequenzen.

Durch solch eine Konzentration auf einen Genomabschnitt und auf bestimmte Organismen wird allerdings ein großer Teil der Moleküle und Informationen in der Umwelt-DNA überhaupt nicht berücksichtigt. Diese kann durch eine *metagenomische* oder „Shotgun“-Sequenzierung vollständiger ausgelesen werden. In der Praxis, in der die erzeugte Datenmenge nicht unendlich ist, wird dabei allerdings nicht jedes Molekül berücksichtigt, und die genomische Abdeckung der einzelnen Arten ist begrenzt.

Ein Mittelweg zwischen vollständig metagenomischer Sequenzierung und der PCR eines Fragments ist eine Anreicherung von Genomen oder genomischen Abschnitten von Zielarten durch eine „*Hybridisation Capture*“-Reaktion vor der Sequenzierung. Dabei werden Zielregionen mit Sonden aus dem DNA-Gemisch „geangelt“ und die so angereicherte DNA wird sequenziert. Die resultierenden Sequenzdaten erlauben dann einen effizienteren Blick auf genomische Veränderungen innerhalb von Arten und Populationen durch die Zeit – ein

**ABB. 3 | SCHEMATISCHER ABLAUF DER EXPERIMENTELLEN ARBEITEN MIT aeDNA**


Fenster in die demographische und evolutionäre Geschichte einer Vielzahl von Arten, die sonst wenig Spuren hinterlassen.

Bei allen Abläufen ist höchste Vorsicht geboten, da alte DNA nur in sehr geringen Mengen vorhanden ist und es sehr leicht zu Kontaminationen kommt. So sind im Laufe der Forschungsgeschichte immer wieder Daten publiziert worden, die auf Kontaminationen zurückgingen, und es gibt spezifische Vorgaben und Anforderungen an die Protokolle und die Labore, in denen mit alter DNA gearbeitet wird [18]. Insgesamt sind so die Daten im Laufe des vergangenen Jahrzehnts immer robuster und valider geworden.

### Grenzen des (aktuell?) Machbaren

So viel wir aus diesen Daten lesen können und soweit wir die Methodik noch entwickeln – es gibt Grenzen, die wir nur schwer oder gar nicht überschreiten werden. Aktuell wird die Grenze der Aussagekraft von Umwelt-DNA noch vielfach dadurch bestimmt, dass genomische Analysen, insbesondere solche, die nicht auf sichtbaren organischen Entitäten beruhen, immer auf einen Vergleich mit Referenz-DNA angewiesen sind. Wir können im Grunde nur bestimmen, was wir kennen, und wir können genomische Änderungen nur im Vergleich mit uns bekannten Genomen erkennen.

Wenngleich es aktuell noch an Referenzdatenbanken mangelt, könnte sich das innerhalb des nächsten Jahrzehnts deutlich ändern. Aktuelle Initiativen wie der *European Reference Genome Atlas* ([www.erga-biodiversity.eu/](http://www.erga-biodiversity.eu/)) treten z.B. an, um Referenzgenome von möglichst allen eukaryotischen Lebewesen zu erstellen. Ebenso wachsen markerbasierte Referenzdatenbanken, die sich auf kurze, informative Abschnitte des Genoms konzentrieren, stetig. Koordiniert wird dies z.B. durch die *International Barcode of Life Initiative*, die weltweit standardisierte Genomabschnitte zur Identifikation von Arten bündelt.

Eine weitere aktuelle Herausforderung ist unser noch lückenhaftes Verständnis der Herkunft und der Verbreitung der DNA in Sedimenten so wie auch ihre räumliche Heterogenität. Wir wissen, dass die DNA aus lokalen Quellen stammt wie z.B. der Vegetation in Ufernähe [19] und dass die DNA am Seeboden räumlich strukturiert ist [20] – vor allem die von Makroorganismen. Dies deutet auf eine Herkunft direkt aus absedimentierten Organismenteilen hin. Das bedeutet gleichzeitig, dass einzelne Sedimentbohrkerne nur einen eingeschränkten Ausschnitt der Biodiversität im Wasserkörper speichern – zumindest, wenn es um größere Tiere wie Fische geht. Einen repräsentativeren Blick würden nur mehrere Probennahmen im gleichen Ökosystem liefern. Daneben sind weitere Herausforderungen und Grenzen der aeDNA selbst innewohnend. So zerfällt DNA mit der Zeit, und alte DNA liegt immer nur bruchstück- und fehlerhaft vor. Mit zunehmendem Alter nimmt also der Informationsgehalt von Proben ab. Der Zerfall – größtenteils basierend auf hydrolytischen und oxidativen Prozessen – wird durch erhöhte Temperaturen oder nicht-neutrale pH-Werte beschleunigt. Das schränkt die Nutzung von aeDNA besonders in tropischen Gebieten ein – auch wenn es sie nicht unmöglich macht wie Abbildung 1 zeigt – und beschränkt Analysen auf Zeitskalen, in denen DNA noch vorhanden ist.

Dass diese in jüngster Zeit immer weiter nach hinten geschoben wurden und wir im letzten Jahr die Publikation von zwei Millionen Jahre alter DNA erlebt haben, lässt hoffen, dass wir die Grenzen noch nicht vollständig ausgereizt haben. Gleichzeitig ist es wahrscheinlich, dass sich auch noch neue Grenzen zeigen werden.

### Wo geht es hin?

Der Verlust der biologischen Vielfalt ist eine der größten Herausforderungen für die Menschheit [21], aber der allgemeine Mangel an langfristigen Daten über die biologische Vielfalt erschwert die Bewertung des Ausmaßes und der genauen Art dieser Verluste. Obwohl mehrere Studien

gezeigt haben, dass aeDNA nützliche Informationen über Trends in der biologischen Vielfalt liefern kann, wird sie bisher nicht regelmäßig verwendet, um die langfristigen Auswirkungen des Menschen zu rekonstruieren. Solche Rekonstruktionen werden durch die Tatsache erschwert, dass die biologische Vielfalt niemals statisch ist: Ökologische Gemeinschaften befinden sich aufgrund von Umweltveränderungen, evolutionären und ökologischen Prozessen wie Wanderungsbewegungen und biotischen Interaktionen in einem ständigen Wandel. Aus der aeDNA können wir nützliche Informationen zu den grundlegenden Schwankungen der biologischen Vielfalt erhalten und den Einfluss des Menschen in den allgemeinen Kontext der natürlichen Veränderungen der Biodiversität stellen.

Ein besonders vielversprechender Forschungsbereich ist die Integration von aeDNA-Studien in laufende Biomonitoring-Programme. Obwohl das Biomonitoring erst seit den letzten Jahrzehnten aktiv durchgeführt wird, hat es bereits hervorragende Datensätze zur Veränderung der biologischen Vielfalt bei ausgewählten Taxa geliefert. Diese Datensätze können zur Kalibrierung der mit aeDNA gewonnenen Biodiversitätsinformationen verwendet werden, wodurch die zeitliche Reichweite des aktiven Biomonitorings weit über das Anthropozän hinaus ausgedehnt wird. Ökosystemmodelle sind vielversprechende Instrumente zur Vorhersage der funktionellen Auswirkungen von Klimaerwärmung und menschlichen Aktivitäten. Die Parameter dieser Modelle wurden bisher aus Experimenten gewonnen, die von den natürlichen Bedingungen weit entfernt sein können. Die aeDNA verspricht, Modellparameter zur Demografie und genetischen Variation von Zieltaxa direkt aus natürlichen „Experimenten“ zu liefern und ihre Vorhersagen durch die Analyse vergangener Phasen von Ökosystemen (*bindcasting*) zu testen.

Und schließlich kann all dies global durchgeführt werden: Obwohl der DNA-Erhalt in dauerhaft gefrorenen Substraten am besten ist, kann aeDNA in recht guter Qualität aus einem breiten Spektrum von Umgebungen gewonnen werden (Abbildung 1). Besonders vielversprechend in dieser Hinsicht sind Meeres- und Süßwassersedimente. Seen gibt es überall auf der Welt und viele enthalten Sedimente, die sich für den DNA-Erhalt eignen. Die meisten aeDNA-Studien wurden bisher in arktischen und gemäßigten Gebieten durchgeführt, so dass der Großteil der Gebiete der Erde, insbesondere solche mit hoher biologischer Vielfalt, noch zu erforschen ist. Wir gehen davon aus, dass die aeDNA-Forschung an Biodiversität-Hotspots schon bald spannende Erkenntnisse über langfristige Veränderungen der biologischen Vielfalt und den Einfluss des Menschen auf natürliche Ökosysteme liefern wird.

### Zusammenfassung

*Alle Organismen hinterlassen DNA-Spuren in ihrer Umgebung, und diese Spuren können unter den richtigen Bedingungen über sehr lange Zeit erhalten bleiben. Wir*

*können diese alte Umwelt-DNA nutzen, um Arten aus der Vergangenheit zu identifizieren und Zeitreihen ganzer ökologischer Gemeinschaften zu rekonstruieren. Dies ermöglicht bisher nie dagewesene Erkenntnisse über den Wandel der biologischen Vielfalt in zahlreichen Ökosystemen der Vergangenheit. Alte Umwelt-DNA entwickelt sich zu einem Standardansatz in der Ökologie und wird zunehmend genutzt, um zeitliche Biodiversitätsdaten zu liefern – von den Auswirkungen früherer Klimaveränderungen bis hin zum Verständnis der Biodiversitätsgrundlagen vor dem intensiven menschlichen Einfluss des Anthropozäns.*

### Summary

#### *Environmental DNA from the past*

*All organisms leave DNA traces in their environments, and these traces can be preserved over a very long time under the right conditions. We can use such ancient environmental DNA to identify species from the past, and to reconstruct time series of entire ecological communities. This provides unprecedented insights into biodiversity change in numerous past ecosystems. Ancient environmental DNA is becoming a standard approach in ecology, and it is increasingly used to provide temporal biodiversity data, from the effects of ancient climate change to understanding biodiversity baselines before the intensive human impact of the Anthropocene.*

### Schlagworte:

Paläoökologie, Zeitreihen, Umwelt-DNA, biologische Vielfalt, Hochdurchsatzsequenzierung

### Literatur

- [1] E. Willerslev et al. (2003). Diverse plant and animal genetic records from Holocene and Pleistocene sediments. *Science*, 300(5620), 791–795, <https://doi.org/10.1126/science.1084114>
- [2] C. L. Jerde et al. (2011). “Sight-unseen” detection of rare aquatic species using environmental DNA: EDNA surveillance of rare aquatic species. *Conservation Letters* 4(2), 150–157, <https://doi.org/10.1111/j.1755-263X.2010.00158.x>
- [3] D. Pont et al. (2023). Quantitative monitoring of diverse fish communities on a large scale combining eDNA metabarcoding and qPCR. *Molecular Ecology Resources* 23(2), 396–409. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13715>
- [4] A. Mari Saéz et al. (2015). Investigating the zoonotic origin of the West African Ebola epidemic. *EMBO Molecular Medicine* 7(1), 17–23, <https://doi.org/10.15252/emmm.201404792>
- [5] Y. Wang et al. (2021). Late Quaternary dynamics of Arctic biota from ancient environmental genomics. *Nature* 600(7887), 86–92.
- [6] V. Slon et al. (2017). Neandertal and Denisovan DNA from Pleistocene sediments. *Science* 356(6338), 605–608, <https://doi.org/10.1126/science.aam9695>
- [7] A. Marchesini et al. (2023). Ancient DNA from speleothems: Opportunity or challenge? *Quaternary Research* 112, 180–188, <https://doi.org/10.1017/qua.2022.46>
- [8] M. W. Pedersen et al. (2016). Postglacial viability and colonization in North America’s ice-free corridor. *Nature* 537(7618), 45–49, <https://doi.org/10.1038/nature19085>
- [9] K. H. Kjær et al. (2022). A 2-million-year-old ecosystem in Greenland uncovered by environmental DNA. *Nature* 612, 7939, <https://doi.org/10.1038/s41586-022-05453-y>

- [10] C. Barouillet et al. (2023). Investigating the effects of anthropogenic stressors on lake biota using sedimentary DNA. *Freshwater Biology* 68(11), 1799–1817.
- [11] M.-E. Monchamp et al. (2018). Homogenization of lake cyanobacterial communities over a century of climate change and eutrophication. *Nature Ecology & Evolution* 2(2), 317–324, <https://doi.org/10.1038/s41559-017-0407-0>
- [12] E. C. Nwosu et al. (2023). Early human impact on lake cyanobacteria revealed by a Holocene record of sedimentary ancient DNA. *Communications Biology* 6(1), 72.
- [13] A. Ibrahim et al. (2021). Anthropogenic impact on the historical phytoplankton community of Lake Constance reconstructed by multimarker analysis of sediment-core environmental DNA. *Molecular Ecology* 30(13), 3040–3056.
- [14] M. W. Pedersen et al. (2021). Environmental genomics of Late Pleistocene black bears and giant short-faced bears. *Curr Biol* 31(12), 2728–2736 e2728.
- [15] T. J. E. Murchie et al. (2022). Pleistocene mitogenomes reconstructed from the environmental DNA of permafrost sediments. *Curr Biol* 32(4), 851–860.e7.
- [16] P. D. N. Hebert et al. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings. Biological Sciences* 270(1512), 313–321, <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- [17] P. Taberlet et al. (2012). Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding. *Molecular Ecology* 21(8), 2045–2050, <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2012.05470.x>
- [18] T. L. Fulton, B. Shapiro (2019). Setting Up an Ancient DNA Laboratory. *Ancient DNA*, 2. Edition 1963, 1–13.
- [19] I. G. Alsos et al. (2018). Plant DNA metabarcoding of lake sediments: How does it represent the contemporary vegetation. *PLOS ONE*, 13(4), e0195403, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0195403>
- [20] Y. Wang et al. (2023). Spatial distribution of sedimentary DNA is taxon-specific and linked to local occurrence at intra-lake scale. *Communications Earth & Environment* 4(1), <https://doi.org/10.1038/s43247-023-00829-y>
- [21] IPBES (2019). Global Assessment Report on Biodiversity and Ecosystem Services. Summary for Policymakers (p. 56). IPBES secretariat. <https://ipbes.net/global-assessment>

### Verfasst von:



Miklós Bálint hat in Klausenburg, Rumänien studiert und promoviert. Er ist Professor für Funktionelle Umweltgenomik am Senckenberg Biodiversität und Klima Forschungszentrum Frankfurt am Main und an der Justus-Liebig Universität Gießen.



Laura S. Epp hat in Göttingen studiert und an der Universität Potsdam promoviert. Nach Stationen am Naturhistorischen Museum der Universität Oslo und dem Alfred-Wegener-Institut ist sie Juniorprofessorin für Umweltgenomik an der Universität Konstanz.

### Korrespondenz

Prof. Dr. Laura Epp  
Limnologisches Institut, Fachbereich Biologie  
Universität Konstanz  
Mainaustr. 252  
78464 Konstanz  
E-Mail: [laura.epp@uni-konstanz.de](mailto:laura.epp@uni-konstanz.de)

Prof. Dr. Miklós Bálint  
Senckenberg Biodiversität und Klima Forschungszentrum  
Senckenberganlage 25  
60325 Frankfurt am Main  
E-Mail: [miklos.balint@senckenberg.de](mailto:miklos.balint@senckenberg.de)

## DEUTSCHLAND SUMMTI-PFLANZWETTBEWERB 2024

Wer gestaltet die schönsten Gärten für Wildbienen & Co. und veranstaltet dazu die spannendsten Aktionen? Am 2. April 2024 schaltet die Stiftung für Mensch und Umwelt die Registrierung für ihren beliebten Deutschland summti-Pflanzwettbewerb wieder frei. Der Wettbewerb läuft mittlerweile im neunten Jahr und motiviert bundesweit Kinder, Jugendliche und Erwachsene für die biologische Vielfalt aktiv zu werden.

Interessierte laden ihren Beitrag ab sofort (bis spätestens 31. Juli 2024) auf der Wettbewerbsplattform [www.wettbewerb.wir-tun-was-fuer-bienen.de](http://www.wettbewerb.wir-tun-was-fuer-bienen.de) hoch. Gefragt

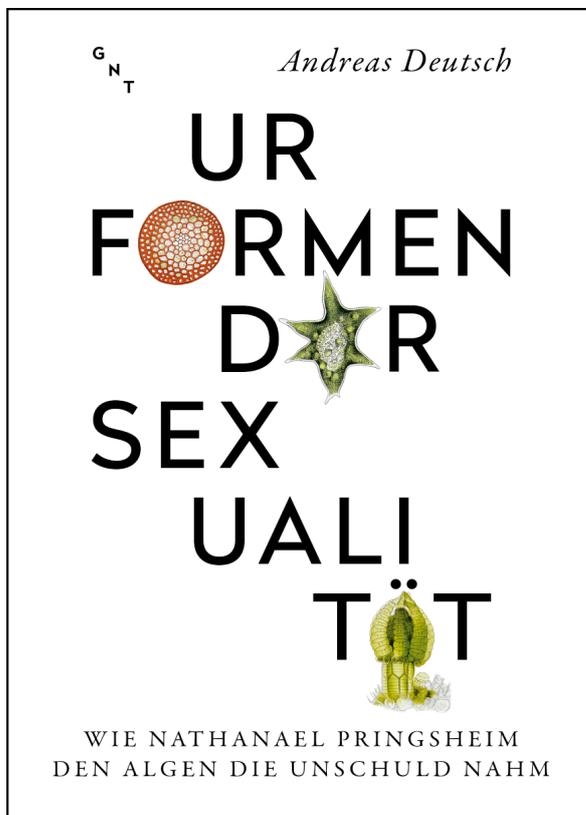
ist eine Kurzbeschreibung der Aktion mit Vorher-Nachher-Fotos der neu gestalteten Fläche mit heimischen Blühpflanzen und Gartenstrukturen. Egal, ob die Fläche 10 Quadratmeter oder 5.000 Quadratmeter groß, öffentlich oder privat ist – alle Interessierten finden eine passende Kategorie. „Wer mitmachen möchte, sich aber noch wenig mit der naturnahen Gestaltung auskennt, findet auf unserer Website viele Infos. Zum Beispiel Vorschläge für insektenfreundliche Pflanzen und Ideen für naturnahe Gartenstrukturen“, so Julia Sander, Koordinatorin des Pflanzwettbewerbs. Kontakt: [sander@stiftung.mensch-umwelt.de](mailto:sander@stiftung.mensch-umwelt.de)



Eine Hommage zum 200. Geburtstag von  
Nathanael Pringsheim

# Die sexuelle Revolution in der Algenforschung

ANDREAS DEUTSCH



**Urformen der  
Sexualität.**  
Wie Nathanael  
Pringsheim den Algen  
die Unschuld nahm.  
Andreas Deutsch,  
GNT-Verlag, Berlin,  
2023, 270 S.,  
24,80 Euro, ISBN  
978-3-86225-142-1

Bereits im 18. Jahrhundert begann die Diskussion über die Existenz von Sexualität und die Rolle der verschiedenen Geschlechter bei Landpflanzen. Trotz anfänglicher Kontroversen war die Sexualität von Landpflanzen Mitte des 19. Jahrhunderts weitgehend anerkannt. Zudem mehrten sich nun auch Hinweise auf „Geschlechtsorgane“ bei den wasserlebenden Algen. Jedoch blieb der tatsächliche Befruchtungsakt bei diesen bis dato unentdeckt. Nathanael Pringsheim war es, der den Befruchtungsprozess in einer Alge erstmals nachweisen konnte – und zwar in der Gelbgrünen Alge *Vaucheria sessilis*. Wer war dieser Mann, dessen Entdeckung der „Urformen der Sexualität“ bei Algen belegte, dass auch Algen sexuelle Wesen sind und es somit keine sexuell-asexuelle Grenze bei Pflanzen gibt [1]?

*Nathanael Pringsheim, ein Zeitgenosse Charles Darwins, war ein Pionier der Botanik und der Algenforschung. Pringsheim wurde weltberühmt, als er bei einer unscheinbaren Alge erstmals die Befruchtung in einem lebenden Organismus beobachtete. Dies zeigte, dass Sexualität ein allgemeines Lebensprinzip ist und nicht nur das Privileg Höherer Pflanzen und von Tieren. Des Weiteren initiierte Pringsheim die Gründung der Deutschen Botanischen Gesellschaft und hatte einen entscheidenden Anteil am Bau der ersten meeresbiologischen Forschungsstation auf Helgoland.*

Nathanael Pringsheim wurde am 30. November 1823 in dem kleinen schlesischen Dorf Wziesko (heute: Dobrodziń) in eine wohlhabende jüdische Familie geboren. Der Vater wie auch der Großvater waren Eisenhüttenbesitzer. Pringsheim wuchs zusammen mit neun Geschwistern auf und machte sein Abitur in der schlesischen Hauptstadt Breslau gemeinsam mit dem ebenfalls aus einer jüdischen Familie stammenden Ferdinand Lassalle, Initiator des Allgemeinen Deutschen Arbeitervereins und damit auch einer der Urväter der Sozialdemokratischen Partei Deutschlands (SPD).

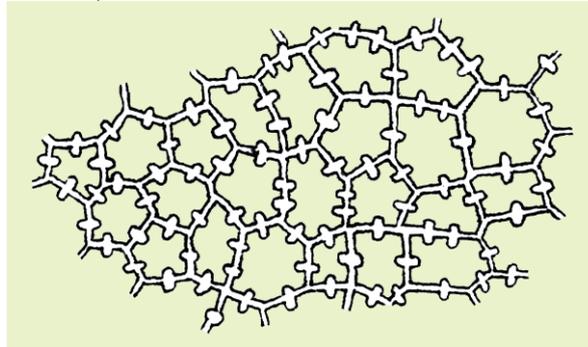
Im Jahr 1843 begann Pringsheim sein Studium der Philosophie an der Universität Breslau, orientierte sich aber rasch in Richtung Medizin und entdeckte dort seine wahre Leidenschaft für die Biologie. An der Universität Leipzig vertiefte er sich in die damals neue Zelltheorie von Matthias Jacob Schleiden und Theodor Schwann. Diese revolutionäre Theorie besagt, dass sowohl Pflanzen als auch Tiere aus Zellen aufgebaut sind und leitete einen Paradigmenwechsel in der Biologie ein. Vor der Zelltheorie wurde die Struktur von Organismen u. a. auf Gewebe, „Kügelchen“

oder „Fasern“ zurückgeführt [2]. Anstatt seine medizinische Laufbahn fortzusetzen, widmete sich Pringsheim schließlich ganz der mikroskopischen Erforschung des Pflanzenreichs. Technologische Fortschritte in der Mikroskopie erlaubten immer tiefere Einblicke in zelluläre Strukturen. Unter dem Einfluss von Schleiden entwickelte sich Pringsheim zu einem Vorreiter der experimentellen und vergleichenden Botanik und wandte sich von der rein beschreibenden Herangehensweise der traditionellen Naturphilosophie ab, die in Deutschland vor allem durch Persönlichkeiten wie Johann Wolfgang von Goethe und Christian Gottfried Daniel Nees von Esenbeck geprägt worden war.

Aufgrund seiner jüdischen Herkunft konnte Pringsheim in Preußen nur an der Friedrich-Wilhelms-Universität zu Berlin promovieren. Dies gelang ihm im Revolutionsjahr 1848 mit einer mikroskopischen Analyse des Wachstums von Erbsensamen (Abbildung 1, [3]). Im Anschluss unternahm er Studienreisen nach Paris und London, die sein Interesse an den damals noch als Niedere Pflanzen bezeichneten Organismen wie Algen, Moosen und Farnen weckten. Heute zählt man Moose und Farne zu den Landpflanzen. Die Grün- und Rotalgen, die Glaucophyta sowie alle Landpflanzen gehören zu den Archaeplastida, die auch als Primoplantae bezeichnet werden [4, 5]. Ihnen gemeinsam ist der Besitz von photosynthetisch aktiven Plastiden, die ursprünglich Cyanobakterien (Blaualgen) waren und nun endosymbiotisch in den Zellen leben. Die Primoplantae entstanden alle durch eine primäre Endosymbiose. Algenarten wie die Braunalgen und Kieselalgen sowie weitere Arten, die aus einer sekundären Endosymbiose hervorgingen, zählen nicht zu den Primoplantae.

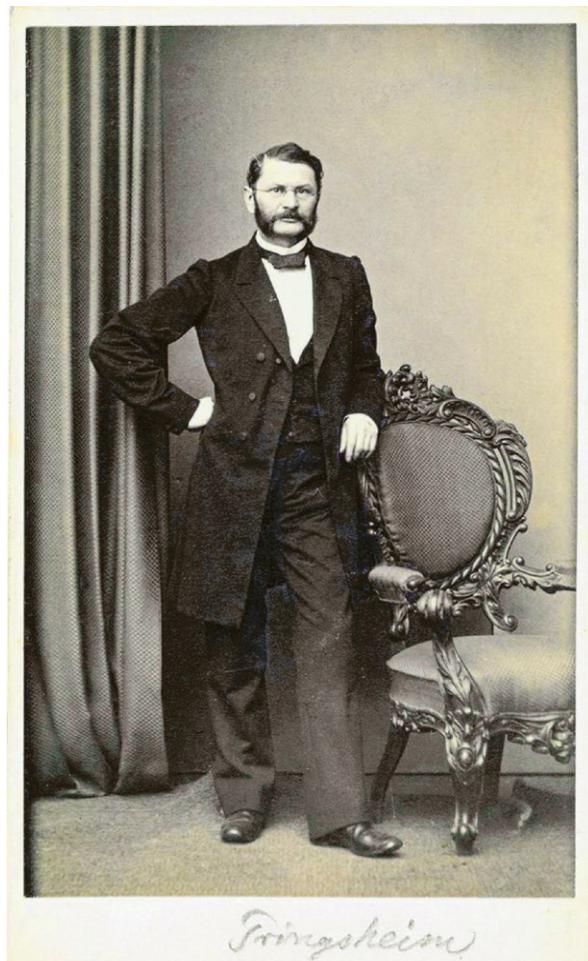
An der Friedrich-Wilhelms-Universität zu Berlin habilitierte sich Pringsheim auch – und zwar 1851 im Fach Botanik mit einer Arbeit zur Entwicklung des mit Algen verwandten Eipilzes (*Saprolegnia ferax*). Bereits kurz darauf wurde er im noch jungen Alter von nur 27 Jahren von von Esenbeck, dem Präsidenten der Deutschen Akademie der Naturforscher Leopoldina – der ältesten kontinuierlich bestehenden naturforschenden Akademie der Welt – zum

ABB. 1 | DOKTORARBEIT IN BERLIN



In seiner Dissertation untersuchte Pringsheim – inspiriert durch Schleidens und Schwanns Zelltheorie – experimentell die Veränderungen der Zellen von gewöhnlichen Erbsen (*Pisum sativum*) während des Wachstumsprozesses. Die Originalzeichnung aus seiner Dissertation zeigt einen Schnitt parallel zur Samenschale, der die sogenannten Palisadenzellen darstellt. Abb. aus [3].

Mitglied der Akademie ernannt (Abbildung 2). In den folgenden Jahren erkannte Pringsheim in wegweisenden Studien an Algen und Pilzen die Bedeutung der Sexualität als grundlegendes Lebensprinzip (s. u.).



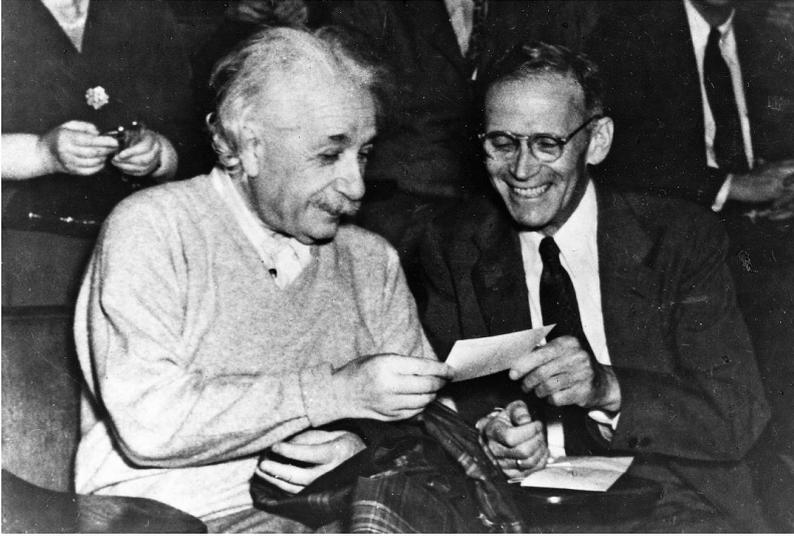
Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 164 erklärt.

ABB. 2 Nathanael Pringsheim ca. 1850. Quelle: Stiftung Preußischer Kulturbesitz, Sammlung Darmstaedter, Lb 1855, Bl. 38.

## IN KÜRZE

Nathanael Pringsheim

- war ein **Wegbereiter der modernen Botanik**,
- **beobachtete erstmals eine Befruchtung** bei einem lebenden Organismus,
- entdeckte die **Sexualität als ein allgemeines Lebensprinzip** von Pflanzen und Tieren,
- identifizierte bei Algen einen ► **Generationswechsel zwischen sexueller und asexueller Fortpflanzung**, dessen Variationen eine zentrale Rolle bei der Evolution der Landpflanzen spielen,
- gründete die **Deutsche Botanische Gesellschaft** und
- war maßgeblich am Aufbau der ersten **deutschen meeresbiologischen Forschungsanstalt auf Helgoland** beteiligt.



**ABB. 3** Die Familien Ladenburg und Einstein emigrierten Anfang der 1930er Jahre aufgrund der zunehmenden Verschlechterung der Lage für Juden in Deutschland nach Princeton und waren eng befreundet. Es gab reichlich Gesprächsstoff, denn 1928 war Rudolf Ladenburg der erste experimentelle Nachweis der induzierten Emission von Strahlung gelungen, die Einstein bereits 1907 in seiner Theorie der Wärmestrahlung vorausgesagt hatte. Ladenburgs Entdeckung war ein entscheidender Meilenstein für die spätere Entwicklung des Lasers [26]. Anlass für das Foto von Rudolf Ladenburg mit Albert Einstein ist die Verabschiedung Rudolf Ladenburgs als Leiter des *Palmer Physical Laboratory* in Princeton, 1950. Foto: privat.

Im Jahr 1865 folgte Pringsheim einem Ruf an die Großherzoglich-Herzoglich-Sächsische-Gesamtuniversität Jena. Mit seiner Berufung als Nachfolger des von ihm verehrten Schleiden wurde unter dem Dach der Philosophischen Fakultät der Universität Jena ein neues Pflanzenphysiologisches Institut gegründet. Dies geschah, obwohl die Medizinische Fakultät bereits über ein eigenes Physiologisches Institut verfügte. Diese Gründung markierte die zunehmende Trennung der Botanik von der Medizin und stellte einen Meilenstein in der Entwicklung der Botanik als eigenständige naturwissenschaftliche Disziplin dar. Das Pflanzenphysiologische Institut war bahnbrechend, denn es war das erste seiner Art in Deutschland. Es diente als Vorbild für viele ähnliche Einrichtungen an anderen deutschen und europäischen Universitäten. Mit seiner Berufung nach Jena wurde Pringsheim auch zum Direktor des Botanischen Gartens ernannt, dessen Entwicklung eng mit Johann Wolfgang von Goethe verknüpft ist.

Jedoch blieb Pringsheim nur vier Jahre in Jena. Ein wesentlicher Grund für seinen Weggang war die Verschlimmerung seines Asthmaleidens. Eine Erbschaft ermöglichte ihm die Rückkehr nach Berlin als Privatgelehrter. Dort betrieb er ab 1868 ein Privatlabor, in dem namhafte Botaniker wie Wilhelm Pfeffer, Johannes Reinke und Alexander Tschirch als Assistenten forschten. Zudem nutzte er seinen guten Ruf und sein großes wissenschaftliches Netzwerk, um nicht nur die Deutsche Botanische Gesellschaft

(DBG, <https://www.deutsche-botanische-gesellschaft.de>; die DBG besitzt eine Sektion Phykologie, <https://www.deutsche-botanische-gesellschaft.de/sektionen/sektion-phykologie>) ins Leben zu rufen, sondern auch die Gründung des ersten deutschen meeresbiologischen Instituts auf Helgoland zu ermöglichen (s. u.).

Nathanael Pringsheim verstarb am 6. Oktober 1894 in Berlin. Nach seinem Ableben wurden Nachrufe in allen bedeutenden naturwissenschaftlichen Zeitschriften veröffentlicht, darunter auch in der renommierten Zeitschrift *Nature* [6]. Dies unterstreicht seine herausragende Stellung und Bedeutung in der internationalen wissenschaftlichen Gemeinschaft. Er war der erste Wissenschaftler in seiner Familie, aus der weitere namhafte Naturwissenschaftler hervorgingen. Sein Schwiegersohn Albert Ladenburg war Chemiker und wurde bekannt für die Entschlüsselung der Struktur des „Ladenburg-Benzols“ und der Entdeckung der „Ladenburg-Synthese“. Diese erlaubt die chemische Herstellung des Alkaloids Coniin, einem komplexen Naturstoff, der zuvor nur aus Pflanzen extrahiert werden konnte. Albert Ladenburg war eng mit Clara Schumann befreundet, mit der er regelmäßig gemeinsam musizierte und die auch Patin seines ältesten Sohnes wurde. Sein zweitältester Sohn war der Atomphysiker Rudolf Ladenburg (Abbildung 3), der seinen Vornamen nach seinem Patenonkel Rudolf Virchow, einem Wegbereiter der Zelltheorie, trägt. Rudolf Ladenburg interpretierte Lichtstreuungsphänomene erstmals aus quantentheoretischer Perspektive und ebnete damit frühzeitig einen Weg für die Entwicklung der Quantenmechanik, wie sie später von Werner Heisenberg formuliert wurde.

Zwei nahe Verwandte von Nathanael Pringsheim, seine Nichte Martha Liebermann und seine Enkelin Irene Sara Carst, wurden Opfer des Naziterrors. Martha Liebermann war die Ehefrau des bekannten Malers Max Liebermann. Sie beging 1943 am Tag vor ihrer geplanten Deportation in das KZ Theresienstadt Suizid. Irene Sara Carst unterstützte jüdische Kinder auf ihrer Flucht nach England. Daher erließ die Gestapo 1938 einen Haftbefehl gegen sie. Im April 1942 wurde sie in das Zwangsarbeitslager Trawniki deportiert und dort vermutlich ermordet.

### Das erste Mal beobachtet

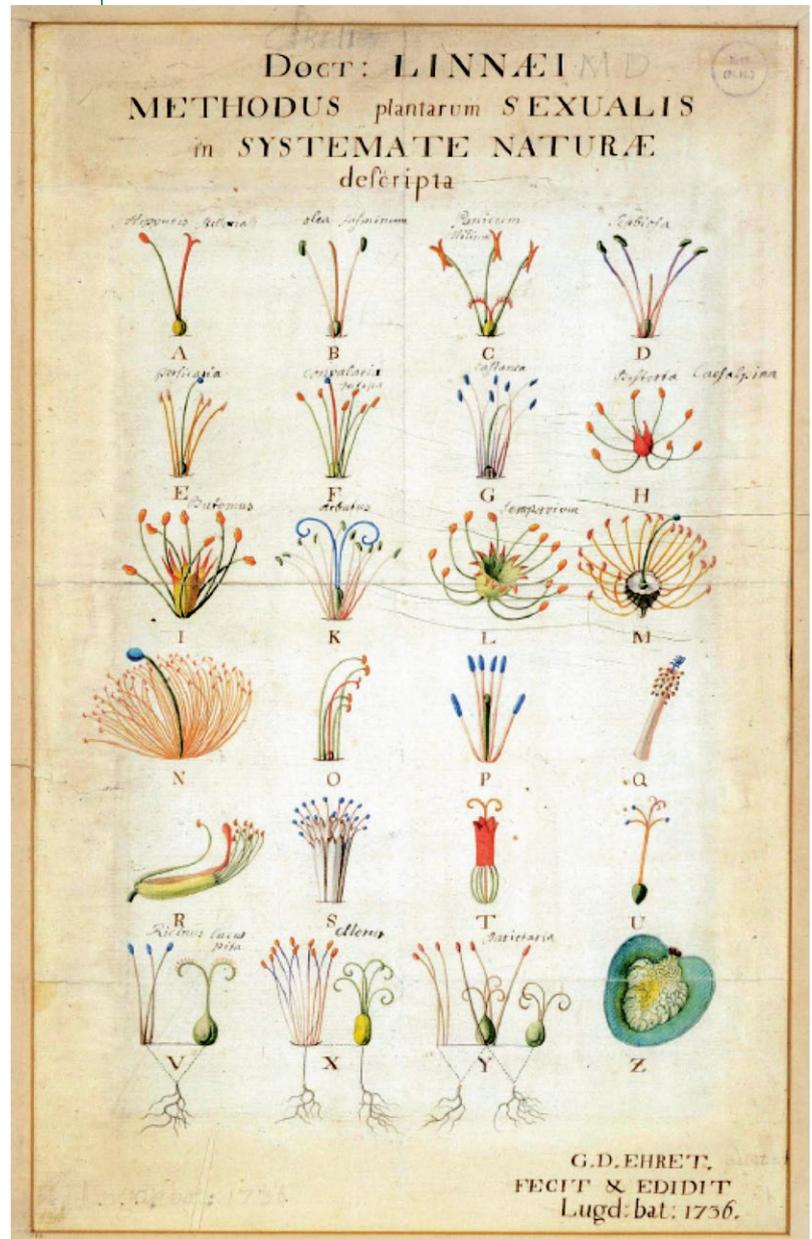
Pringsheims Forschung zielte auf die Entwicklung und Fortpflanzung von Pflanzen. Während die sexuelle Fortpflanzung bei Menschen und Tieren offensichtlich ist, war lange unklar, ob sich auch Pflanzen sexuell fortpflanzen. Erst im frühen 19. Jahrhundert wurde die Sexualität Höherer Pflanzen allgemein anerkannt. Die Frage lautete nun: Wie steht es um die Niederen Pflanzen, also Algen, Moose und Farne (Abbildung 4)? Mitte des 19. Jahrhunderts wurde klar, dass sich auch Moose und Farne sexuell vermehren können. Nun richtete sich die Aufmerksamkeit auf die zuvor vernachlässigten Algen, denen man bislang höchstens eine asexuelle Vermehrung durch ► Sporen oder Fragmentierung zugebilligt hatte.

Mitte des 19. Jahrhunderts beobachtete der französische Botaniker Thuret, wie größere kugelförmige Zellen der *Fucus*-Alge – die er als Ruhesporen bezeichnete – von winzigen Protoplasma-Körperchen umkreist wurden, von denen er bereits annahm, dass es sich um Spermatozoiden, also männliche Keimzellen, handelte [7]. Er stellte fest, dass die Ruhesporen nur keimten, nachdem sich die kleinen beweglichen Sporen angeheftet hatten. Heute wissen wir, dass es sich bei den Ruhesporen um Oozyten handelt, also um die weiblichen Keimzellen. Der eigentliche Akt der Befruchtung war zu diesem Zeitpunkt jedoch noch nicht beobachtet worden.

Es war Nathanael Pringsheim, dem schließlich die erstmalige Beobachtung des Befruchtungsakts bei einer Alge gelang. Pringsheim war unmittelbar nach der Veröffentlichung von Thurets bahnbrechenden Ergebnissen nach Helgoland gereist, denn die Steilküsten der Hochseeinsel bieten einen natürlichen Lebensraum für die Braunalge *Fucus vesiculosus* (Blasentang), Thurets bevorzugtes Studienobjekt. Pringsheim wollte die Ergebnisse von Thuret überprüfen, erkannte aber schnell die äußerst schwierige experimentelle Handhabung von *Fucus*. Auf Helgoland kam ihm die Idee, für seine Untersuchungen zum Befruchtungsakt nicht die Makroalge *Fucus*, sondern die einfacher gebaute Mikroalge *Vaucheria sessilis* zu verwenden. Diese Süßwasseralge erlaubte es ihm, die Fortpflanzungsorgane in ihrem natürlichen Zustand ohne zusätzliche Hilfsmittel auch zu Hause in Berlin zu untersuchen und sodann erstmals eine innere Befruchtung, eine Urform der Sexualität, zu beobachten (Abbildung 5). Ausschließlich mittels akribischer Beobachtungen gelang es Pringsheim nachzuweisen, dass auch Algen sexuelle Wesen sind. Er revolutionierte das Verständnis der „niederen“ Pflanzenwelt, indem er sexuelle Fortpflanzung als ein universelles Lebensprinzip identifizierte [1]. Mit seinen konsequent experimentell gewonnenen Erkenntnissen hinterfragte er wesentlich die metaphysischen Vorstellungen in der Botanik. International wurde er für diese Beiträge als Wegbereiter der modernen Botanik und Biologie anerkannt.

Mit seiner aufsehenerregenden Entdeckung der Befruchtung in *Vaucheria*, einer Gelbgrünen Alge (Xanthophyceae), war das nächste Forschungsziel klar. Es galt nun, eine sexuelle Fortpflanzung auch in anderen Algenarten nachzuweisen. Pringsheims Arbeiten zur Sexualität von ▶ Grünalgen sind hier besonders hervorzuheben, denn manche der mehrzelligen Grünalgen haben viele Gemeinsamkeiten mit Höheren Pflanzen, die sich aus Vertretern der Grünalgen entwickelt haben. Bereits kurz nach der Entdeckung der Befruchtung bei Gelbgrünen Algen beschrieb Pringsheim auch erstmals die innere Befruchtung bei einer Grünalge der Gattung *Oedogonium* (Kappenalgen). Pringsheim klärte die sexuelle Fortpflanzung auf und zeigte, dass „Zwergmännchen“ hierbei eine zentrale Rolle spielen (Abbildung 6). Bei der Grünalge *Pandorina morum* entdeckte Pringsheim schließlich eine noch rudi-

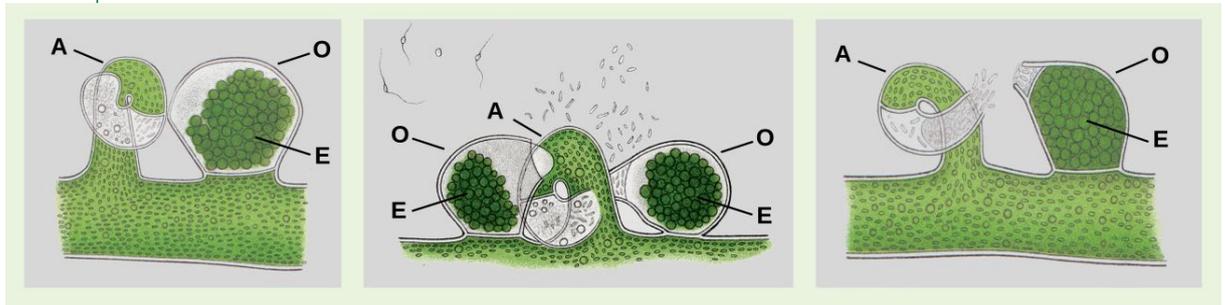
ABB. 4 | „SEXUELLE KLASSIFIKATION“ DES PFLANZENREICHS



Carl von Linné unterschied in seinem Sexualsystem der Pflanzen 24 Klassen aufgrund von Zahl und Position der Staubblätter (männliche Geschlechtsorgane) und Stempel (weibliche Geschlechtsorgane). Die 24. Klasse (Z) sticht sofort ins Auge. Sie ist sehr heterogen und umfasst die Kryptogamen, also die Niederen Pflanzen, die nach Linné „heimlich Hochzeit feiern“. Es ist diese Klasse, deren sexuelle Geheimnisse maßgeblich von Nathanael Pringsheim entschlüsselt wurden. Quelle: Georg Ehrets Originalzeichnung zur Illustration des Sexualsystems der Pflanzen. The Natural History Museum, London.

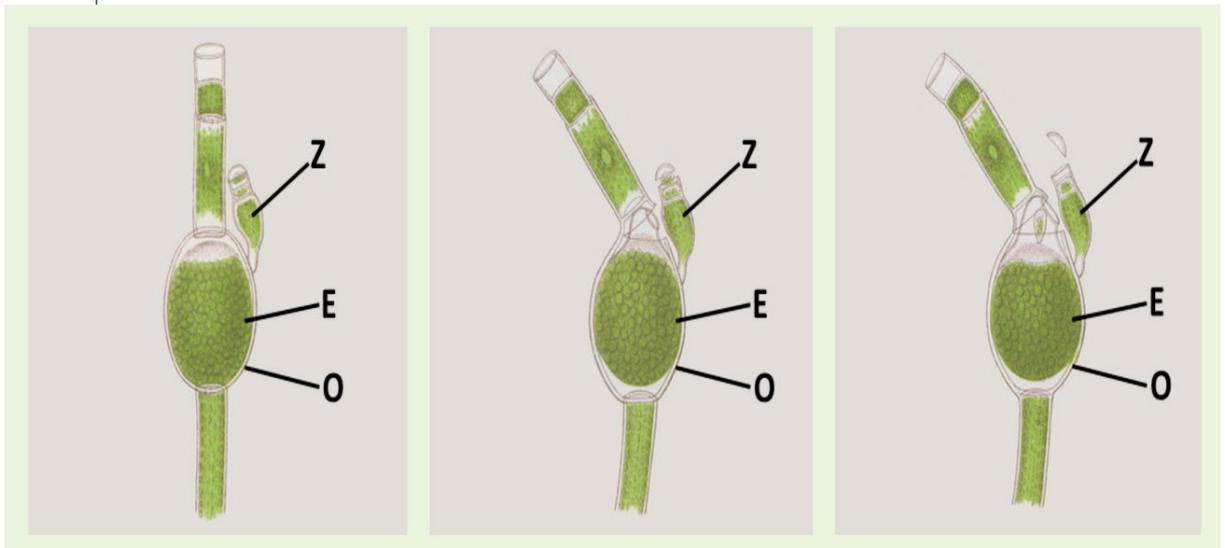
mentärere Form der Sexualität [8]. Diese Alge besitzt keine spezialisierten Geschlechtsorgane. Hingegen entwickeln sich alle Zellen einer Kolonie zu großen Eizellen oder kleinen begeißelten Spermatozoiden. Jeweils zwei Keimzellen unterschiedlichen Geschlechts vereinigen sich in dem die Kolonie umgebenden Wasser zur Zygote, ein Beispiel für

**ABB. 5 | URFORM DER SEXUALITÄT – INNERE BEFRUCHTUNG BEI VAUCHERIA SESSILIS**



Links: Entwicklungszustände der Sexualorgane vor der Befruchtung. Die großen Eizellen werden in ► Oogonien (O), die kleinen männlichen Geschlechtszellen (Spermatozoiden) in ► Antheridien (A) gebildet. Mitte: Sexualorgane während der Befruchtung. Die im ► Oogonium befindliche Eizelle (E) wird vom Spermatozoid durch eine Öffnung an der Spitze befruchtet. Rechts: Sexualorgane nach der Befruchtung. Aus der befruchteten Eizelle (Zygote) entwickelt sich eine Oospore, aus der unter günstigen Umweltbedingungen ein neuer Organismus entsteht. Originalzeichnungen von Nathanael Pringsheim [1].

**ABB. 6 | BEFRUCHTUNGSAKT EINER GRÜNALGE (OEDOGONIUM SPEC.)**



Gezeigt sind weibliche (kugelförmiges Oogonium (O), das die Eizelle (E) enthält) und männliche Sexualorgane (Antheridien bzw. Zwergmännchen (Z)): Entwicklungszustände der Sexualorgane in Vorbereitung (links), vor (Mitte) und während der Befruchtung (rechts). Originalzeichnungen von Nathanael Pringsheim [27].

äußere Befruchtung, einer weiteren Urform der Sexualität (Abbildung 7).

Pringsheims war es gelungen, erstmals eine Befruchtung bei einer Alge zu beobachten [1]. Erst mehr als zwanzig Jahre später gelang es Oscar Hertwig, die Befruchtung zum ersten Mal auch in einem tierischen Organismus zu beobachten [9]. Diese ist der pflanzlichen Befruchtung sehr ähnlich. Noch viel später wurde der Befruchtungsakt bei Höheren Pflanzen nachgewiesen, und zwar von Pringsheims Schüler Eduard Strasburger in Bonn [10, 11].

### Generationswechsel

Befruchtung und sexuelle Fortpflanzung erhöhen die genetische Vielfalt, setzen aber voraus, dass sich die Sexualpartner physisch begegnen. Im Gegensatz dazu ist bei asexueller Vermehrung kein Partner erforderlich, und es

lässt sich rasch eine große Anzahl von Nachkommen erzeugen. Neben der Entwicklung der Sexualität wurde die asexuelle Fortpflanzung im Verlauf der Evolution beibehalten. Es entwickelte sich ein sexuell-ase sexueller Generationswechsel, der die Vorteile beider Fortpflanzungstypen kombiniert.

Ein sexuell-ase sexueller Generationswechsel wurde erstmals bei Tieren beobachtet, und zwar bei Salpen, kleinen tönchenförmigen Meeresbewohnern [12]. Wilhelm Hofmeister zeigte Mitte des 19. Jahrhunderts, dass ein Generationswechsel auch für Moose und Farne typisch ist [13]. Es war Pringsheims Verdienst, dass er die Bedeutung des Generationswechsels wenig später auch für Algen erkannte. Er wies auf die Analogie des Generationswechsels von Moosen und Grünalgen der Gattung *Coleochaeta* hin (Abbildung 8): „Denn wie bei den Moosen sehen wir

auch bei den Coleochaeten als Produkt der Zeugung nicht eine unmittelbar zur neuen Pflanze entwicklungsfähige Spore entstehen, sondern jene zweite, verschiedengestaltige Generation – die Frucht – auftreten, in deren Zellen erst die Sporen sich bilden, welche die den Eltern gleichen Pflanzen wiedererzeugen“ [14].

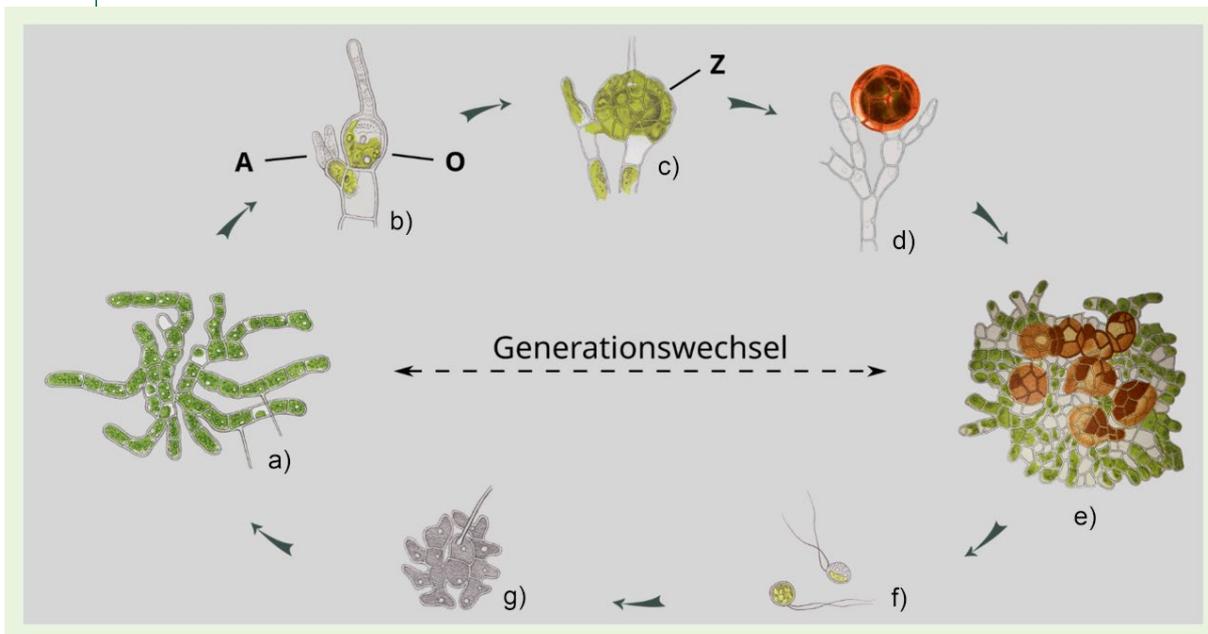
Und in der Tat lassen sich bei *Coleochaeta* deutlich zwei Generationen unterscheiden: eine „Sporengeneration“, die Sporen bildet, und eine Generation, die Geschlechtsorgane und Keimzellen entwickelt, der Gametophyt (siehe ► Generationswechsel). Allerdings ist in der „Sporen-Generation“ der Algen nur die Zygote, aus der sich die ► haploiden Sporen durch Reduktionsteilung entwickeln, ► diploid. Der Rest des Spermokarps, also der auf dem Gametophyten wachsenden „Sporengeneration“ besteht hingegen aus Zellen der haploiden „Mutterpflanze“. Bei Moosen jedoch wird die ganze „Frucht“, also der Sporophyt (siehe ► Generationswechsel), aus diploiden Zellen gebildet. Moose zeigen wie alle Landpflanzen einen sogenannten diplobiontischen Generationswechsel mit vielzelliger diploider Sporophyten- und vielzelliger haploider Gametophyten-Generation. Der haplobiontisch-haploide Generationswechsel der *Coleochaeta* hingegen, bei dem nur der haploide Gametophyt vielzellig ist, ist auch für alle anderen bisher untersuchten Vertreter aus der Gruppe der Charophyta, die als Urahnen der Landpflanzen gelten, typisch. Die Entstehung eines vielzelligen

**ABB. 7 | URFORM DER SEXUALITÄT – ÄUSSERE BEFRUCHTUNG BEI PANDORINA MORUM**



Bei der sexuellen Fortpflanzung von *Pandorina* werden alle Zellen zu Geschlechtszellen. Es gibt keine Sexualorgane. Je zwei verschieden große Geschlechtszellen verschmelzen (b) und werden zur Zygote, aus der sich eine Oospore entwickelt. Nach einer Ruheperiode entlässt diese eine begeißelte Schwärmspore, aus der eine neue Algenkolonie entstehen kann. Originalzeichnung von Nathanael Pringsheim [8].

**ABB. 8 | URFORM DER SEXUALITÄT – GENERATIONSWECHSEL BEI COLEOCHAETA SPEC.**



Der Gametophyt (a) entwickelt flaschenförmige Oogonien (O) und paarige Antheridien (A), die Spermatozoiden bilden, welche sich zu den Oogonien bewegen (b). Nach der Befruchtung werden die nun die Zygote (Z) enthaltenden Oogonien durch Zellfäden eingehüllt (c). Es entwickelt sich die „Frucht“, das sogenannte Spermokarp (d), das auf dem Gametophyten wächst (e) und in dem die Zygote als Oospore überwintert. Im Frühjahr kommt es in den Früchten zur Meiose und der Bildung von Zoosporen (f), aus denen ohne Sexualität Keimlinge (g) entstehen und daraus die gametophytische Generation (a), die sich wiederum sexuell fortpflanzen kann. Abb.: Jörn Starrau, Dresden, unter Verwendung der Originalzeichnungen von Nathanael Pringsheim [14].

**ABB. 9 | APOSPORIE BEIM SCHLAFMOOS  
(HYPNUM SERPENS)**



**Vorkeim und blättriges Moospflänzchen (der Gametophyt) wachsen direkt aus dem Stiel (Sporophyt) ohne die Zwischenstufe Sporen.** Originalzeichnung von Nathanael Pringsheim [17].

diploiden Sporophyten, d. h. des diplobiontischen Generationswechsels der Landpflanzen aus dem haplobiontisch-haploiden Generationswechsel der *Coleochaeta* ist ein fundamentales evolutionäres Problem [15].

Mögliche Lösungen gehen auf zwei bereits vor mehr als einem Jahrhundert entwickelte Theorien zurück: Die „antithetische“ bzw. Interpolationstheorie von Bower postuliert, dass der Sporophyt als neue Generation „eingeschoben“ wurde [16]. Nach der von Pringsheim vorgeschlagenen „homologen“ Theorie war der Sporophyt ursprünglich ein „modifizierter“ Gametophyt [17]. Nach dieser Auffassung entspricht der Gametophyt also ganz im Sinne von Goethes idealistischer Morphologie einer „Urpflanze“.

Pringsheim sah Belege für seine Theorie der Homologie in der von Farlow in Farnen beschriebenen ▶ Apogamie, bei der der Sporophyt ohne Befruchtung direkt aus dem Gametophyten entsteht [18], sowie der von ihm selbst bei Moosen entdeckten ▶ Aposporie, bei der sich der Gametophyt ohne Sporenstufe direkt aus dem Sporophyten entwickelt [19], Abbildung 9). Dies zeige, dass sich die Rollen von Gametophyt und Sporophyt vertauschen ließen [17]. Die aktuelle molekulargenetische

Perspektive liefert allerdings keine Begründung dafür, die Theorie der Homologie aufgrund der Apogamie bzw. Aposporie zu bevorzugen. Da sowohl der haploide Gametophyt als auch der diploide Sporophyt einer Pflanze dasselbe Genom besitzen, existiert eine genetische Verbindung, die die Fähigkeit zur gegenseitigen Umwandlung einschließt, und zwar unabhängig davon, ob der Sporophyt „homolog“ oder „antithetisch“ entstanden ist.

Aus heutiger Sicht lässt sich die Entwicklung eines eigenständigen Sporophyten am ehesten mit der Interpolationstheorie erklären [15]. Danach entwickelt sich der diploide Sporophyt durch mitotische Teilungen aus der Zygote. Des Weiteren geht die Motilität der Sporen verloren. Zusätzlich wird der Sporophyt räumlich vom Gametophyten getrennt, um seine eigene Lebensphase zu beginnen. Erst nach Abschluss dieser Phase finden die Meiose und die Bildung haploider Sporen statt. Pringsheims Forschungsergebnisse zeigen, dass der Generationswechsel ein entscheidender Faktor in der Evolution der Landpflanzen und ihrer Vielfalt ist. Pringsheim gebührt der Verdienst, als Erster auf einen Generationswechsel bei Algen hingewiesen und eine Theorie zu seiner Entstehung, die homologe Theorie, vorgeschlagen zu haben. Visionär wandte er sich den *Coleochaeta* zu, einer Grünalgen-Gattung mit einem hochentwickeltem Sexualsystem, ohne wissen zu können, dass fortgeschrittene Grünalgen zu den Urahnen aller Landpflanzen zählen.

## Meeresbiologie auf Helgoland

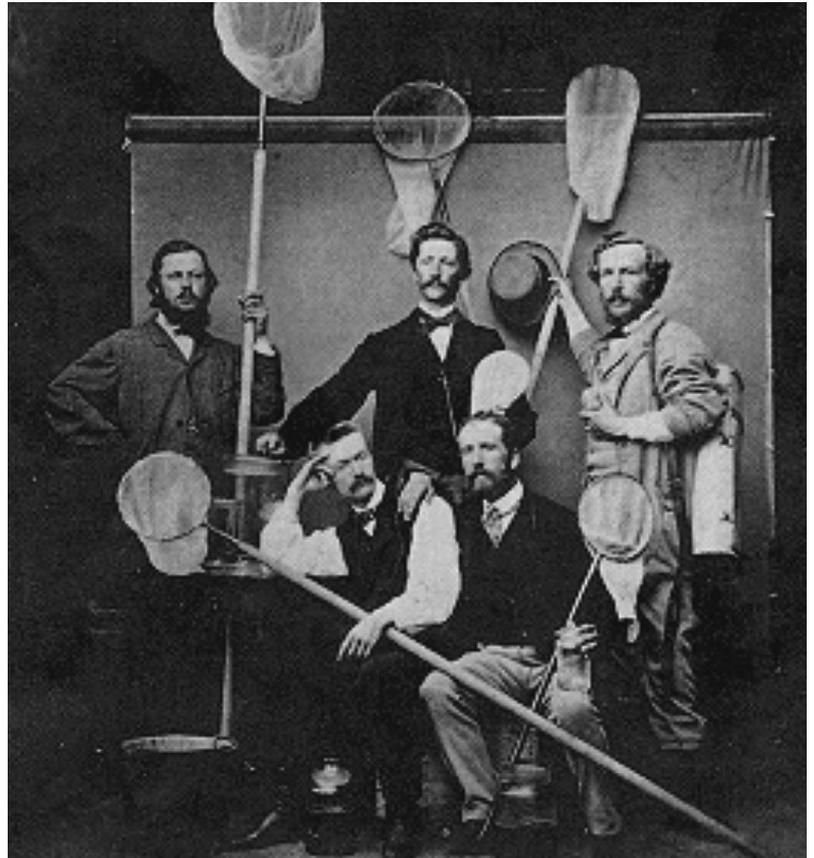
Helgoland ist die einzige deutsche Hochseeinsel und mit ihrer einzigartigen Flora und Fauna ein Paradies für Meeresbiologen und Ornithologen. Die Meeresbiologie erlebte im 19. Jahrhundert – inspiriert durch Darwins Evolutionstheorie – überall in Europa einen enormen Aufschwung. Darwins Ideen inspirierten Botaniker und Zoologen, Helgoland zur Erforschung der Evolution mariner Organismen zu besuchen. Da auf der Insel noch keine etablierte Forschungsanstalt existierte, führten sie ihre Untersuchungen in provisorischen Labors durch (Abbildung 10).

Die erste meeresbiologische Station in Europa wurde 1872 von dem deutschen Zoologen Anton Dohrn in Neapel eröffnet. Die Station diente als Modell für spätere Gründungen in anderen Ländern und war Treffpunkt führender Zoologen wie Ernst Haeckel und Künstler wie Paul Klee und Arnold Böcklin. Dohrn träumte von einem europäischen Netzwerk solcher Einrichtungen, verbunden durch die von ihm geliebte Eisenbahn. Die Idee, auch in Deutschland eine Meeresstation zu gründen, stammte ursprünglich von dem Zoologen Ernst Heinrich Ehlers, der diesen Vorschlag erstmals 1876 in einem Schreiben an den preußischen Kultusminister präsentierte. Ehlers hatte dabei schon Helgoland als geeigneten Standort ins Auge gefasst. Jedoch blieben lange Zeit alle Bemühungen, die Idee umzusetzen, erfolglos. Es gelang nicht, sich über organisatorische und finanzielle Rahmenbedingungen und

einen geeigneten Standort der Station an der Ost- oder Nordsee zu einigen. Einflussreichster Gegner einer deutschen Forschungsstation war Anton Dohrn, der – in Deutschland bestens wissenschaftlich und politisch vernetzt – Konkurrenz für seine Station in Neapel fürchtete. Dohrn bekannte in einem Brief an seine Frau, dass er „ganz im Stillen dem Helgoland-Kiel-Projekt ein Bein nach dem anderen stelle, es sowohl in Potsdam beim Kronprinzen denunziert habe als auch im Unterrichtsministerium und bei Reichstagsabgeordneten.“<sup>1</sup>

1890 änderten sich die politischen Rahmenbedingungen – in diesem Jahr wurde Helgoland an das Deutsche Reich übergeben. Zuvor war Helgoland Teil des Vereinigten Königreichs Großbritannien und Irland<sup>2</sup>. Nathanael Pringsheim erkannte rasch die Chancen, die in dem Machtwechsel lagen und erweckte die Initiative zu einer Stationsgründung auf Helgoland zu neuem Leben. Er hatte zuvor bereits viele Jahre vergebens an den verschiedensten Fronten für eine Station auf Helgoland gekämpft. Pringsheim war als ideenreicher Wissenschaftler, kluger Vermittler und gewiefter Organisator national und international geschätzt und bestens vernetzt. Er war erstmals 1852 als achtundzwanzigjähriger Dozent der Botanik auf Helgoland, um Proben für seine Forschung zur Algensexualität zu sammeln (s. o.), und kehrte später immer wieder auf die Insel zurück.

Nun ging es plötzlich Schlag auf Schlag. Noch vor der offiziellen Übernahme der Insel durch Kaiser Wilhelm II. gründete sich auf Pringsheims Initiative eine Kommission, welche die Stationsgründung vorantrieb und eine Denkschrift verfasste, die noch einmal pointiert den dringenden Bedarf einer Forschungsstation dokumentierte. Nathanael Pringsheim gelang es mit enormer Willensstärke und großem Verhandlungsgeschick, vorhandene Initiativen zu bündeln und den deutschen Kaiser persönlich vom Bau einer Forschungsstation auf Helgoland zu überzeugen. In einem Schreiben an Geheimrat Althoff vom preußischen Kultusministerium bemüht Pringsheim sogar Ebbe und Flut, um die Vorzüge Helgolands gegenüber einer Station an der Ostsee und der italienischen Station seines Widersachers Dohrn zu unterstreichen: „... Vom Standpunkt der Biologie erscheint die Ostsee mehr wie ein Brack-Wasserbecken, sowohl bezüglich der Menge als der Ausbildung der Organismen, die sie enthält, und außerdem besitzt sie keine Ebbe und Fluth, wenigstens keine solche, die für die biologische Forschung in Betracht kommt. In dem Vorhandensein von Ebbe und Fluth liegt auch der große Vorteil, den eine Station an der Nordsee einer solchen an den



**ABB. 10** Erste biologische Forschung auf Helgoland. Die im 19. Jahrhundert rasch wachsende Zahl von Naturforschern, die Helgoland besuchte, musste viel improvisieren, da es auf der Insel noch keine etablierte Forschungsanstalt gab. Gruppenaufnahme mit den Meeresbiologen Anton Dohrn, Richard Greef, Ernst Haeckel (stehend von links nach rechts), Matthijs Salverda und Pietro Marchi (sitzend von links nach rechts) auf Helgoland 1865 in einem provisorischen Laboratorium. Quelle: Archiv der Biologischen Anstalt Helgoland.

westlichen Küsten von Italien, z. B. von der in Neapel voraus hat.“<sup>3</sup>

Auch nachdem Dohrn erkannt hatte, dass eine Station auf Helgoland sich nicht mehr verhindern ließ, warnte er in einem Brief an Althoff davor, ein zu großes Institut zu errichten und empfiehlt „mit verhältnismäßig kleinen Dimensionen“ zu beginnen. Auch beschreibt er Schwierigkeiten des Standorts, die die Suche nach einem geeigneten Kandidaten für die Institutsleitung mit genügender psychischer Stabilität weiter erschweren würden: „Es darf ferner nicht ausser Acht gelassen werden, dass die Existenz in Helgoland, so angenehm sie während einiger Sommermonate sein mag, doch für den größeren Theil des Jahres eine recht einsame ist, und wohl kaum von Jedermann ausgehalten werden dürfte. Manch Einer, der sich vielleicht für die neue Stellung als geeignet erweisen könnte, hält vielleicht dieses Abgeschlossenheit von der übrigen Welt nicht aus, und erleidet Einbusse an seiner natürlichen Leistungskraft. Der geborene Einsiedler wiederum ist schwerlich ein richtiger Mann für solch ein Institut.“<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Zitiert nach [25]: Archiv der Universität Leipzig. Anton-Dohrn-Archiv der Zoologischen Station Neapel. Bd. 45, Brief vom 15.10.1876, Berlin

<sup>2</sup> Die Übergabe der Insel an das Deutsche Reich wurde im „Helgoland-Sansibar-Vertrag“ geregelt. Helgoland ging ans Deutsche Reich, das im Gegenzug die britischen Kolonialinteressen in Ostafrika anerkannte.

<sup>3</sup> Schreiben von Nathanael Pringsheim an Friedrich Althoff vom 21.7.1890, zitiert nach [25].

<sup>4</sup> Brief von A. Dohrn an F. Althoff vom 7.4.1891, GSTA Preuß. Kulturbesitz, Rep. 76 Vc. Sekt. 1 Tit. XI, Generalia, Wissenschaftssachen, Teil II, Nr. 10a. Die Beamten der Biologischen Anstalt Helgoland, Bd. 1, Bl. 10–12. Zitiert nach [25].



**ABB. 11** Erstes Dienstgebäude der Biologischen Anstalt Helgoland: Die 1892 gegründete Biologische Anstalt war zuerst provisorisch in einem ehemaligen Logierhaus untergebracht und konnte 1894 in die ehemalige Post (vorderes Gebäude im Bild) einziehen. Quelle: Archiv der Biologischen Anstalt Helgoland.

Dohrns Vorstöße blieben jedoch letztlich erfolglos. Schon 1892 konnte die Biologische Forschungsanstalt auf Helgoland eröffnet werden (Abbildung 11). Die Einbeziehung botanischer Aspekte im wissenschaftlichen Programm der Station ist Nathanael Pringsheim zu verdanken, der sich in allen wichtigen Gremien durchsetzungsstark für die Belange der Botanik stark gemacht hatte. Der Name Nathanael Pringsheim verbindet sich aufs Engste auch mit dem Nordseemuseum auf Helgoland und der Nathanael-Pringsheim-Stiftung. Seine Töchter stellten aus dem Erbe ihres Vaters die beträchtliche Summe von 25.000 Reichsmark zur Verfügung, die den Bau des Nordseemuseums ermöglichte. Die Nathanael-Pringsheim-Stiftung wurde 1992 zur Förderung der Biologischen Anstalt Helgoland gegründet. Die Anstalt wurde 1998 in das Alfred-Wegener-Institut (AWI) eingegliedert. Da bei diesem bereits ein Förderverein bestand, wurde die Pringsheim-Stiftung aufgelöst und das Restvermögen dem AWI-Förderverein zugeführt.

### Einordnung seines Werks

Algen sind eukaryotische pflanzliche Organismen, denen die typischen Organe höherer Pflanzen wie Spross und Wurzel fehlen und die vorwiegend in Gewässern und nassem Böden leben [20]. Durch Photosynthese produzieren sie Sauerstoff und fixieren Kohlendioxid. Damit spielen sie eine essenzielle Rolle für unser Leben. Mikroalgen im Meer sind zusammen mit den Blaualgen (Cyanobakterien) für etwa die Hälfte der globalen Kohlendioxidfixierung

verantwortlich [21]. Sie stehen an der Basis vieler Nahrungsketten. Die Untersuchung ihrer Vermehrungsmechanismen – einschließlich ihrer Fortpflanzung und Sexualität – ist von entscheidender Bedeutung, um ihr Verhalten und ihre biologische Vielfalt besser zu verstehen. Aus evolutionärer Sicht sind Algen besonders faszinierend, da einige Arten durch eine primäre Endosymbiose entstanden sind wie zum Beispiel die Grün- und Rotalgen, während andere, z.B. die Braunalgen, sich durch sekundäre Endosymbiose entwickelt haben [5]. Pringsheim selbst vertrat eine von Goethe inspirierte idealistische Evolutionstheorie, die eine morphologische Entfaltung von Organismen aus einem Urtyp (vgl. Urpflanze) postulierte.

Nathanael Pringsheim widmete sein Forscherleben den Lebenszyklen von Algen. Seine wegweisenden Beobachtungen über die „Urformen der Sexualität“ bei Grünalgen wiesen bereits auf ihre evolutionäre Bedeutung hin, die später durch genetische Analysen bestätigt wurde. Er identifizierte die männlichen und weiblichen Fortpflanzungsorgane bei vielen Algenarten und beobachtete erstmals bei Algen eine Befruchtung, also die Verschmelzung von männlichen und weiblichen Keimzellen. Seine bedeutsamste Errungenschaft war zweifelsohne die Entdeckung, dass bei bestimmten Grünalgen erstmals im Pflanzenreich ein Generationswechsel zwischen selbstständigen, sich sexuell und asexuell reproduzierenden Generationen stattfindet. Mit Weitsicht widmete er sich den *Coleochaeta*, einer Gattung der Grünalgen mit einem fortgeschrittenen Sexualsystem, ohne wissen zu können, dass diese zu den Urahnen aller Landpflanzen gehören [22, 23]. Der erstmals in Grünalgen auftretende Generationswechsel wird in Anpassung an das Leben auf dem Land in der Evolution der Landpflanzen modifiziert (Abbildung 12).

Um das Land erfolgreich zu erobern, mussten Moose als die ersten Landpflanzen das Sexualverhalten der im Wasser lebenden Grünalgen so an das Landleben anpassen, dass eine geschützte Entwicklung ihrer Keimzellen garantiert ist. Dies gelang ihnen dadurch, dass der Gametophyt von Moosen wie bei den von Pringsheim untersuchten *Coleochaeta* typischerweise flach auf dem Boden und im Kontakt zu tropfbar-flüssigem Wasser ausgebreitet ist. So können sich die begeißelten männlichen Geschlechtszellen (Spermatozoide) im wässrigen Milieu zu den Eizellen bewegen, die in den weiblichen Geschlechtsorganen festsitzen. Daher sind Moose auf Wasser angewiesen. Der unscheinbare Sporophyt bildet sich wie bei den *Coleochaeta* auf dem Gametophyten und wird von diesem mit Nährstoffen versorgt.

Die Moose ebneten den Weg für die Farne – auch sexuell. Den Farnen gelang es auf Basis des von den Moosen ererbten Generationswechsels vom Wasser unabhängiger zu werden und auch größere Individuen zu entwickeln. Der Generationswechsel ist bei Farnen zwar immer noch wasserabhängig, aber im Vergleich zu Moospflanzen in einer deutlich reduzierten Form. Der Gametophyt, der

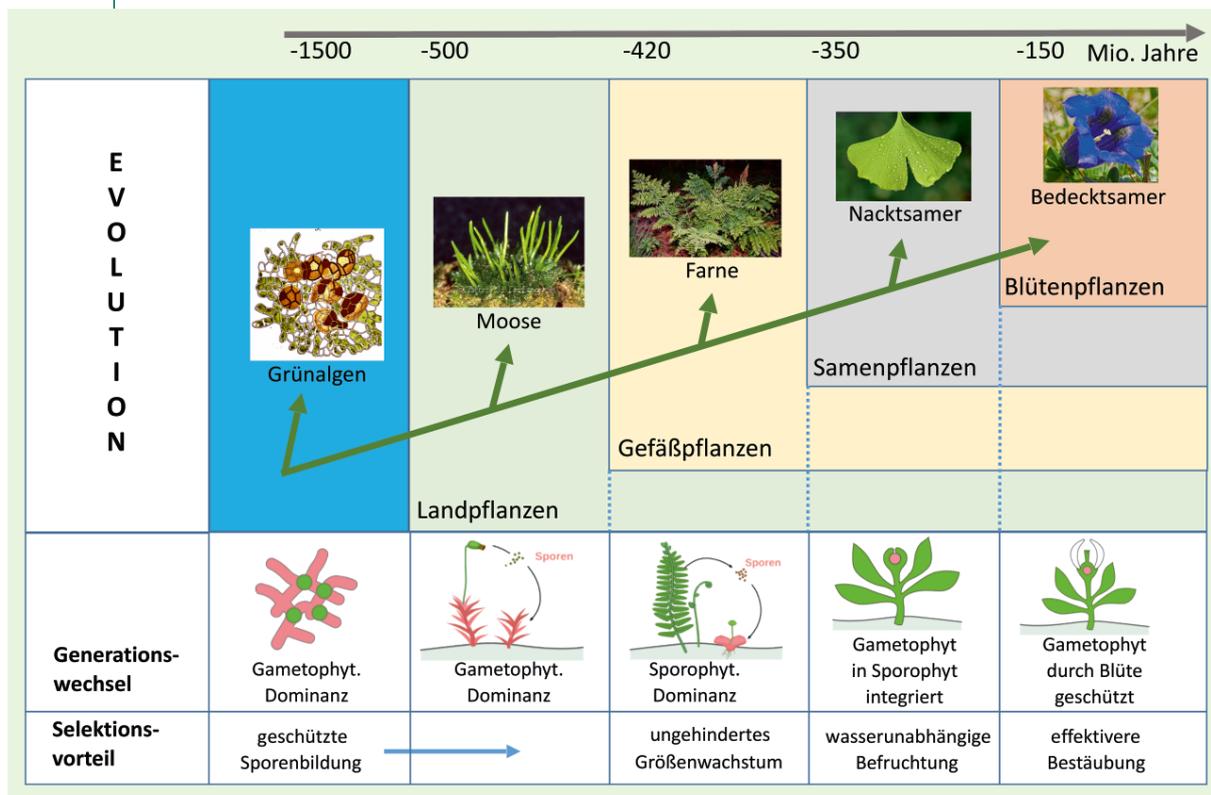
sogenannte Vorkeim, blieb bei den Farnen – ähnlich wie bei den Moosen – erdverbunden und ähnelt tatsächlich bei vielen Farnarten einem Lebermoos. Auch der Gametophyt der Farne produziert begeißelte Spermatozoide, die ihren Weg zu den weiblichen Geschlechtsorganen in einer Flüssigkeit zurücklegen. Um im Kontakt mit dem feuchten Boden bleiben zu können, ist die Größe des unscheinbaren Gametophyten begrenzt. Anders als bei den Moosen hat sich aber der Sporophyt vom Gametophyten emanzipiert und ist zu einem eigenständigen, frei lebenden Organismus geworden, der oft durch den Gametophyten hindurchwächst. So wurde bei den Farnen der Sporophyt (die Sporen produzierende Generation) vorherrschend.

Beim Generationswechsel der Nackt- und Bedecktsamer ist der Gametophyt im Vergleich zu Farnen noch weiter reduziert. Er besteht aus nur wenigen Zellen und fällt so kaum als eigene Generation ins Auge. Wie bereits bei den Farnen dominiert der Sporophyt, der als Baum, Strauch oder Kraut in Erscheinung tritt. Bei Bedecktsamern ist der Gametophyt zusätzlich durch die Blüte geschützt, was zudem eine effektivere Bestäubung ermöglicht. Bei den Samenpflanzen führte die stetige Verkleinerung des Gametophyten und die Einverleibung des

weiblichen Gametophyten in den Mutter-Sporophyten letztlich zur vollständigen Unabhängigkeit des Sexualaktes von tropfbar-flüssigem Wasser. Das ist wahrscheinlich der entscheidende Grund dafür, dass Samenpflanzen heute die vorherrschende Lebensform unter den Landpflanzen darstellen. Dennoch tragen sie in ihrer Fortpflanzungsweise noch das Erbe der Grünalgen in sich: Der Befruchtungsakt von unbeweglichen weiblichen Eizellen durch bewegliche männliche Keimzellen ähnelt dem ihrer Algenvorfahren. Im Laufe der Evolution hat sich jedoch der Körper stark umgebildet und entwickelte sich zu einem immer komplexeren Schutzorgan für die Keimzellen [24].

Wie hier dargestellt, waren Pringsheims Forschungsarbeiten zu Algen bahnbrechend. Sie brachten nicht nur Klärungen hinsichtlich ihrer Fortpflanzung und Sexualität, sondern stellten auch einen wichtigen Beitrag zum Verständnis der Evolution der Pflanzen dar. Darüber hinaus spielte Pringsheim eine wichtige Rolle bei der Entwicklung der Botanik als Experimentalwissenschaft. Er entwickelte neue Methoden und Techniken zur mikroskopischen Untersuchung von Pflanzenzellen und betonte die Bedeutung der Grundlagenforschung als Basis für weitere Studien und Anwendungen in anderen biologischen Bereichen. Pringsheims Arbeit erweiterte das Verständnis

ABB. 12 | EVOLUTION DER LANDPFLANZEN



**Die Evolution der Landpflanzen – von vielzelligen Grünalgen und weiter über Moose und Farne bis zu Nackt- und Bedecktsamern (Blütenpflanzen) – ist geprägt von Variationen im Generationswechsel, die aus der natürlichen Selektion resultieren. Der Generationswechsel, zuerst von Nathanael Pringsheim bei Grünalgen beschrieben, umfasst eine Gametophytengeneration (hier rot dargestellt) und eine Sporophytengeneration (hier grün dargestellt).**

## GLOSSAR

**Antheridium:** Männliches Sexualorgan „Niederer Pflanzen“ (Algen, Moose und Farne), das der Produktion männlicher Gameten, den **Spermatozoiden**, dient.

**Apogamie:** Entwicklung des Sporophyten aus unbefruchteten Zellen des Gametophyten.

**Aposporie:** Entwicklung des Gametophyten aus dem Sporophyten, ohne dass die übliche Sporenbildung stattfindet.

**Diploidie:** Eine diploide Zelle besitzt zwei vollständige Chromosomensätze – einen von der Mutter und einen vom Vater. Bei Menschen sind sämtliche Körperzellen diploid und enthalten 46 Chromosomen: je 23 von der Mutter und 23 vom Vater. Chromosomen spielen eine entscheidende Rolle bei der Vererbung, da sie die genetischen Informationen von den Eltern an die Nachkommen weiterleiten. Siehe auch ► Haploidie.

**Generationswechsel:** Landpflanzen zeichnen sich durch einen **diplobiontischen Generationswechsel** aus. Das bedeutet, ihr Lebenszyklus umfasst zwei vielzellige Generationen: die diploide Generation (**Sporophyt**), die für die Sporenbildung zuständig ist, und die haploide Generation (**Gametophyt**), die Geschlechtszellen erzeugt. Die Befruchtung markiert den Beginn der Entwicklung eines neuen, vielzelligen Sporophyten. Im Gegensatz dazu weisen einige Organismen einen **haplobiontischen Generationswechsel** auf, bei dem nur eine der Generationen vielzellig ist. Viele Algen und Pilze zeigen beispielsweise einen **haplobiontisch-haploiden Generationswechsel**, bei dem ausschließlich der Gametophyt vielzellig ist. In diesen Fällen besteht der Sporophyt nur aus einer einzigen Zelle – der diploiden **Zygote**, die bei der Befruchtung entsteht und unmittelbar eine **Meiose (Reifeteilung)** durchläuft, um wiederum haploide Zellen zu bilden. Säugetiere, einschließlich des Menschen, sind durch einen **haplobiontisch-diploiden Generationswechsel** gekennzeichnet, bei dem nur die diploide Phase vielzellig ist.

**Grünalgen:** Diese Algen besitzen Chloroplasten, deren Pigmente und Struktur derjenigen der Landpflanzen ähneln. Es wird angenommen, dass vielzellige Grünalgen die Vorfahren der Landpflanzen sind.

**Haploidie:** Eine haploide Zelle verfügt über einen vollständigen Satz von Chromosomen. Chromosomen sind Strukturen im Zellkern, die die genetische Information in Form von DNA tragen. Bei Organismen, die sich sexuell fortpflanzen, sind die Geschlechtszellen – also Spermien und Eizellen – haploid. Bei einigen Organismen wie bestimmten Algen und Pilzen verläuft der Großteil des Lebenszyklus in der haploiden Phase. Siehe auch ► Diploidie.

**Oogonium:** Weibliches Geschlechtsorgan bei Algen, in dem weibliche Geschlechtszellen (Eizellen) ausgebildet werden.

**Spore:** Sporen fungieren als Reproduktionseinheiten und ermöglichen die Ausbreitung und Überdauerung von Organismen. **Oosporen** bilden sich durch die Vereinigung von zwei Geschlechtszellen unterschiedlicher Art und können eine Ruhephase einlegen, bis die äußeren Bedingungen ihre Aktivierung begünstigen. **Zoosporen**, auch als **Schwärm-sporen bezeichnet**, sind in der Lage, eine neue Pflanze zu bilden, ohne dass eine Befruchtung stattfinden muss. Im Gegensatz zu Oosporen sind sie in der Regel haploid.

der Zellbiologie und der Fortpflanzung von Organismen und legte das Fundament für ein tieferes Verständnis der Gründe und Mechanismen der Lebensdiversität und der biologischen Prozesse, die Zellen und Organismen formen und beeinflussen. Viele Fragen bleiben offen, aber dank der bahnbrechenden Forschungsarbeiten von Nathanael Pringsheim und anderen auf dem Gebiet der Sexualität und Entwicklung sind wir überhaupt in der Lage, diese Fragen zu stellen.

## Zusammenfassung

Nathanael Pringsheim, geboren am 30. November 1823, begann seine wissenschaftliche Laufbahn mit Studien in Philosophie und Medizin, bevor er sich der experimentell-analytischen Botanik zuwandte, deren Entwicklung er maßgeblich mitgestaltete und dabei eine Pionierrolle übernahm. Seine Forschungen zu Algen veränderten das zeitgenössische Verständnis von Sexualität, die er als allgemeines Lebensprinzip erkannte. Er identifizierte bei Algen zudem einen Generationswechsel zwischen sexueller und asexueller Fortpflanzung, welcher die genetische Vielfalt und Anpassungsfähigkeit fördert. Im Verlauf der Evolution der Landpflanzen ermöglichen Variationen im Generationswechsel die Eroberung neuer Lebensräume. Pringsheims Arbeit markiert den spannenden Übergang zur modernen Naturwissenschaft. Einerseits stand er der spekulativen Naturphilosophie und Metaphysik kritisch gegenüber und war bei seiner Untersuchung der individuellen Pflanzenentwicklung bereits fest in der modernen Biologie und Zelltheorie verankert. Andererseits hielt er an einer von Goethe beeinflussten idealistischen Evolutionstheorie fest. Seinen wissenschaftlichen Einfluss und sein organisatorisches Geschick nutzte er zur Gründung der Deutschen Botanischen Gesellschaft. Zudem war er maßgeblich an der Einrichtung der ersten deutschen meeresbiologischen Forschungsstation auf Helgoland im Jahr 1892 beteiligt.

## Summary

### Nathaniel Pringsheim and the sexual revolution in algae research

Nathanael Pringsheim, born on November 30, 1823, began his scientific career with studies in philosophy and medicine before turning to experimental analytical botany, whose development was significantly shaped by him while assuming a pioneer role at the same time. His research on algae revolutionized the contemporary understanding of sexuality, which he recognized as a fundamental principle of life. Additionally, he identified an alternation of generations between sexual and asexual reproduction in algae, which promotes genetic diversity and adaptability. In the course of plant evolution, variations in this alternation of generations enable the colonization of new habitats. Pringsheim's work marks an exciting transition to modern natural science. On the one hand, he critically opposed speculative natural philosophy and metaphysics and was firmly rooted in modern biology and cell theory in his investigation of

*individual plant development. On the other hand, he adhered to an idealistic theory of evolution influenced by Goethe. He used his scientific influence and organizational skills to establish the German Botanical Society. Moreover, he was significantly involved in the establishment of the first German marine biological research station on Helgoland in 1892.*

## Danksagung

Ich danke Dieter Volkmann (Bonn), Dieter Wolf-Gladrow (Bremen) und Michael Kücken (Dresden) herzlich für ihre wertvollen Anmerkungen zu den Entwürfen dieses Artikels. Mein Dank geht auch an Jörn Starrau (Dresden) für die Unterstützung bei der Erstellung der Abbildungen sowie an die Mitglieder meiner Arbeitsgruppe an der TU Dresden für anregende Diskussionen und ein inspirierendes Arbeitsumfeld.

## Schlagworte

Grünalgen, Coleochaeta, Urformen der Sexualität, Generationswechsel, Evolution der Landpflanzen, Deutsche Botanische Gesellschaft (DBG) e. V., Biologische Anstalt Helgoland (BAH)

## Literatur

- [1] N. Pringsheim (1855). Ueber die Befruchtung und Keimung der Algen und das Wesen des Zeugungsacts, Monatsberichte der Königlich Preussischen Akademie der Wissenschaften, 1–33.
- [2] L. Wolpert (1996). The evolution of the cell theory. *Current Biology* 6 (3), 225–228.
- [3] N. Pringsheim (1848). De forma et incremento stratorum crassiorum in plantarum cellula observationes quaedam novae („Neue Beobachtungen über Form und Wachstum der dickeren Schichten in der Pflanzenzelle“). Dissertation, Universität Berlin.
- [4] S. M. Adl et al. (2005). The new higher level classification of eukaryotes with emphasis on the taxonomy of protists. *Journal of Eukaryotic Microbiology* 52 (5), 399–451.
- [5] J. Gentil et al. (2017). Review: origin of complex algae by secondary endosymbiosis: a journey through time. *Protoplasma* 254 (5), 1835–1843.
- [6] D. H. Scott (1895). Nathanael Pringsheim. *Nature* 51, 399–402.
- [7] G. A. Thuret (1850). Recherches sur les zoospores des algues et les anthéridies des cryptogames. *Annales des Sciences Naturelle Botaniques* 3 (4), 214–260.
- [8] N. Pringsheim (1869). Ueber Paarung von Schwärmosporen, die morphologische Grundform der Zeugung im Pflanzenreiche. *Monatsberichte der Königlich Preussischen Akademie der Wissenschaften*, 721–738.
- [9] O. Hertwig (1876). Beiträge zur Kenntniss der Bildung, Befruchtung und Theilung des thierischen Eies. *Morphologisches Jahrbuch* 1 (3), 347–434.
- [10] E. Strasburger (1884). Neue Untersuchungen über den Befruchtungsvorgang bei den Phanerogamen als Grundlage für eine Theorie der Zeugung. *Gustav Fischer, Jena*.
- [11] D. Volkmann (2013). Eduard Strasburger. 100. Todestag – dennoch hochaktuell. *Biologie in unserer Zeit* 43 (2), 118–124.
- [12] A. v. Chamisso und C. W. Eysenhardt (1821). De animalibus quibusdam e classe vermium Linnaeana, in circumnavigatione terrae, auspicante Comite N. Romanzoff, duce Ottone de Kotzebue, annis 1815–1818 peracta, observatis. *Fasciculus secundus, reliquos vermes continens. Nova acta Academiae Caesareae Leopoldino-Carolinae Germanicae Naturae Curiosorum* 10 (2), 343–374.
- [13] W. Hofmeister (1851). Vergleichende Untersuchungen der Keimung, Entfaltung und Fruchtbildung höherer Kryptogamen und der Samenbildungen der Coniferen. Verlag von Friedrich Hofmeister, Leipzig.
- [14] N. Pringsheim (1858). Beiträge zur Morphologie und Systematik der Algen. III. Die Coleochaeten. *Jahrbücher für Wissenschaftliche Botanik* 2, 1–38
- [15] K. J. Niklas, U. Kutschera (2010). The evolution of the land plant lifecycle. *New Phytologist* 185, 27–41.
- [16] F. O. Bower (1890). On antithetic as distinct from homologous alternation of generations in plants. *Annals of Botany* 4, 347–370.
- [17] N. Pringsheim (1878). Ueber Sprossung der Moosfrüchte und den Generationswechsel der Thallophyten. *Jahrbücher für Wissenschaftliche Botanik* 11, 1–46
- [18] W. G. Farlow (1874). An asexual growth from the prothallus of *Pteris cretica*. *Quarterly Journal of Microscopical Science* 14, 266–272.
- [19] V. S. Bryan (2001). Apospory in mosses discovered by Nathanael Pringsheim in a brilliant epoch of botany. *The Bryologist* 104 (1), 40–46
- [20] M. S. Parker et al. (2008). Genomic insights into marine microalgae. *Annual Review of Genetics* 42, 619–645.
- [21] C. B. Field et al. (1998). Primary production of the biosphere: integrating terrestrial and oceanic components. *Science* 281, 237–240.
- [22] D. Haig (2015). Coleochaete and the origin of sporophytes. *American Journal of Botany* 102 (3), 417–422.
- [23] Y.-L. Qiu et al. (2012). Evolution of the life cycle in land plants. *Journal of Systematics and Evolution* 50 (3), 171–194.
- [24] W. Zimmermann (1969). Geschichte der Pflanzen – Eine Übersicht. 2. Aufl., Deutscher Taschenbuch-Verlag, München.
- [25] P. Werner (1993). Die Gründung der Königlich Biologischen Anstalt auf Helgoland und ihre Geschichte bis 1945. *Helgoländer Meeresuntersuchungen* 47 (Suppl.), 1–182.
- [26] M. Bertolotti (2005). The history of the laser. *CRC Press, Boca Raton*.
- [27] N. Pringsheim (1856). Untersuchungen über Befruchtung und Generationswechsel der Algen. *Monatsberichte der Königlich Preussischen Akademie der Wissenschaften*, 225–237.

## Verfasst von:



Andreas Deutsch studierte Mathematik und Biologie an der Universität Mainz und promovierte an der Universität Bremen über die mathematische und experimentelle Analyse der Musterbildung von Schimmelpilzen. Er habilitierte sich an der Universität Bonn in Theoretischer Biologie und leitet heute eine Forschungsgruppe an der Technischen Universität Dresden. Seine Forschungsschwerpunkte umfassen die Entstehung von Krebserkrankungen, die Analyse biologischer Musterbildung, die Untersuchung von Pandemien sowie die Geschichte biologischer Ideen und Theorien.

### Korrespondenz

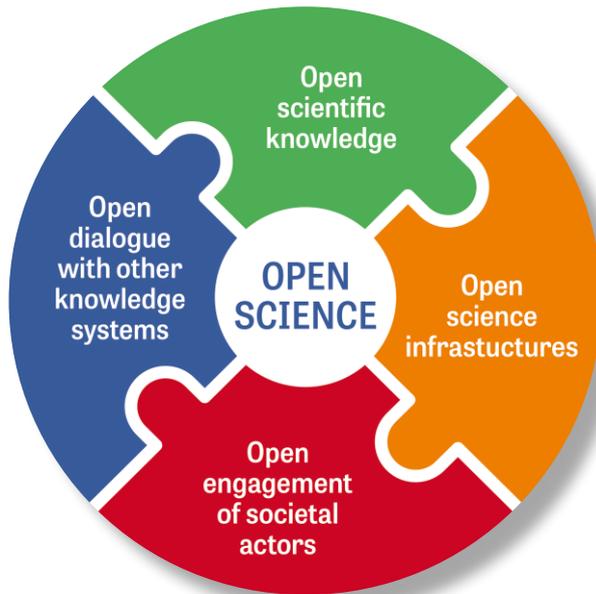
Prof. Dr. Andreas Deutsch  
Technische Universität Dresden  
Center for Interdisciplinary Digital Sciences (CIDS)  
Department Informationsdienste und Hochleistungsrechnen (ZIH)  
01062 Dresden  
E-Mail: andreas.deutsch@tu-dresden.de

## Von Open Access zu Open Science

# Offene Daten, offene Wissenschaft?

KERSTIN ELBING | ERWIN BECK | BARBARA EBERT | KONRAD FÖRSTNER

**Open Science hat viele Facetten: Sie umfasst Offenheit in Hinblick auf wissenschaftliche Erkenntnisse und wissenschaftliche Infrastrukturen, aber auch bezüglich des Engagements gesellschaftlicher Akteure und Offenheit für andere Wissenschaftssysteme (z. B. traditionelles Wissen).** Abb.: P. Kneib/ZB Med nach [13].



Mit der „UNESCO-Empfehlung für offene Wissenschaft“ haben 193 Staaten im Herbst 2021 gemeinsame wissenschaftspolitische Leitlinien formuliert, die von Publikationen, Daten und Lehrmaterialien bis hin zur Öffnung von Forschungsprozessen für gesellschaftliche Akteure reichen. Doch wie beeinflusst das Konzept von Open Science Ausbildung, Studium, Lehre und Forschung in der Biologie? Wird nun alles anders? Wie viel Aufwand bringt es für die Einzelnen und für das Wissenschaftssystem? Wo liegen die Chancen, wo die Grenzen des Konzeptes? Vier Autor/-innen mit sehr unterschiedlichem Hintergrund haben sich auf die Suche nach Antworten auf diese Fragen begeben. Gemeinsam beleuchten sie aus unterschiedlichen Blickwinkeln, welchen Effekt die wachsende Bewegung hin zu offener Wissenschaft auf das Alltagsgeschäft von Biolog/-innen hat.

Wissenschaft hat schon immer vom Austausch von Material und Daten aller Art gelebt. Je nach Forschungsgebiet unterscheiden sich die Herangehensweisen, die sich besonders in den letzten Jahrzehnten erheblich gewandelt haben. Und der Paradigmenwechsel hin zu einer breit verstandenen *Open Science* wird die wissenschaftliche Praxis weiter wandeln. Im Folgenden diskutieren vier Expert/-innen *Open Science* aus den Blickwinkeln verschiedener biologischer Fachrichtungen:

Erwin Beck, Jahrgang 1937, ist emeritierter Professor für Pflanzenphysiologie, ehemaliger Vorsitzender der Senatskommission für Biodiversitätsforschung der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) sowie der Arbeitsgruppe *Access and Benefit Sharing* und langjähriger Kurator von „Biologie in unserer Zeit“ (Mitgliederzeitschrift des Verbandes Biologie, Biowissenschaften & Biomedizin in Deutschland – VBIO e. V.).

Barbara Ebert, Jahrgang 1970, ist promovierte Biologin und Wissenschaftsmanagerin, die sich als Geschäftsführerin der Gesellschaft für Biologische Daten e. V. für den Aufbau von Forschungs- und Dateninfrastrukturen engagiert.

Kerstin Elbing, Jahrgang 1967, ist promovierte Biologin und Ressortleiterin „Wissenschaft und Gesellschaft“ im VBIO. Sie hat sich unter anderem intensiv mit den Themen „Biodiversitätskonvention“, „Nagoya-Protokoll“ und „digitale Sequenzinformationen“ beschäftigt.

Konrad U. Förstner, Jahrgang 1980, ist promovierter Bioinformatiker, Professor für *Data and Information Literacy* an der Technischen Hochschule Köln und leitet gleichzeitig bei ZB MED – Informationszentrum Lebenswissenschaften den Programmbereich *Data Science and Services*.

**Ebert:** *Open Science* ist ein vielseitiger, fast schillernder Begriff. Als ich Ende der 1990er Jahre in Göttingen promovierte, gab es schon die Erwartung oder sogar Pflicht, molekulare Sequenzdaten in der Europäischen Nukleotiddatenbank ENA zu veröffentlichen (zu den Nukleotiddatenbanken siehe Kasten „*Bermuda Principles*: Grundlage für offene Daten in der Molekulargenetik“). Das hat mich damals sehr beeindruckt und schien mir konsequent; wir hatten ja selbst diese riesige Genomdatenbank genutzt, um die Phylogenie unseres Kaliumkanalgens zu untersuchen. Aber noch immer sind offene Daten dieser



## BERMUDA PRINCIPLES: GRUNDLAGE FÜR OFFENE DATEN IN DER MOLEKULARGENETIK

Im Rennen um die Sequenzierung des menschlichen Genoms wurden 1996 die sog. Bermuda Principles formuliert: Die Konkurrenten Celera Genomics (geleitet von Craig Venter) und die akademischen Forschungsgruppen aus dem Humangenomprojekt einigten sich darauf, alle Sequenzdaten der Akteure aus dem Rennen um die Sequenzierung des menschlichen Genoms zeitnah in einer der anerkannten Genomdatenbanken als sog. Public Good öffentlich zugänglich zu hinterlegen. So konnte die befürchtete Privatisierung der Genomdaten abgewendet werden. In der Folge wurden die von der Human Genome Organisation formulierten Prinzipien als allgemeine Grundlage in der Molekulargenetik akzeptiert und große Dateninfrastrukturen entstanden. Die International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC) mit den drei Genomdatenzentren in den USA (National Center for Biotechnology Information, NCBI), Europa (European Molecular Biology Laboratory-European Bioinformatics Institute, EMBL-EBI) und Japan (DNA Data Bank of Japan, DDBJ) wurde 1987 gegründet. Sie verzeichnet heute Millionen von Sequenzdaten und ist eine unverzichtbare Säule moderner Forschung (Abbildung 1). So war die schnelle Identifikation des neuartigen SARS-Coronavirus 2003 nur durch die dort hinterlegten Vergleichsdaten möglich [2].

## BIOLOGISCHE DATEN

Biologische Daten werden in verschiedene Typen unterteilt:

Typ 1: Biodiversitäts- und Vorkommensdaten aus dem klassischen Sammlungs- und Biodiversitätsforschungsbereich, d. h. digitale Objekte mit Taxonomie(n), Georeferenzen, z. B. Ort, Datum und häufig referenzierte Ressourcen als Multimedia-Objekte.

Typ 1a: Sammlungsdaten (mit Bezug zum physischen Objekt)

Typ 1b: Beobachtungsdaten (ohne Bezug zu einem physischen Objekt)

Open Data Resource: Global Biodiversity Information Facility (GBIF) mit 2,3 Milliarden Datensätzen weltweit.

Typ 2: Taxondata

Es handelt sich um taxonbezogene Daten (z. B. in einem Katalog, einer Checkliste oder einer sogenannten Roten Liste).

Open Data Resource: keine koordinierte Infrastruktur; Daten oftmals nur aus Publikationen extrahierbar. Hoher Bedarf. Neu: API (Programmierschnittstelle) zum Checklist Editor Rote-Liste-Institut in Deutschland (mit Mitteln der Nationalen Forschungsdateninfrastruktur (NFDI) finanziert)

Typ 3: Umweltbiologische Daten und ökologische Daten

Dabei handelt es sich um Daten aus umweltbiologischen und ökologischen Studien (z. B. funktionelle und phylogenetische Merkmalsdaten).

Open Data Resource: PANGAEA Data Publisher for Earth and Environmental Sciences

Typ 4: Nicht-molekulare Analysedaten

Hierbei handelt es sich um nicht-molekulare Daten aus Messungen und Laboranalysen (Datensätze und/oder Datenpakete) in ihrem ursprünglichen Dateiformat (z. B. Massenspektren).

Open Data Resource: Keine konsolidierten Datenkorpora. Datensätze werden vereinzelt in thematischen und institutionellen Repositorien veröffentlicht, Zugang meist über die verknüpfte Literatur.

Typ 5: Molekulare Daten

Dies sind Daten, die sich u. a. auf Nukleotide, Proteine und Metabolite beziehen.

Open Data Resources: INSDC-Datenbanken für Nukleotiddaten sowie „Uniprot“ für Proteine.

Zusammengestellt nach [4], German Federation for the Curation of Biological Data, Major Types of Biological Data.

## Was sind biologische Forschungsdaten und wem gehören sie?

Biowissenschaftliche Forschungsdaten sind vielfältig und umfassen Messwerte aller Art, Beobachtungs- oder Sequenzdaten von Proteinen, DNS und RNS. Auch Informationen zur Methodik der Datengewinnung oder zur Georeferenzierung sind wichtig (siehe Kasten „Biologische Daten“). Derartige Daten werden tausendfach erhoben. Aber wem gehören diese Forschungsdaten eigentlich? Wer ist überhaupt befugt, Daten zu teilen und zu nutzen und wo gibt es Einschränkungen? Leider sind „biologische Daten“ im juristischen Sinne nicht eindeutig definiert.

**Förstner:** Bei öffentlich finanzierter Forschung sollte für die anfallenden Daten gelten: „Open per Default – standardmäßig offen“. Die Forschungsdaten sollten damit Teil der Allmende werden. Natürlich gibt es Einschränkungen, zum Beispiel, wenn es sich um personenbezogene Daten handelt und ein öffentlicher Zugang mit dem Datenschutz kollidieren würde.

**Ebert:** Viele der biologischen Daten, mit denen gearbeitet wird, sind reine Mess- oder Beobachtungsdaten ohne die „schöpferische Höhe“, die das Urheberrecht für einen Urheberschutz fordert. Bei einer Veröffentlichung sind das also „freie“ Daten. Trotzdem geht es immer darum: Wem können sie zugeordnet werden? Wer ist befugt, eine Entscheidung über die Weitergabe und Veröffentlichung der erhobenen Daten zu treffen? Das kann der Auftraggeber sein, eine eigenständig forschende Person oder auch ein Verbund von Projektpartnern. In der Praxis sind diese Fragen oftmals nicht sauber geklärt, was das Datenteilen nicht einfacher macht.

**Elbing:** In manchen Fällen liegen Verfügungsrechte aber auch außerhalb der Wissenschaft. Das Übereinkommen über die biologische Vielfalt (*Convention on Biological Diversity*, CBD) legt seit 1992 fest, dass „genetische Ressourcen“ Eigentum des jeweiligen Herkunftslandes sind. Diesem steht es frei, die Erforschung ihres „Eigentums“ zuzulassen oder die Daten mit Einschränkungen zu versehen, die beispielsweise auch die Datenweitergabe oder gar das Publizieren der Forschungsergebnisse betreffen können. Das wird durch Verträge geregelt. Ähnliches gilt für die Nutzung traditionellen Wissens, das mit der genetischen Ressource assoziiert ist. Im schlimmsten Fall kann das quasi einem Verbot der Publikation oder Weitergabe von Daten gleichkommen, was in der Praxis jedoch selten vorkommt. In Zeiten von *Access and Benefit Sharing* (ABS – Zugang und gerechter Vorteilsausgleich) ist „Offenheit“ immer auch verbunden mit der Verpflichtung, den entstandenen „Vorteil“ zu teilen. Im Bereich der Grundlagenforschung kann es dabei nicht um das große Geld gehen, sondern vielmehr um das Gewähren nicht-monetärer Vorteile, wie sie sich etwa aus wissenschaftlichen Kooperationen, gemeinsamen Publikationen oder Trainings (zum Beispiel in Hinblick auf Massenspektroskopie oder visuelle Daten für die Fernerkundung) ergeben.

**Beck:** Daten, die nicht mit öffentlichen Mitteln gewonnen wurden, gehören natürlich dem Auftraggeber, dem Datenerzeuger oder Eigentümer des Materials (s. o.), wenn dies bei der Genehmigung des Projekts so vereinbart wurde. Eine heikle Frage ergibt sich bei der Auftragsforschung, z. B. bei Forschungen, die im Auftrag der Staatsverwaltung (Ministerien) und mit deren Finanzmitteln durchgeführt werden. Nicht immer waren staatliche Dienststellen bereit, die Daten und Erkenntnisse zeitnah zu publizieren. Im Umweltbereich aber müssen die Daten (wenn sie nicht einem anderen besonderen Geheimhaltungsgrund unterliegen) nach dem Umweltinformationsgesetz auf Anfrage veröffentlicht werden. Bei der DFG und anderen Forschungsförderern gilt der Grundsatz, dass mit Mitteln der öffentlichen Hand gewonnene Erkenntnisse auch der Öffentlichkeit zur Verfügung gestellt werden müssen. Embargo-Regelungen sind aber weitgehend akzeptiert, z. B. können die für ein Patent notwendigen Erhebungen oder die im Rahmen einer wissenschaftlichen Qualifikation (z. B. einer Dissertation) erhobenen Daten mit einer Schonfrist versehen werden, deren Dauer vor Projektbeginn vereinbart werden muss. Eine aktuelle Darstellung zum Eigentumsrecht an Daten findet sich bei Frisch [3].

### Open Data in der täglichen Praxis

*Open Data* ermöglicht die Nachnutzung von Daten und damit auch die Generierung neuer Erkenntnisse – etwa, wenn es um historische oder globale Aspekte geht. Soweit die Theorie. In der Praxis ist *Open Data* hingegen mit vielerlei Hürden verbunden. Deren Überwindung erfordert ebenso einen gewissen Aufwand wie die Auflösung von Zielkonflikten in der Datennutzung.

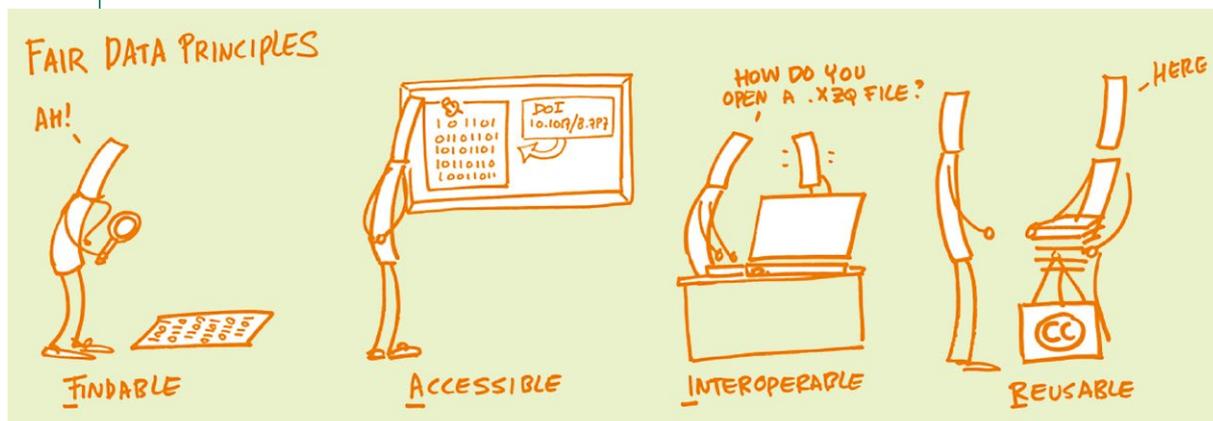
**Beck:** Noch in meiner Postdoc-Zeit war Geheimhaltung von Forschungsergebnissen ein wichtiges Thema, zum einen – wie auch heute – wegen möglicher Patente. Zum anderen war das noch die Zeit (Mitte der 1950er bis Anfang der 70er Jahre) der „großen“ Entdeckungen, die bis heute mit den Namen von Wissenschaftler/-innen verbunden sind wie z. B. der Krebs- oder der Calvin-Zyklus. Hier war das

Konkurrenzdenken der Grund für die Geheimhaltung. Es gab Anweisungen der Chefs, was auf einer Tagung gesagt werden durfte und was (noch) nicht. Im Zuge der heute in der Biologie dominierenden Viel-Autoren-Publikationen hat sich die Einstellung verändert: Man freut sich, wenn man eigene Daten für eine Publikation zur Verfügung stellen kann und in die Autorenliste aufgenommen wird. Nicht selten handelt es sich dabei um Daten, die im Zuge einer anderen Fragestellung erhoben wurden. Ohne *Open Science/Open Data* wäre die Suche nach potenziellen „Datenlieferanten“ eher ein Zufallsgeschäft. Das zeigt auch, wie wichtig eine umsichtige Verschlagwortung und Datenkuration (Entwicklung allgemein nutzbarer Datenformate) ist.

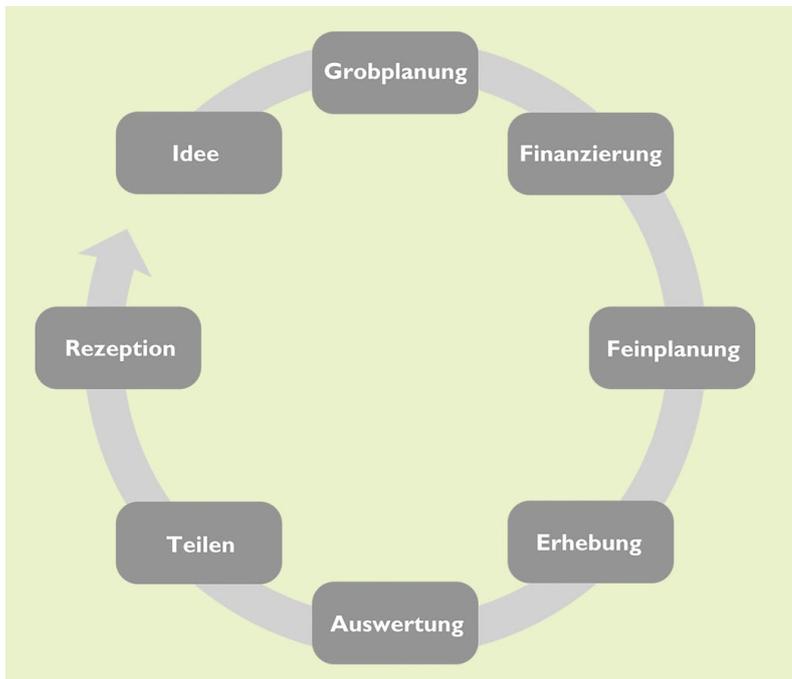
**Förstner:** Datennutzung muss entsprechend der FAIR-Prinzipien erfolgen [5] (Abbildung 2). FAIR steht dabei für *Findable* (Auffindbar), *Accessible* (Zugänglich), *Interoperable* (Interoperabel), *Reusable* (Wiederverwendbar). In der praktischen Anwendung der *Open Science*-Idee und der FAIR-Prinzipien gibt es zahlreiche Hürden. Häufig fehlt das Bewusstsein, dass die eigenen Daten von anderen in einem anderen Kontext nachgenutzt werden könnten und damit ein Mehrwert generiert werden kann. Zudem ist der Umgang mit großen Datenmengen – z. B. sogenannten Omics-Daten – nicht einfach. Daten müssen in Standardformaten vorliegen, was nicht immer der Fall ist. Es müssen entsprechende Datenbanken/Repositoryen verfügbar sein, die es ermöglichen, die Daten durch Metadaten präzise zu beschreiben und somit auch auffindbar zu machen. Die Weitergabe der eigenen Forschungsdaten nach den FAIR-Prinzipien ist häufig mit einem hohen Aufwand für die Forschenden verbunden, ohne dass ein unmittelbarer Nutzen dabei bereits erkennbar ist. Im Rahmen der Nationalen Forschungsdateninfrastrukturinitiative versuchen wir, diesem Problem sowohl durch gezieltes Training als auch durch die Entwicklung von Standards und die Bereitstellung von Speicher- und Analyseinfrastruktur Rechnung zu tragen.

**Ebert:** Im Netzwerk der Biodiversitätsakteure sind Daten unheimlich wichtig, sowohl im praktischen Natur-

ABB. 2 | DIE FAIR-PRINZIPIEN



Daten FAIR nutzen – das heißt, die Daten sind auffindbar, zugänglich, interoperabel und nachnutzbar. Abb. aus [7].



**ABB. 3** *Open Science* muss sich auf den gesamten Forschungskreislauf beziehen. Abb.: Oliver Tacke, copyrighted free use.

schutz als auch in der Forschung. Alle hätten gern mehr davon zur Verfügung. Im Einzelfall gestaltet sich dies aber durchaus schwierig – nicht nur wegen ungeklärter Verfügungsrechte, sondern weil es oft an Ressourcen fehlt. Es gibt auch Zielkonflikte, zum Beispiel in Gutachten für Bauvorhaben. Landschaftsplaner haben oft viele Daten, die (noch) nicht in die bestehenden Atlanten und Datenkorpora integriert sind. Trotz vieler Fortschritte ist es noch ein längerer Weg zu offenen oder wenigstens auffindbaren Daten im Sinne der FAIR-Prinzipien [6].

### Verändert *Open Science* das Publizieren?

*Open Access* hat das Publikationswesen stark verändert. Herausgeber und Gutachter können ihrerseits *Open Science* voranbringen. Zum Beispiel werden *Data availability statements* abgegeben bzw. die Daten in Anhängen zu den Publikationen ebenfalls offengelegt.

**Förstner:** Momentan sehen wir noch einen historisch bedingten Bruch. Eigentlich gehören Texte, Daten und Code/Modelle als Einheit zusammen. Allerdings sind Artikel heute pseudodigitale Abbilder einer Druckversion, wie sie seit Jahrhunderten existiert. Das ist sehr schade, denn hier wird viel Potenzial verschenkt. Wenn zum Beispiel der Code, der zur Erstellung von Grafiken genutzt wurde, offen und dokumentiert wäre, so könnten Dritte die Abbildung mit anderer Parametersetzung neu gestalten, was neue Erkenntnisse ermöglichen könnte. Zudem sind die Artikel nicht semantisch aufbereitet. Wenn aber zum Beispiel ein Gen in einem Artikel als solches maschinenlesbar gekennzeichnet wäre, könnte von hier auf Datenbanken mit mehr Informationen verwiesen werden. Umgekehrt

könnten Datenbanken den Artikel mit dem Datensatz verknüpfen. Dies läuft momentan noch manuell oder durch fehleranfälliges Text-Mining. Die Möglichkeiten, die neuere, semantische Technologien bieten, sind gewaltig – wir könnten unser Wissen ganz anders organisieren, erkunden und nachnutzen. Leider sind hier sowohl die wissenschaftliche Community als auch die kommerziellen Verlage wenig bereit zu Experimenten.

**Ebert:** Wann und wie Ergebnisse publiziert werden, fällt immer noch unter die Wissenschaftsfreiheit. Man muss aber schon konstatieren, dass der Druck in Richtung *Open Access* und Datenpublikationen zunimmt, auch durch entsprechende Förderklauseln. Das hat nicht nur positive Effekte: Die Gebühren für eine Publikation in Fachzeitschriften sind in den letzten Jahren fast unerschwinglich geworden; es entwickelt sich ein „Markt“ für digitale Publikationen und zum Wirtschaftsmodell der Verlage gehören nun auch die Forschungsdaten. Das führt dazu, dass immer mehr „digitale Objekte“ publiziert werden wie z. B. Artikel oder Tabellen und Grafiken in diversen Repositorien. Man hat das Gefühl, das Forschungskarussell dreht sich immer schneller. Die Qualitätssicherung wird immer schwieriger und eine finanzielle Entlastung der Bibliotheksetats ist durch *Open Access* auch nicht wirklich in Sicht.

**Beck:** Wissenschaftliche Publikationen sollen kurz und knackig sein. Wenn aber Unmengen von Daten in die Publikation einfließen, ist dieses Postulat nicht zu erfüllen. Deshalb sind die meisten Journale dazu übergegangen, der eigentlichen Publikation noch eine Rubrik *Supplementary* oder *Supporting Information* (SI) anzuhängen, die vom Seitenumfang nicht beschränkt wird und viele der Originaldaten enthält. Sie ist über das Internet zugänglich. In der Originalpublikation wird dann an entsprechender Stelle auf die SI hingewiesen. Oftmals ist diese SI länger als die Publikation. Das Zitat der Publikation umfasst auch die angehängte SI-Datei. Diese Dateien sind mittlerweile auch zunehmend in maschinenlesbarer Form, was im Sinne der FAIR-Prinzipien sehr zu begrüßen ist.

### Wissenschaftliche Literatur und Daten sind aber nicht alles – was gehört noch zu *Open Science*?

**Förstner:** Bei der Öffnung der Wissenschaft muss man alle Teile des Forschungskreislaufs bedenken (Abbildung 3). *Open Access* betrachtet nur das finale Produkt, die Publikation. Neben den Daten gibt es auf dem Weg dorthin aber zahlreiche Komponenten, die ebenfalls offen sein sollten. Das fängt eigentlich schon bei der Idee an. Aber auch bewilligte Drittmittelanträge, die genutzte Software, der Workflow der Datenanalyse (mit allen seinen Parametern) und die Abschlussberichte sollten offen verfügbar sein. Auch der Weg vom Manuskript zur Publikation kann und wird weiter geöffnet. So wird das Ablegen von Manuskripten vor dem Peer-Review auf Preprint-Servern immer weiter zur gängigen Praxis. Es gibt auch Journale, die den Peer-

Review offen gestalten und das Feedback der Fachkolleg/innen mit den Artikeln veröffentlichen.

**Ebert:** *Citizen Science* ist für mich noch wirkliches Neuland; ich habe aber in den letzten drei Jahren einige Projekte kennenlernen dürfen, in denen die Wissenschaft zusammen mit Freiwilligen Daten sammelt und auswertet – zum Beispiel die „Herbonauten“ am Botanischen Garten in Berlin oder das Projekt „*Ocean Sampling Day*“, bei dem auch viele Schulklassen mitmachen.

**Elbing:** Ja, gerade im Bereich der Biodiversitätsforschung gelingt es oft erst durch *Citizen-Science*-Ansätze ausreichend Proben oder Beobachtungsdaten zu generieren. Der Ansatz hat aber auch Grenzen – gerade, wenn bestimmte Erfahrungen oder Fertigkeiten erforderlich sind. Qualitätskontrolle ist daher insbesondere bei *Citizen-Science*-Projekten notwendig. Bei Laboruntersuchungen können auch Sicherheitsvorgaben die Beteiligungsmöglichkeiten von Bürgerwissenschaftler/innen einschränken. Sicher braucht es mehr Phantasie und Mut, *Citizen Science* weiterzudenken. Ich denke, wir brauchen da auch ein gewisses Erwartungsmanagement bezüglich der Chancen und der Grenzen von *Citizen-Science*-Aktivitäten.

**Beck:** *Citizen Science* ist sicher eine Herausforderung. Ein anderes Problem sehe ich in der sog. grauen Literatur, das sind Publikationen, die nicht in einem anerkannten wissenschaftlichen Journal mit Review-System erscheinen. Die meisten von ihnen haben keine DOI, sind aber für eine lokale oder regionale Community durchaus wertvoll und basieren oft auf Daten z. B. von *Citizen-Science*-Projekten – aber: „Kein Impact-Faktor – keine zählbare Publikation“. Vielfach sind die Autor/innen solcher Aufsätze nicht mit dem modernen Datenwesen vertraut. Hier sehe ich noch Entwicklungsmöglichkeiten.

**Elbing:** *Last but not least:* Zu *Open Science* gehört eigentlich auch *Open Innovation* (Abbildung 4). Gemeint ist die Öffnung des Innovationsprozesses für die Welt jenseits der eigenen Organisation mit dem Ziel, das Innovationspotenzial zu vergrößern und den Innovationsprozess zu beschleunigen. Das hört sich in der Theorie gut an und war 2015 auch Bestandteil des „3-O-Konzept“ (*Open Sci-*

*ence, Open Innovation, Open to the World*), das der damalige EU-Kommissar Carlos Moedas als *Vision for Europe* propagiert hatte [8]. Leider sieht es so aus, dass *Open Innovation* noch nicht mal im wissenschaftsnahen Bereich funktioniert – geschweige denn im kommerziellen Bereich. Insgesamt scheint mir die EU mittlerweile mit *Open Science* deutlich vorsichtiger geworden zu sein. Die FAIR-Prinzipien, bei denen Auffindbarkeit und transparente Zugangsregelungen im Vordergrund stehen, scheinen wesentlich konsensfähiger.

### Was tut sich in Deutschland und Europa?

**Förstner:** Das Thema *Open Science* ist mittlerweile in der Wissenschaftspolitik angekommen. Es gibt Länder, die sehr ambitionierte Ziele verfolgen wie die Niederlande [9]. In Deutschland sind wir noch nicht ganz so weit – der Koalitionsvertrag der Ampel-Regierung adressiert aber zumindest das Thema Forschungsdaten und erklärt das Ziel, *Open Access* zum Standard zu machen [10]. Die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) und andere Wissenschaftsorganisationen haben *Open Science* als wichtigen Teil der Forschungskultur anerkannt. Trotz der vielen Dokumente und Empfehlung zu dem Thema ist *Open Science* in der wissenschaftlichen Praxis bei weitem noch nicht erreicht. Klare Probleme sind die etablierten Bewertungsverfahren und die Anreizstruktur im kompetitiven Wissenschaftssystem.

**Beck:** Forschungsprojekte, die durch die DFG gefördert werden, müssen zum Abschluss einen Bericht nach einem bestimmten Format abliefern. Das gilt wohl auch für andere Forschungsförderer. Diese Berichte werden von Gutachtern gelesen und kommentiert. Meistens wird die Annahme des Berichts empfohlen. Neuerdings hat die DFG beschlossen, diese Berichte als Publikationen zu betrachten. Denn nicht immer werden die erhofften Resultate und Erkenntnisse erzielt; aber gerade daraus können wiederum andere Antragsteller lernen und deshalb will die DFG diese Berichte publik machen, was ich sehr begrüße.

**Elbing:** Die biowissenschaftlichen Fachgesellschaften entdecken den Themenkomplex „*Open Science*“ erst nach und nach. Das Ganze ist eher punktuell und oft auf den Aspekt „*Open Access*“ fokussiert – etwa bei der Weiterentwicklung des eigenen Fachjournals. Im Vergleich zu anderen Wissenschaften gibt es ja schon viele biowissenschaftlichen Datenbanken, die auch ihre Tradition haben. Da engagieren sich aber – Beispiel *Global Biodiversity Information Facility* (GBIF) – eher Institutionen und weniger die Fachgesellschaften. Ich denke, dass die Diskussion um digitale Sequenzinformationen bzw. eine Regulierung des Zugangs zu den INSDC-Datenbanken ein wichtiger Anstoß auch für die Fachgesellschaften ist, sich intensiver als bisher mit *Open Data* und *Open Science* zu beschäftigen. Wenn man etwas über den Tellerrand schaut, hat man den Eindruck, dass es – wie bei der Deutschen Gesellschaft für Psychologie – wohl erst einer krisenhaften Zuspitzung (im Fall der Psychologie der Replikationskrise) bedarf, die das Grundverständnis des Faches betrifft. „Die eine“ *Open-Sci-*



**ABB. 4** Das Prinzip „Offenheit“ reicht weit über den Wissenschaftsbereich hinaus. Abb. Pexels auf Pixabay CC0.



**ABB. 5 Der Blick in die Kristallkugel: Wie entwickelt sich Open Science?**  
Abb.: Jürgen auf Pixabay CC0.

### OPEN SCIENCE RECOMMENDATION DER UNESCO

Mitte November 2021 hat die Mitgliederversammlung der UNESCO die Empfehlungen zu Open Science (OS) angenommen. Sie enthalten eine internationale vereinbarte Definition des Begriffs „Open Science“. In einem mehrjährigen Konsultationsprozess wurden zahlreiche regionale und nationale Open-Science-Initiativen, daten- und ordnungspolitische Konzepte zusammengeführt.

Unter Open Science versteht die UNESCO das Bestreben

- mehrsprachliches Wissen für alle verfügbar und wiederverwendbar zu machen (offenes Wissen),
- die wissenschaftliche Zusammenarbeit und den Informationsaustausch zum Nutzen von Wissenschaft und Gesellschaft zu verbessern,
- die Prozesse des wissenschaftlichen Erkenntnisgewinns, der Evaluierung und Kommunikation für die gesellschaftlichen Akteure außerhalb der Wissenschaft zu öffnen.

Die UNESCO-Empfehlung bezieht sich auf alle Arten und Disziplinen der Wissenschaft und fußt auf den Pfeilern:

- offenes Wissen
- offene Infrastrukturen für die Wissenschaft
- offene wissenschaftliche Kommunikation
- offenes Engagement gesellschaftlicher Akteure
- offener Dialog mit allen anderen Wissenssystemen

Die Empfehlung schlägt sieben konkrete Maßnahmen für die Etablierung von Open Science (OS) vor.

1. Förderung eines gemeinsamen Verständnisses von OS, inklusive ihrer Vorteile und Herausforderungen
2. Entwicklung eines günstigen politischen Umfelds für OS
3. Investitionen in offene Wissenschaftsinfrastrukturen und -dienste
4. Investitionen in Bildung, digitale Kompetenz und Kapazitätsaufbau für OS
5. Förderung einer Kultur der OS und Ausrichtung der Anreize dafür
6. Förderung innovativer Ansätze für OS in den verschiedenen Phasen des wissenschaftlichen Prozesses
7. Förderung der internationalen und Multi-Stakeholder-Zusammenarbeit mit dem Ziel, digitale, technologische und Wissenslücken zu schließen

Das Papier soll helfen, digitale, technologische und Wissenslücken weltweit zu schließen und ist völkerrechtlich bindend [13].

ence-Strategie der Biowissenschaften sehe ich angesichts der Vielfalt der Fächer, ihrer spezifischen Ansätze und Organisationsstrukturen so schnell nicht. Das ist bedauerlich, denn den Fachgesellschaften kommt auch im Kontext der UNESCO-Empfehlung (Kasten „Open Science Recommendation der UNESCO“) eine gewisse Vorreiterrolle zu.

**Ebert:** Die Wissenschaft kann sehr profitieren von den Open-Data-Bemühungen in angrenzenden Sektoren, vor allem der öffentlichen Hand. Der *Open Data Act* der Europäischen Union [10] und das Forschungsdatengesetz [12] sind sehr spannende Entwicklungen, was die Datenverfügbarkeit in der Forschung anbelangt.

### Ein Blick in die Zukunft: Wo stehen wir in 10–20 Jahren?

**Förstner:** Ich hoffe, dass wir Forschung in den nächsten Dekaden mit viel weniger Reibung und Brüchen, dafür mit viel mehr Offenheit in allen Dimensionen durchführen werden (Abbildung 5). Experimente und andere Datenakquise werden programmiert und automatisch von Maschinen durchgeführt, was eine hohe Skalierbarkeit und Reproduzierbarkeit ermöglicht. Die dabei anfallenden Daten werden mit einem reichhaltigen Satz an biologischen und technischen Metadaten direkt in öffentlichen Datenbanken abgelegt. Forschende besitzen ein hohes Maß an *Data Literacy* und können diese Daten effizient zusammenführen, um ihre jeweiligen Fragestellungen beantworten zu können. Auf Grund der Offenheit können wir KI-Systeme trainieren, die den Forschungsprozess unterstützen. Das dabei generierte Wissen ist offen für alle Menschen verfügbar und durch smarte Systeme leicht auffindbar. Somit werden auch die Grenzen zur Gesellschaft weiter abgebaut – Forschungsergebnisse fließen zum Beispiel viel schneller in die Behandlung von Krankheiten ein. Gleichzeitig können durch eine zunehmende Digitalisierung von Alltag und Medizin auch Daten aus der Gesellschaft in die Forschung fließen. Das Thema „offene Wissenschaft“ hat sich dann erledigt, denn es ist einfach nur noch gängige, gute wissenschaftliche Praxis.

**Elbing:** Die notwendigen Infrastrukturen werden sich ebenso rasant entwickeln, wie die schon genannte *Data Literacy* zur Grundvoraussetzung wird. Dabei wird es natürlich Unterschiede geben, denn die Ausgangspositionen unterscheiden sich im globalen Vergleich doch erheblich. Da kann man nur hoffen, dass die bereits existierenden Ungleichheiten nicht noch größer werden und alle Wissenschaftler/-innen teilhaben können. Aber selbst wenn man optimale Voraussetzungen für alle annimmt, hege ich doch Zweifel, ob Forschungsergebnisse dadurch wirklich in jedem Fall effizienter gewonnen werden und schneller in die Anwendung gelangen als bisher. Gerade, weil reichhaltige, gut gepflegte Datenbanken so ein riesiges Potenzial haben und von Maschinen automatisch durchforstet werden können, wird der (politische) Druck zunehmen, den Zugang zu Datenbanken zu regulieren. Wir erleben das ja gerade in Ansätzen beim Thema digitale

Sequenzinformationen (DSI). Da geht es allerdings „nur“ um einen Vorteilsausgleich und nicht um eine generelle Beschränkung des Zugangs (siehe Kasten „Digitale Sequenzinformation“). Restriktive Zugangsregelungen halte ich aber – zum Beispiel unter Gesichtspunkten von *dual use* – langfristig für nicht ausgeschlossen. Ich bin sehr gespannt, wie sich das entwickelt. Fest steht auf jeden Fall: Wissenschaftler/-innen werden völlig anders mit Forschungsdaten umgehen, als wir es heute tun.

**Ebert:** Ich hoffe, dass sie dies sehr selbstverständlich und mit Freude tun können, weil wertvolle Datenschätze gehoben sind und gut nutzbare Werkzeuge vorhanden sind. Heute ist Datenmanagement oftmals noch harte Arbeit.

**Beck:** In den achtziger Jahren enthielten die Autorenrichtlinien der renommierten Zeitschrift *Plant Physiology* die Vorgabe, maximal 30 Referenzen von Bedeutung für die Arbeit zu zitieren. Heute sind 80 oder 100 Zitate selbst für Originalarbeiten keine Seltenheit, ebenso wie Autorenlisten, die länger sind als die eigentliche Publikation. Ich befürchte, dass *Open Science* diesen Trend zur Masse noch befördert. Wir brauchen ein System der Wissensverarbeitung, in dem das Wissen und nicht die Person und ihre Karrierechancen im Vordergrund einer Publikation stehen.

### Zusammenfassung

*Open Science* bedeutet einen Paradigmenwechsel: In Datenrepositorien zugängliche Originaldaten anderer Autor/-innen werden wie selbst erhobene Forschungsdaten für die Bearbeitung von eigenen, meist übergreifenden Fragestellungen verwendet. Dabei handelt es sich nicht nur um Daten einer Publikation, sondern um alle brauchbaren Daten einer Studie, die sog. Primärdaten. Durch das Teilen von Daten entsteht ein potenzieller Mehrwert. Daraus ergibt sich die Pflicht, auch die eigenen Forschungsdaten offen zugänglich und für andere nutzbar abzulegen (Open Data).

Dies bietet – zumal beim Einsatz von Künstlicher Intelligenz – ein enormes wissenschaftliches Potenzial. Damit sich dieses auch entfalten kann, ist es notwendig, mit den Daten nach den FAIR-Prinzipien umzugehen – das heißt, das eigene Datenkonvolut muss auffindbar, zugänglich, interoperabel und nachnutzbar (englisch: findable, accessible, interoperable, and reusable = FAIR) sein.

Die FAIR-Prinzipien liegen sowohl dem EU Data Act als auch dem EU Data Governance Act als den beiden Säulen der europäischen Datenstrategie zugrunde, die in eigenen Gesetzen der Mitgliedsländer einen Niederschlag finden. Forschungsdaten aus den Biowissenschaften haben unterschiedliche Inhalte, etwa Biodiversitäts- und Vorkommensdaten, Taxondaten, umweltbiologische bzw. ökologische Daten, nicht-molekulare Analysedaten sowie molekulare, zumeist Sequenzdaten. Sie werden in unterschiedlichen Datenbanken (Open data resources) verwahrt und stehen allen Forschenden zur Verfügung.

Nicht für alle Daten einheitlich zu beantworten ist die Frage nach den Eigentumsrechten an dem deponierten Datenkonvolut. Dabei spielen Gesichtspunkte wie die Origina-

### DIGITALE SEQUENZINFORMATION

*Seit einiger Zeit wird im Rahmen der globalen Biodiversitätsabkommen kontrovers über den Status digitaler Sequenzinformationen (DSI) diskutiert. Soll der – bisher offene – Zugang zukünftig reguliert werden, um einen gerechten Vorteilsausgleich zu ermöglichen? Und wie wäre ein finanzieller oder auch nicht-finanzieller Ausgleich für die Nutzung von DSI völkerrechtlich abzusichern?*

*Vor dem Hintergrund postkolonialer Strukturen spielen in der Diskussion vor allem wirtschaftliche, politische und rechtliche Aspekte eine Rolle. Die möglichen Konsequenzen für die Wissenschaft sind erst in jüngerer Zeit in den Blick genommen worden. Überlegungen zu Modellen und Mechanismen zur möglichen Umsetzung stecken noch in den Anfängen. Eine endgültige Verständigung darüber, welche Daten unter „DSI“ fallen, steht ebenfalls noch aus. Vor dem Hintergrund, dass die reinen Sequenzdaten ohne Metadaten nur sehr beschränkt nutzbar sind, darf man gespannt sein, welche Daten einbezogen werden.*

*Der VBIO und die vier biowissenschaftlichen NFDI-Konsortien engagieren sich im „Bündnis der universitären und außeruniversitären Biodiversitätsforschung Deutschlands“. Dieses hat deutlich gemacht, dass jegliche DSI-Regelung den freien, ungehinderten Zugang zu DSI-Daten für die wissenschaftliche Forschung nicht einschränken darf. Nötig sind multilaterale und entkoppelte Lösungsansätze, da bilaterale Lösungsansätze bestehende Ungleichgewichte verstärken und Track & Trace erfordern. Rechtssichere Regelungen müssen universell und praxisorientiert für alle DSI-Daten anwendbar sein – sowohl für nicht-kommerzielle als auch für kommerzielle Nutzer. Bezahl- und/oder Registrierschranken würden den weltweiten wissenschaftlichen Datenaustausch, die Datenverarbeitung und damit den Erkenntnisgewinn schnell zusammenbrechen lassen.*

lität der Generierung, der Zweck der Nutzung, der Finanzierung des Forschungsvorhabens sowie der zeitlich definierte Schutz der Daten eine Rolle. Das große Potenzial des freien Datenzugangs ist allerdings nicht ohne Schattenseiten, gerade im Hinblick auf den Missbrauch von an sich nützlichen Biodaten (Dual Use of Concern). Gleichwohl ist „Offene Wissenschaft“ – unterstützt durch eine verbindliche Empfehlung der UNESCO – auf dem besten Weg vom Konzept hin zur gelebten guten wissenschaftlichen Praxis.

### Summary

#### Open data, Open science?

*Open science means a paradigm shift: Deposited in a database, data from other researchers are used like data that have been collected by themselves for new research questions, usually of an overarching nature. This approach does not only apply to data which are selected for a publication but also to all trustworthy data, so-called primary data. Sharing data results in a considerable added value. Thus, researchers are obliged to deposit their own research data as “open data” in public databases. In particular in combination with artificial intelligence, this generates an enormous scientific potential. To enable its unfolding, it is nec-*

## LISTE AUSGEWÄHLTER ABKÜRZUNGEN

**ABS:** Access and Benefit Sharing  
**CBD:** Convention on Biological Diversity, *CBD*  
**DDBJ:** Data Bank of Japan  
**DFG:** Deutsche Forschungsgemeinschaft  
**DSI:** Digitale Sequenzinformationen  
**EMBL-EMBI:** European Molecular Biology Laboratory-European Bioinformatics-Institute  
**ENA:** Europäische Nukleotiddatenbank (European Nucleotide Archive)  
**EU:** Europäische Union  
**FAIR-Prinzipien:** Findable, Accessible, Interoperable, Reusable  
**INSDC:** International Nucleotide Sequence Database Collaboration  
**GBIF:** Global Biodiversity Information Facility  
**NFDI:** Nationale Forschungsdateninfrastruktur  
**NCBI:** National Center for Biotechnology Information  
**PANGAEA:** Data Publisher for Earth and Environmental Sciences  
**PDB:** Protein Data Bank  
**SI:** Supplementary oder Supporting Information  
**UNESCO:** United Nations Educational, Scientific and Cultural Organization

essary that those data researchers provide must meet the principles: findability, accessibility, interoperability, and reusability (FAIR).

These principles underlie the EU Data Act as well as the EU Data Governance Act, both of them representing the pillars of the European Data Strategy, and are reflected in the individual laws of the European member states. Research data in biosciences deal with different contents such as: biodiversity and occurrence data, taxon data, environmental and ecological data, non-molecular analysis data, and molecular – predominantly – sequence data. They are stored in domain-specific databases and are at the scientific community's free disposal.

A difficult matter is the right of data ownership, as this question cannot be answered easily. Several aspects must be considered, e.g. ingenuity/originality of the scientific project and its approach, the purpose of the use of the data, the funding of the project, as well as the protection of the data (e.g. for patents) for a defined period of time. Admittedly, the great potential of free access to data is not without dark sides, especially with regard to the misuse of bio-data that are actually useful (Dual Use of Concern). Nevertheless, Open science, supported by the binding UNESCO Recommendation, is well on the way of becoming a lived and good scientific practice.

## Schlagworte

Open Data, Open Access, Open Science, FAIR-Prinzipien, Forschungsdaten, Biologische Daten

## Literatur

- [1] H. M. Berman et al. (2012). The Protein Data Bank at 40: reflecting on the past to prepare for the future. *Structure* 20(3), 391–6, <https://doi.org/10.1016/j.str.2012.01.010>
- [2] J. Maxson et al. (2018). The Bermuda Triangle: The Pragmatics, Policies, and Principles for Data Sharing in the History of the Human Genome Project. *Journal of the history of biology* 51 (4), 693–805, <https://doi.org/10.1007/s10739-018-9538-7>
- [3] K. Frisch (2023). Fortschritt wider die Fairness? Ethische Betrachtungen zum Umgang mit Forschungsdaten. *Laborjournal, Essays*, 14.07.2023
- [4] German Federation for the Curation of Biological Data (Knowledge Base): Major Types of Biological Data. Last update October 2023, <https://t1p.de/gfemi>
- [5] M. Wilkinson et al. (2016). The FAIR Guiding Principles for scientific data management and stewardship. *Sci Data* 3, 160018, <https://doi.org/10.1038/sdata.2016.18>
- [6] N. Enke et al. (2012). The user's view on biodiversity data sharing – Investigating facts of acceptance and requirements to realize a sustainable use of research data. *Ecological Informatics* 11, 25–33, <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2012.03.004>
- [7] S. Bezjak et al. (2018). Open Science Training Handbook (1.0) [Computer software]. Zenodo. <https://doi.org/10.5281/zenodo.1212496>  
CC0 1.0 Universal Public Domain Dedication.
- [8] <https://www.fosteropenscience.eu/content/open-innovation-open-science-open-world-vision-europe>
- [9] NPOS2030 Ambition Document, Version 0.91, 21 April 2022, <http://www.doi.org/10.5281/zenodo.7010402>
- [10] [https://www.spd.de/fileadmin/Dokumente/Koalitionsvertrag/Koalitionsvertrag\\_2021-2025.pdf](https://www.spd.de/fileadmin/Dokumente/Koalitionsvertrag/Koalitionsvertrag_2021-2025.pdf)
- [11] [https://ec.europa.eu/commission/presscorner/detail/en/ip\\_23\\_3491](https://ec.europa.eu/commission/presscorner/detail/en/ip_23_3491)
- [12] <https://www.bmbf.de/bmbf/shareddocs/kurzmeldungen/de/2023/03/230306-forschungsdatengesetz.html>
- [13] UNESCO 2021. „UNESCO Recommendation on Open Science“. <https://unesdoc.unesco.org/ark:/48223/pf0000379949.locale=en>

## Verfasst von:



Kerstin Elbing



Erwin Beck



Barbara Ebert



Konrad U. Förstner

Die Lebensläufe unserer Autor/-innen finden Sie ausnahmsweise am Beginn dieses Artikels.

## Korrespondenz

Kerstin Elbing  
VBIO – Geschäftsstelle Berlin  
Luisenstraße 58/59  
10117 Berlin  
E-Mail: [elbing@vbio.de](mailto:elbing@vbio.de)

# Innovationen in der Pflanzenzüchtung – kontrovers diskutiert

# Moderne Pflanzenzüchtung durch Genom-Editierung

ROBERT BOEHM | GÖTZ HENSEL | ROBERT HOFFIE | GABI KRCZAL | JANA STREUBEL

*Die Landwirtschaft steht vor großen Herausforderungen. Der fortschreitende Klimawandel verändert die Anbaubedingungen. Lokal angepasste Nutzpflanzen müssen nun mit Trockenheit, Hitze, Versalzung des Bodens oder Überschwemmungen zurechtkommen. Zusätzlich zum Klimawandel fördern die Globalisierung und der internationale Handel die Ausbreitung von neuen Pflanzenkrankheiten und Schädlingen, an die heimische Arten nicht angepasst sind. Diese Bedingungen gefährden den benötigten Ernteertrag in einer nie dagewesenen Weise – ein Problem, das sich gerade in Zeiten des stetigen Bevölkerungswachstums, Engpässen und Hungersnöten, besonders in ärmeren Ländern, dramatisch verstärkt. Zeitgleich muss die Landwirtschaft nachhaltiger werden und ökologische Ressourcen schonen. Die neuen Züchtungsmethoden – auch als molekulare Scheren oder CRISPR/Cas bekannt – können hierzu einen Beitrag leisten.*

Neue wissenschaftliche Erkenntnisse über das Erbgut unserer Kulturpflanzen und die Rolle verschiedener Gene für die Ausprägung gewünschter Eigenschaften ermöglichen inzwischen den Einsatz neuer Züchtungsmethoden wie der Genom-Editierung. Diese erlauben es, genetische Veränderungen präziser vorzunehmen, als das bisher möglich war. Sie nutzen programmierbare Proteine oder kurze RNA-Abschnitte, um gezielt Gensequenzen und damit bestimmte Eigenschaften der Pflanzen zu verändern. Solche präzisen Züchtungswerkzeuge können z. B. die benötigte Zeit bis zur Marktreife einer neuen Sorte verkürzen und gleichzeitig die bereits optimierten Eigenschaften beibehalten. Die bedeutendsten Methoden der Genom-Editierung sind Zink-Finger-Nukleasen, TALE-basierte oder CRISPR/Cas-basierte Werkzeuge, die im Folgenden erläutert werden.

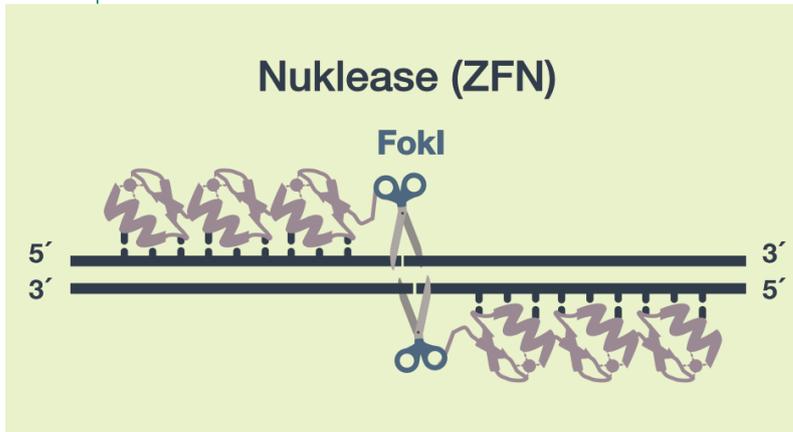
## Methoden der Genom-Editierung im Überblick Zink-Finger-Nukleasen (ZFN)

Zink-Finger-Nukleasen (ZFNs) sind synthetisch hergestellte molekulare Scheren [1]. Sie bestehen aus einer spezifischen DNA-bindenden Domäne, den sogenannten Zink-Fingern, und einer DNA-schneidenden Domäne des Restriktionsenzym FokI (Abbildung 1). Zink-Finger kommen natürlicherweise in Transkriptionsfaktoren vor und führen diese zur entsprechenden Ziel-DNA-Sequenz. Ein Zink-Finger erkennt dabei drei Basenpaare des DNA-Abschnitts. In ZFNs sind meist drei solcher Zink-Finger kombiniert; sie können damit eine nutzerdefinierte, mindestens neun Basenpaare (bp) lange DNA-Sequenz binden. Da FokI nur als Dimer (zwei FokI-Enzyme) funktioniert, werden in der gewünschten Ziel-DNA-Sequenz zwei zueinan-

**Reis ist eine der am meisten mit programmierbaren Werkzeugen der neuen Züchtungsmethoden veränderten Pflanzen.**

Foto: Martina Janochová über [www.pixabay.com](http://www.pixabay.com).

*Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 180 erklärt.*



Die DNA-bindenden Zink-Finger werden an die DNA-schneidende Domäne der Endonuklease FokI fusioniert und bilden eine Zink-Finger-Nuklease (ZFN). Da FokI nur als Dimer schneidet, müssen zwei ZFN kombiniert werden, um einen Schnitt durchzuführen.

### IN KÜRZE

- Die Werkzeuge der neuen Züchtungsmethoden können erheblich zur Etablierung von Pflanzensorten beitragen, die **eine nachhaltigere Landwirtschaft** ermöglichen. Dabei sind der Zeitfaktor zur Erstellung einer neuen Sorte und die Präzision der Modifikation entscheidende Aspekte.
- Zu diesen neuen Züchtungsmethoden zählen neben CRISPR/Cas weitere **Werkzeuge der Genom- oder Epigenom-Editierung**.
- Das **Einbringen der „molekularen Scheren“** in die Pflanzenzelle kann auf unterschiedliche Weise erfolgen. Dabei sind auch nicht-transgene Methoden möglich.
- Die Pflanzenforschungsinitiative EU-SAGE hat eine **Datenbank für Genom-editierte Nutzpflanzen** veröffentlicht (<https://www.eu-sage.eu/genome-search>). Diese zeigt, dass Genom-Editierung bereits bei einer Vielzahl von Kulturpflanzen eingesetzt wird und besonders Eigenschaften im Fokus stehen, die zu einer nachhaltigeren Landwirtschaft beitragen können.
- Pflanzenzüchter sehen ein großes Potenzial in den neuen Züchtungsmethoden, vor allem für Kulturpflanzen, für die schon **umfangreiche genetische Informationen** vorliegen.
- Nach langen kontroversen Diskussionen liegt nun ein Entwurf der Europäischen Kommission für eine **neue Regulierung von Pflanzen, die mittels „Neuer Genomischer Techniken“ (NGTs) entwickelt wurden**, vor. Pflanzen, die auch natürlich oder durch bisherige Züchtungsmethoden entstehen könnten, sollen ähnlichen Regularien unterliegen wie konventionell gezüchtete Nutzpflanzen.

der orientierte ZFNs positioniert, was gleichzeitig die Spezifität für die Ziel-DNA-Sequenz erhöht. Die beiden ZFNs erkennen damit insgesamt eine mindestens 18 bp lange Ziel-DNA-Sequenz, die rein statistisch gesehen auch in großen Genomen einzigartig sein kann. Häufig werden Kulturpflanzen bearbeitet, deren Genome bekannt sind, so dass die Anwesenheit ähnlicher Zielsequenzen überprüft werden kann. Zwischen den beiden Erkennungsstellen liegt ein Bereich, der nicht durch die Zink-Finger gebunden wird, sondern Platz für die FokI bietet, um einen Doppelstrangbruch auszulösen. Der entstandene Doppelstrangbruch wird von der zellulären DNA-Reparatur erkannt und über einen der beiden bevorzugten

Reparaturmechanismen – der ► Homologie-gesteuerten Rekombination (*homology directed repair*, HDR) oder der ► Nicht-homologen Endverknüpfung (*non-homologous end joining*, NHEJ) – repariert. Die in Pflanzenzellen dominierende NHEJ-Reparatur fügt die beiden gespaltenen DNA-Enden meist nahtlos und korrekt wieder zusammen. Dadurch wird die Erkennungssequenz der ZFNs wiederhergestellt und diese können erneut schneiden. Die NHEJ ist jedoch nicht immer perfekt und es können bei der Verknüpfung der DNA-Enden Fehler passieren. Dadurch können einzelne oder sogar mehrere Nucleotide an der Verknüpfungsstelle eingefügt, entfernt oder verändert werden. Führen diese Mutationen zu einer Zerstörung der ZFN-Bindestellen, können die ZFNs nicht mehr binden und die Ziel-DNA-Sequenz wird nicht mehr geschnitten. Die entstandene Mutation kann anschließend an die Tochterzellen weitergegeben werden. Bei der in Pflanzen seltener vorkommenden HDR nutzt die Zelle eine Reparaturvorlage. Diese ist meist das Schwesterchromatid. Die HDR kann genutzt werden, um über eine synthetische DNA-Reparaturvorlage eine gewünschte Veränderung der Ziel-DNA-Sequenz zu erzeugen. Auch hier führen die eingefügten Mutationen dazu, dass die Werkzeuge nicht mehr binden und schneiden können und die Veränderung an die Tochterzellen weitergegeben wird.

### TALE-basierte Werkzeuge

TALs (englisch: *transcription activator-like effectors*) sind ebenfalls DNA-bindende Proteine, die von pflanzenpathogenen Bakterien in die pflanzliche Wirtszelle übertragen werden und dort die Aktivität von Pflanzengenen beeinflussen können. Ihre Ziel-DNA-Sequenz finden TALs über eine spezielle Domäne, die aus mehreren, fast identischen Wiederholungen (*repeats*) einer bestimmten Aminosäuresequenz besteht. Die *repeats* sind meist 34 Aminosäuren lang und unterscheiden sich hauptsächlich an Aminosäureposition 12 und 13 voneinander. Diese Positionen werden auch *repeat-variables* zwei-Aminosäuremotiv genannt (*repeat-variable diresidue*, RVD). Die Abfolge genau dieser beiden RVD-Aminosäuren in den *repeats* ist für die spezifische Bindung der unterschiedlichen Basenpaare der Ziel-DNA-Sequenz verantwortlich. Je nachdem welches RVD in dem jeweiligen *repeat* zu finden ist, kann genau bestimmt werden, welches Nucleotid gebunden wird. Dabei bindet immer ein RVD je *repeat* ein Nucleotid in der Ziel-DNA-Sequenz. Es gibt sehr spezifische RVDs, die nur ein bestimmtes Nucleotid binden, sowie RVDs, die alternativ verschiedene Nucleotide erkennen können. Die TALE-*repeats* mit ihren RVDs können beliebig kombiniert werden und so eine nutzerdefinierte DNA-Abfolge binden. Um TALs als molekulare Werkzeuge einzusetzen, wird wie bei den ZFNs die DNA-schneidende FokI-Domäne angehängt, um einen DNA-Doppelstrangbruch in der Ziel-DNA-Sequenz zu erzeugen (Abbildung 2). Solche TALE-basierten Werkzeuge werden als TALE-Nukleasen (TALEN) bezeichnet. Seit kurzem wer-

den TALEs nicht nur als Schere, sondern auch zum gezielten Umschreiben von DNA (► Basen-Editierung) oder zur Epigenom-Editierung verwendet (Abbildung 2).

### CRISPR/Cas-basierte Werkzeuge

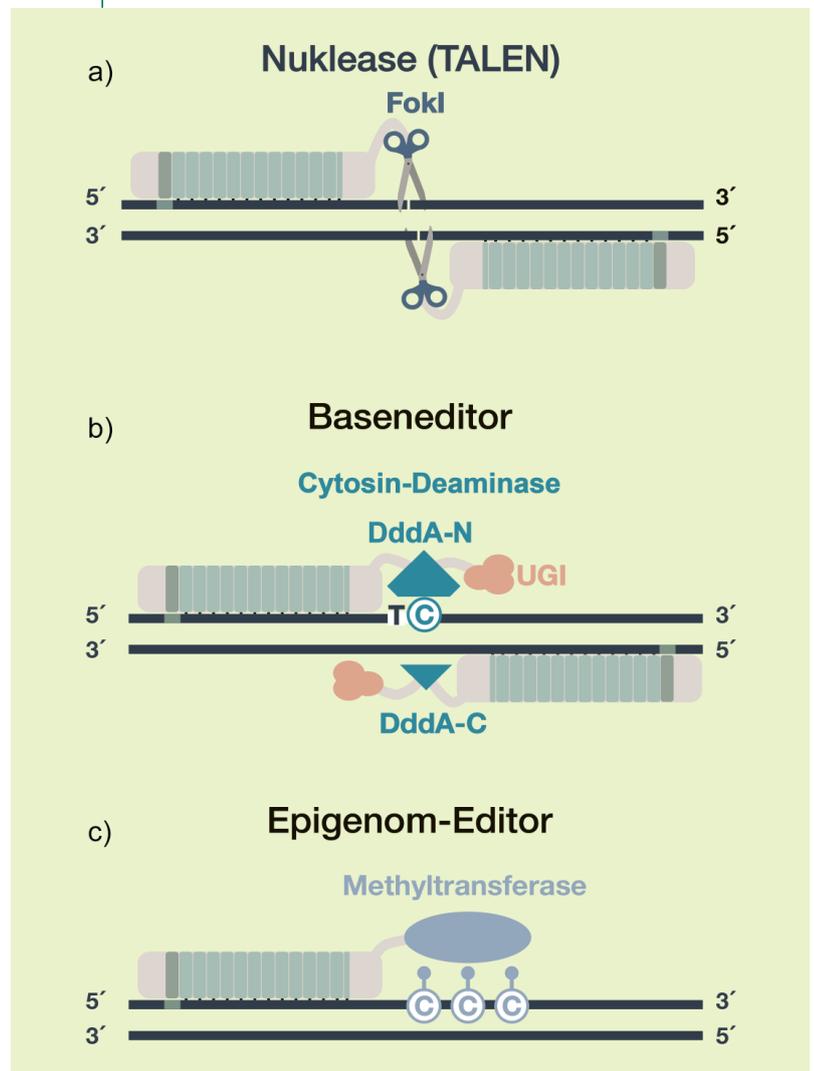
Das CRISPR/Cas-System leitet sich von einem natürlichen Mechanismus ab, mit dem sich Bakterien ähnlich einem Immunsystem vor schädlichen Viren schützen. Am bekanntesten ist hier das CRISPR/Cas9-System aus *Streptococcus pyogenes*. Bei einer Infektion zerschneidet die Cas9-Nuklease (CRISPR-associated) die DNA der eingedrungenen Viren. Identifiziert werden die Viren, die aus vorherigen Infektionen bekannt sind, mittels einer Art Bibliothek: Auf dem CRISPR-Locus (*clustered regularly interspaced short palindromic repeats*) sind kurze Abschnitte der viralen Gensequenzen gespeichert. Das Bakterium übersetzt sie in eine sogenannte crRNA (CRISPR-RNA), welche dann mit Hilfe der tracrRNA (*trans-activating crRNA*) an das Cas9-Enzym gebunden wird. Dieser Komplex durchsucht das Erbgut auf eine spezifische PAM-Sequenz (*protospacer adjacent motif*). Im Falle von Cas9 handelt es sich dabei um ein NGG-Motiv, wobei N für alle Buchstaben des genetischen Codes steht und G für Guanin. Die Bindung der crRNA und das Vorliegen des PAM führen zu einer Strukturveränderung im Cas9-Protein, welches mit Hilfe seiner zwei Nukleasedomänen einen DNA-Doppelstrangbruch in der Viren-DNA verursacht. Zur Nutzung des CRISPR/Cas9-Systems als molekulares Werkzeug muss nur der spezifische Teil der crRNA-Sequenz an die gewünschte Zielsequenz angepasst werden. Eine weitere Vereinfachung des Systems basiert auf der Verwendung einer sogenannten *single-guide RNA* (sgRNA), die aus einer vorgefertigten Fusion zwischen crRNA und tracrRNA besteht. Die Reparatur des von Cas9 ausgelösten DNA-Doppelstrangbruchs kann wie bei den zuvor erwähnten Verfahren zu Mutationen in der Ziel-DNA-Sequenz führen.

In der Wissenschaft hat das CRISPR/Cas9-Werkzeug einen rasanten Erfolg erzielt. Gekrönt wurde der Erfolg der Technologie 2020 mit dem Chemie-Nobelpreis für Jennifer Doudna und Emmanuelle Charpentier. Mittlerweile werden Weiterentwicklungen des CRISPR/Cas9-Systems nicht nur als Schere, sondern auch zur Basen-Editierung (Cytosin- und Adenin-Basen-Editierung), zur Genaktivierung oder -deaktivierung, zur Markierung von Chromosomen und sogar zum gezielten Umschreiben von DNA-Sequenzen (*prime editing*) sowie zur Editierung des Epigenoms verwendet (Abbildung 3). Außerdem werden immer wieder neue CRISPR/Cas-Systeme entdeckt und neue spannende DNA-Editierungsfunktionen etabliert. Eine davon ist die Editierung des Epigenoms.

### Editierung des Epigenoms

Die genetische Information aller Zellen in einem multizellulären Organismus ist nahezu gleich. Trotzdem haben Zellen das Potenzial, sich in Hunderte verschiedener Zelltypen mit einzigartigen zellulären Programmen, Morpho-

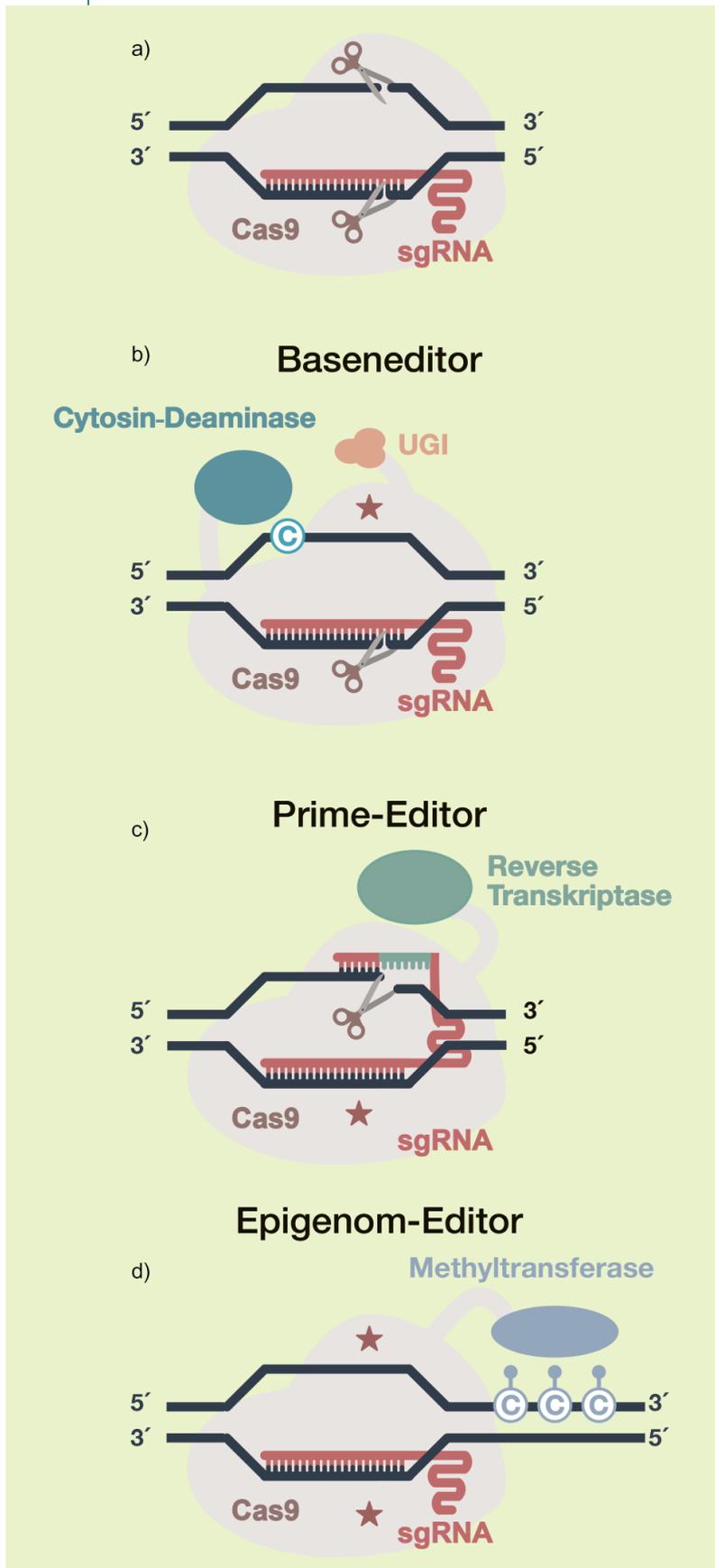
ABB. 2 | TALE-BASIERTE WERKZEUGE



**a) Transcription activator-like effector-(TALE)-Proteine binden DNA über eine zentrale Domäne. Um TALE-Nukleasen (TALEN) zu bilden, werden zwei nutzerdefinierte TALEs verwendet, an die je eine FokI-Domäne fusioniert ist. b) TALEs können auch zum Umschreiben von Nukleotiden verwendet werden. Dazu wird ebenfalls ein TALE-Paar verwendet und an je eine Hälfte die Cytosin-Deaminase DddA fusioniert (DddA-N und DddA-C). Die DddA kann Cytosine (C) in der Ziel-DNA-Sequenz zu Thyminen umschreiben. Für eine hohe Effizienz muss dem Ziel-Cytosin allerdings ein Thymin vorangehen. An die Cytosin-Deaminase ist ein Uracil-Glycosylase-Inhibitor (UGI) fusioniert. Dieser verhindert, dass das deaminierte Cytosin repariert und wieder eingefügt wird. c) TALEs können durch die Fusion mit Methyltransferasen auch zum Epigenom-Editing verwendet werden. An der Ziel-DNA-Sequenz werden dabei Methylgruppen an Cytosine angehängt.**

logien und Funktionen zu differenzieren. Die Abfolge der DNA-Basen ist somit nicht allein verantwortlich für die Entwicklung eines Organismus; vielmehr werden die Genaktivitäten u. a. durch sogenannte epigenetische Mechanismen gesteuert. Epigenetische Veränderungen sind nicht nur entwicklungspezifisch, sie können auch durch Umweltfaktoren induziert werden. Der bekannteste epigenetische Mechanismus zur Regulierung von Genaktivi-

ABB. 3 | CRISPR/CAS9-BASIERTE WERKZEUGE



täten ist die Methylierung bestimmter Nukleotide der DNA. Wenn Methylgruppen an Cytosinbasen andocken und dies in hoher Dichte an einer Sequenz erfolgt, kann dies zu einer Änderung der ► Chromatinstruktur im Zellkern führen. Die DNA ist im Zellkern um sogenannte ► Histone (Zellkern-Proteine) gewickelt. Bei einer dichten Methylierung von DNA-Sequenzen hat dies eine sehr kompakte Packung der Histone zur Folge und die Sequenz in dieser Region kann nicht abgelesen werden – sie ist „stummgeschaltet“. Die Histone besitzen darüber hinaus „Schwänze“, die aus dem Geflecht von DNA und Histonen herausragen, und deren Aminosäuren modifiziert werden können, was ebenfalls zu einer dichteren oder loseren Packung des Chromatins und damit zum Stummschalten oder Aktivieren von Gensequenzen führen kann. Histon-Modifikationen sind im Gegensatz zu Cytosin-Methylierungen sehr dynamisch; sie können sich innerhalb von Minuten ändern [2] und sind daher auch schwerer zu untersuchen.

Aufgrund dieser wichtigen regulatorischen Funktion epigenetischer Prozesse ist es sinnvoll, epigenetische Modifikationen gezielt im Genom setzen oder aufheben zu können und damit neue agronomisch relevante Eigenschaften zu induzieren. Die Epigenom-Editierung beschreibt dabei die gezielte Veränderung von DNA- oder Chromatin-Markierungen an bestimmten genomischen Bereichen. Dazu werden sogenannte Epi-Effektoren verwendet, die aus einer DNA-Erkennungsdomäne (Zink-Finger, TAL-Effektor oder modifizierter CRISPR/Cas9-Komplex) und der katalytischen Domäne eines Chromatin-modifizierenden Enzyms bestehen. Wird der CRISPR/Cas9-Komplex zur Epigenom-Editierung eingesetzt, wird ein modifiziertes Cas9 verwendet, bei der die DNA-schneidenden Domänen durch zwei Punktmutationen abgeschaltet wurden. Dieses dCas9 (*dead* Cas9) kann zwar noch gezielt DNA binden, aber

**a)** Das Cas9-Protein schneidet DNA mit Hilfe von zwei Nuklease-Domänen. Das Protein wird dabei von einer programmierbaren RNA (*single guide RNA*, sgRNA) an seine Ziel-DNA-Sequenz geführt. **b)** Der CRISPR/Cas9-Komplex kann auch zum Umschreiben von DNA verwendet werden. Dazu werden eine Cytosin-Deaminase und ein UGI fusioniert, so dass Cytosine in der Ziel-DNA-Sequenz zu Thyminen umgeschrieben werden können. Das Cas9-Protein wird dazu so verändert, dass nur der untere Strang der DNA geschnitten wird. Die Nuklease-Domäne, die den oberen Strang schneidet, wird inaktiviert (Stern). **c)** Beim Prime-Editing können gezielt nicht nur einzelne Cytosine, sondern beliebige, kurze DNA-Abschnitte umgeschrieben werden. Auch hier wird ein Cas9-Protein verwendet, in dem eine der Nuklease-Domänen inaktiv ist (Stern). An dieses Cas9 wird eine Reverse Transkriptase (RT) fusioniert. Die RT nutzt eine verlängerte sgRNA als Vorlage und schreibt diese ausgehend vom Schnitt in der Ziel-DNA-Sequenz in eine gewünschte DNA-Sequenz um. **d)** Auch kann Cas9 zur Epigenom-Editierung eingesetzt werden. Dazu wird ein Cas9-Protein verwendet, in dem beide Nuklease-Domänen inaktiv sind (Stern). Eine Methyltransferase hängt dann Methylgruppen an Cytosine in der Ziel-DNA Sequenz an.

nicht mehr schneiden. Stattdessen führt das dCas9-Protein das angehängte Chromatin-modifizierende Enzym wie eine Führe zur gewünschten DNA-Sequenz, um eine ortsspezifische DNA-Methylierung oder Histon-Modifizierungen durchzuführen [3]. Epigenetische Re-Programmierung wurde bereits erfolgreich in der Modellpflanze *Arabidopsis* verwendet, um eine verfrühte Blüte zu induzieren [4] und die physiologische Leistung unter Trockenheit zu verbessern [5].

Im Gegensatz zu Veränderungen auf DNA-Sequenzebene wurde die Vererbung von epigenetisch induzierten Eigenschaften bisher nur selten über mehr als zwei Generationen beobachtet. Die Epigenom-Editierung bietet daher vor allem Anwendungsmöglichkeiten bei gärtnerisch genutzten Kulturpflanzen, die häufig ungeschlechtlich vermehrt werden und bei denen die epigenetische Genom-Editierung leichter zu erhalten und damit in den Nachkommen stabiler ist.

### Wie kommt das Werkzeug in die Zelle?

Die zuvor beschriebenen Werkzeuge können auf verschiedene Arten in Zellen eingebracht werden. Bei Pflanzen geschieht das entweder über ein physikalisches Verfahren (dem Beschuss mit DNA-, RNA- oder Protein-beschichteten Partikeln), die Polyethylenglykol-vermittelte Transformation von ► Protoplasten oder über das Bodenbakterium *Rhizobium radiobacter* (meist noch als *Agrobacterium tumefaciens* bekannt). Ziel ist es, entweder die genetische Information für die Werkzeuge ins Erbgut einzubauen (stabil zu integrieren = transgen) oder nur zeitweilig (transient) wirken zu lassen. Wird die genetische Information für die molekularen Werkzeuge stabil integriert, produziert die Pflanze das Werkzeug selbst und dieses wird aktiv, um die Mutationen an der gewünschten Stelle zu erzeugen. In den nächsten Generationen müssen dann Nachkommen ausgewählt werden, die den Mendel'schen Gesetzen folgend das Transgen wieder verloren haben und nur die präzise Veränderung in der Zielregion aufweisen. Dies kann für bestimmte Pflanzen eine große Herausforderung darstellen, wenn sie beispielsweise nicht sexuell vermehrt werden oder sehr lange Generationszeiten haben [6]. Um diese Schwierigkeiten zu umgehen, wird entweder nur die Transportform des Erbgutes (RNA) direkt in die Zellen eingeschleust oder der im Reagenzglas produzierte, bereits fertige Werkzeugkomplex als Protein (TALEN, CRISPR/Cas9-Ribonukleotidprotein) in die Pflanzenzellen übertragen. Beide Methoden haben den Vorteil, dass keine DNA – also kein Transgen – ins Erbgut eingebaut wird und dieses somit auch nicht wieder eliminiert (aussegregiert, siehe dazu Glossar ► Segregation) werden muss. Allerdings ist RNA weniger stabil als DNA und somit nur kurze Zeit aktiv, wodurch die Wirkung des Werkzeugs einschränkt sein kann. Die Übertragung des bereits fertigen Werkzeugkomplexes hat außerdem den Vorteil, dass die Proteine direkt nach der Übertragung wirksam sind und nicht erst in der Zelle hergestellt werden müssen. Ein

Nachteil der Methode ist jedoch, dass keine Markergene zum Beispiel für Antibiotika oder Herbizidtoleranz mit übertragen werden können. Diese werden üblicherweise verwendet, um während der Regenerationsphase nur die Pflanzen zu selektieren, die das Transgen für das Werkzeug erhalten haben und damit mit großer Wahrscheinlichkeit auch eine Veränderung tragen. Ohne diese Möglichkeit muss eine Vielzahl von Pflanzen auf Mutationen hin untersucht werden, da nur Modifikationen, die einen visuellen oder entwicklungsbedingten Vorteil gegenüber unveränderten Pflanzen haben, unmittelbar detektierbar sind.

Die DNA-freien Werkzeuge wurden bereits erfolgreich in verschiedenen landwirtschaftlich wichtigen Pflanzen angewendet. In einer Studie mit Mais [7] wurden die zwei Gene MS26 und MS45 ausgeschaltet, die beim Züchtungsprozess eine wichtige Rolle spielen. Dies führt zu männlicher Sterilität und erleichtert die Herstellung von Hybridpflanzen. Eine Studie mit Weizen [8] hatte zum Ziel, längere und breitere Körner und somit ein höheres Ertragspotenzial zu erzielen. Dazu wurden die Gene TaGW2 und TaGASR7 erfolgreich und präzise mutiert. In Kartoffeln [9] wurde die Stärkezusammensetzung verändert. Stärke setzt sich aus Amylose und Amylopektin zusammen. Eine Hochamylopektin-haltige Stärke hätte Verwendung in Lebensmitteln für Menschen mit Typ-2-Diabetes oder Herz-Kreislauf-Erkrankungen. Des Weiteren wurden in Tomaten mittels DNA-freier Werkzeuge Gene verändert, um die Blüte zu beschleunigen, einen kompakten Wuchs und einen insgesamt schnelleren Lebenszyklus zu erreichen [10].

### Praktische Erwägungen eines Züchters

Um Genom-Editierung in der praktischen Züchtung zu nutzen, werden Kenntnisse über Zielsequenzen im Genom der jeweiligen Kulturpflanze benötigt. Hier gibt es jedoch große Unterschiede zum Wissensstand bei landwirtschaftlich und gartenbaulich genutzten Pflanzen. In der Forschung wurde in der Vergangenheit häufig mit relativ einfachen, gut studierten und genomisch genau charakterisierten Modellarten wie der Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) gearbeitet. Im Gegensatz dazu enthalten landwirtschaftlich wichtige Kulturpflanzen häufig ein komplexes Genom mit teilweise hohen ► Ploidiestufen (hohe Anzahl von Chromosomensätzen). Weizen ist beispielsweise hexaploid, enthält also drei Kopien eines zweifachen (diploiden) Chromosomensatzes in jeder Zelle. Hier bieten sich durch das Wirkprinzip der Genom-Editierung neue züchterische Möglichkeiten, die aufgrund des Vorhandenseins vieler Genkopien mittels klassischen genetischen Mutagenese- oder Transformationsmethoden nur schwer zu erreichen sind. Genom-Editierung wirkt hingegen an allen vorkommenden spezifischen Zielsequenzen – egal, wie oft diese im Genom vorkommen. Dadurch ist es möglich, alle sequenzgleichen Kopien (Allele) eines Gens unabhängig – aber gleichzeitig – zu verändern [11, 12]. Weiterhin kann Genom-Editierung

auch eingesetzt werden, um die genetische Variation durch gezielte Umlagerung ganzer chromosomaler Bereiche (sog. *chromosome engineering*) zu erhöhen oder auch gezielt Genombereiche für vorteilhafte Sorteneigenschaften von benachbarten Bereichen mit nachteiligen Eigenschaften physisch zu trennen. Solche Veränderungen können in klassischen Kreuzungsverfahren aufgrund ihrer physischen Nähe nicht durch zufällig auftretende Rekombinationen erzielt werden [13].

Mittlerweile gibt es bereits einen ansehnlichen Anteil an sequenzierten und molekular sehr gut untersuchten landwirtschaftlich genutzten Kulturpflanzenarten wie Mais, Reis, Weizen oder Raps. Die entsprechenden Züchtungsunternehmen haben oft eine Größe, die es ihnen ermöglichte, konsequent über Jahrzehnte in die Erforschung der molekularen Grundlagen ihrer Arten und Sorten zu investieren. Gleichzeitig könnten in Zukunft auch kleinere Unternehmen und Start-ups die Möglichkeit haben, mit den nun verfügbaren Methoden neue und

auch speziellere Geschäftsfelder anzugehen. In der Landwirtschaft sind die Weichen für eine effiziente Nutzung von Genom-Editierung damit bereits gestellt und die ersten kommerziellen Anwendungen kommen auf den Markt.

Bei den meisten gartenbaulichen Kulturen sehen die Verhältnisse jedoch anders aus als in der Landwirtschaft. Im Gemüsebereich gibt es eine deutlich größere Vielfalt an botanischen Arten, von denen nur wenige gut molekular charakterisiert oder gar sequenziert sind. Durch diese Lücke an molekularem Grundlagenwissen, deren Behebung oft ein zu hoher Investitionsbedarf der jeweiligen Züchtungsfirmen entgegensteht, rückt hier die Verwendung von molekularen Markern für eine effektive klassische kommerzielle Züchtung in den Vordergrund. Beispiele für die Nutzung von Genom-Editierung für die Züchtung sind zwar vorhanden, beschränken sich aber bisher eher auf den akademischen Forschungsbetrieb [14, 15].

Noch extremer sieht es im Zierpflanzenbereich aus. Hier gibt es eine unübersehbare Fülle an Arten und Sorten, die in der Regel überhaupt nicht oder nur in Ansätzen molekular charakterisiert sind, so dass molekulare Ziele für die Genom-Editierung rar sind. Lediglich die Biosynthese vieler Blütenfarbstoffe ist relativ gut untersucht und bietet bereits Eingriffsmöglichkeiten zur Erzeugung neuer Farbvarianten [16]. Hierbei ist es durch den Einsatz von Genom-Editierung möglich, die über lange Jahre herausgezüchtete Kombination vieler vorteilhafter Eigenschaften in Elitematerial zu erhalten und nur gezielt eine einzige Eigenschaft – also z. B. die Blütenfarbe – zu variieren.

Züchtungsbetriebe sind weitgehend mittelständisch organisiert und können sich keine hohen Aufwendungen für eine eigene biotechnologische Grundlagenforschung im jeweiligen Genpool leisten. Mit zunehmender Zugänglichkeit und fallenden Preisen zur Erzeugung molekularer Daten wird sich dies in Zukunft allerdings ändern. Bis dahin ist es aber noch ein weiter Weg, wenngleich es auch hier nicht an Ideen für den Einsatz von Genom-Editierung mangelt, die Branche dieser Technologie prinzipiell offen gegenübersteht und auch die regulatorischen Hürden geringer sind als im Lebensmittelbereich [17].

### Was ist aktuell in der Entwicklung und wie kommen die neuen Sorten auf den Markt?

Als Ergänzung des Werkzeugkastens züchterischer Methoden sind die möglichen Anwendungen von Gen-Editierung genauso breit wie Zuchtziele im Allgemeinen: Über die Anpassung an biotische (Resistenzen gegen Schädlinge) und abiotische (Anpassung an Umweltbedingungen) Stressfaktoren, über verbesserte Inhaltsstoffe bis hin zur Erhöhung des Ertragspotenzials gibt es bereits eine ganze Reihe von konkreten Beispielen. Den wohl umfassendsten Überblick dazu gibt die Datenbank des EU-SAGE-Projektes (<https://www.eu-sage.eu/genome-search>), einer gemeinsamen Aktion von europäischen Pflanzenforschungseinrichtungen unter Federführung des *Vlaams Instituut voor*

## GLOSSAR

**Basen-Editierung:** Eine Technik der Genom-Editierung, um gezielt einzelne Basen in der DNA umzuschreiben, ohne einen Doppelstrangbruch hervorzurufen. Damit können präzise Punktmutationen ausgelöst oder korrigiert werden und genetische Variationen erzeugt werden.

**Chromatin:** Chromatin ist die komplexe Struktur aus DNA und Proteinen in eukaryotischen Zellen.

**Histon:** Histone sind Proteine, auf denen die DNA aufgewickelt ist, um sie zu verpacken und zu organisieren.

**Homologie-gesteuerte Rekombination:** Ein molekularer Prozess, bei dem zwei DNA-Sequenzen aufgrund ihrer Ähnlichkeit (Homologie) miteinander rekombinieren und genetische Variationen erzeugen können. Bei der Reparatur von DNA-Schäden wird über die Homologie-gesteuerte Rekombination eine intakte Kopie als Vorlage zur Reparatur der zerstörten Kopie verwendet.

**Nicht-homologe Endverknüpfung:** Ein Prozess, bei dem DNA-Enden direkt miteinander verknüpft werden, ohne eine homologe Vorlage zu verwenden. Diese Art der Verknüpfung kann zu Mutationen und genetischen Veränderungen führen.

**Ploidiestufen:** Die Ploidiestufe gibt die Anzahl der Chromosomensätze in eukaryotischen Zellen an. Enthält eine Zelle nur einen Chromosomensatz, wird sie als haploid (1n) bezeichnet; eine Zelle mit doppeltem Chromosomensatz ist diploid (2n). Besonders bei Pflanzen gibt es noch höhere Ploidiestufen, die einen triploiden (3n), tetraploiden (4n) oder eine noch höhere Anzahl an Chromosomensätzen beschreiben.

**Protoplast:** Die kleinste, selbstständig lebensfähige Einheit einer Pflanze ist eine Zelle, die von einer Zellwand umschlossen ist. Diese Zellwand kann enzymatisch abgebaut werden und den Protoplasten freigeben, der dann nur noch von der Zellmembran umschlossen ist. Protoplasten werden oft in der Zellkultur und zur Genom-Editierung verwendet, da sie DNA und Proteine aufnehmen oder miteinander fusioniert werden können.

**Segregation:** Segregation beschreibt die Aufspaltung genetischen Materials während der sexuellen Vermehrung. Dabei werden die Erbanlagen zufällig auf die Tochterzellen verteilt und es können neue genetische Kombinationen entstehen. Segregation kann auch während der Zellteilung z. B. durch crossing-over zwischen zwei Chromosomen stattfinden.

**Sexuelle Vermehrung:** Die sexuelle Vermehrung von Pflanzen erfolgt durch Bestäubung der weiblichen Blütenorgane mit den männlichen Pollen und ermöglicht damit genetische Rekombination. Im Gegensatz dazu erfolgt die vegetative Vermehrung asexuell durch die Bildung von Ausläufern, Senkern oder Knollen.

**TAB 1. BEISPIELE FÜR NUTZPFLANZEN, DIE MIT HILFE DER NEUEN GENOMISCHEN TECHNIKEN VERÄNDERT WURDEN**

Pflanzenart	Zuchtziel	NGT	Publikation
Reis ( <i>Oryza sativa</i> )	Resistenz gegen bakterielle Infektion mit <i>Xanthomonas</i>	TALENs	Shan et al., 2013 <a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3968307/">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3968307/</a>
Soja ( <i>Glycine max</i> )	verbesserte Ölqualität	TALENs	Haun et al., 2014 <a href="https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24851712/">https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24851712/</a>
Kartoffel ( <i>Solanum tuberosum</i> )	Resistenz gegen <i>Phytophthora infestans</i> , Erreger der Kraut- und Knollenfäule	Cis-Genese	Haverkort et al., 2016 <a href="https://link.springer.com/article/10.1007/s11540-015-9312-6">https://link.springer.com/article/10.1007/s11540-015-9312-6</a>
Banane ( <i>Musa musa</i> )	Beta-Carotin in der Frucht zur Vitamin-A-Versorgung	CRISPR	Kaur et al., 2020 <a href="https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1096717620300331">https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1096717620300331</a>
Raps ( <i>Brassica napus</i> )	Pilzresistenz gegen <i>Verticilium</i>	CRISPR	Pröbsting et al., 2020 <a href="https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/pbi.13394">https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/pbi.13394</a>
Reis ( <i>Oryza sativa</i> )	Trockentoleranz durch verringerte Anzahl von Spaltöffnungen	CRISPR	Karavolias et al., 2023 <a href="https://academic.oup.com/plphys/article/192/2/1168/7085312">https://academic.oup.com/plphys/article/192/2/1168/7085312</a>

*Biotechnologie* (VIB) in Gent (Belgien). Die Datenbank hat mittlerweile über 740 Einträge von publizierten Arbeiten an über 60 Pflanzenarten (Stand Juli 2023). Es ist dabei hervorzuheben, dass es sich dabei ausschließlich um Arbeiten mit landwirtschaftlich relevanten Merkmalen und an Kulturpflanzen handelt. Reine Grundlagenforschung mit der Modellpflanze Ackerschmalwand ist also nicht vertreten. Dass die Datenbank dennoch bereits eine solche Fülle von Studien auflisten kann, zeigt das Potenzial der Neuen Genomischen Techniken (NGTs) in den rund 15 Jahren seit ihrer ersten Anwendung in Pflanzen. Bei den verwendeten Methoden führt „CRISPR“ mit über 600 Einträgen deutlich vor TALENs (30). In Bezug auf die Pflanzenart gibt es die meisten Einträge für Reis (230), gefolgt von Tomate (100) und Mais (50). Als Zuchtziele werden vor allem Ertragspotenzial und verbesserte Inhaltsstoffe angegeben (jeweils ca. 160), gefolgt von Krankheitsresistenzen (130 Einträge). Einige ausgewählte Beispiele werden in Tabelle 1 gezeigt. Bis auf den Markt haben es in der Kürze der Zeit bereits eine Tomate mit veränderten Inhaltsstoffen, eine Sojabohne mit verbesserter Ölzusammensetzung sowie in diesem Jahr Senf mit weniger Bitterstoffen, dessen Blätter als Salat verwendet werden sollen, geschafft. Eine Reihe weiterer Pflanzen ist in der Entwicklung.

Welche der genannten möglichen Anwendungen tatsächlich ihr Potenzial entfalten können, hängt maßgeblich davon ab, wie die mittels Genom-Editierung veränderten Pflanzen unter dem Gentechnik-Recht reguliert werden. Hierbei gibt es weltweit deutliche Unterschiede zwischen verschiedenen Staaten und Weltregionen. Die Spanne reicht dabei von Ländern wie Argentinien, bei denen Genom-Editierung nicht anders reguliert ist als konventionelle Züchtung, bis hin zur Europäischen Union oder Neuseeland, wo genomeditierte Pflanzen derzeit genauso streng reguliert sind wie solche, die durch klassische gentechnische Verfahren entstanden sind. In vielen anderen Staaten wie den USA oder Australien gibt es abgeschwächte Regeln, die auf einer Fall-zu-Fall-Entscheidung über die Zulassung entscheiden. Doch in Europa kommt Bewegung in

die Diskussion. Am 5. Juli 2023 stellte die EU-Kommission einen von Seiten der Wissenschaft lang erwarteten Gesetzesvorschlag für eine neue Regulierung von Pflanzen vor, die mittels NGT entstanden sind ([https://food.ec.europa.eu/plants/genetically-modified-organisms/new-techniques-biotechnology\\_en](https://food.ec.europa.eu/plants/genetically-modified-organisms/new-techniques-biotechnology_en)). Darunter fasst die EU-Kommission eine Reihe von biotechnologischen Methoden zusammen, die nach 2001 (also nach der letzten Reform des Gentechnikrechts) entwickelt wurden. Neben der Genom-Editierung zählt die Kommission auch die Cis-Genese dazu, also den Gentransfer innerhalb einer Art.

Dem Vorschlag zufolge würden NGT-Pflanzen in zwei Kategorien eingeteilt: In Kategorie 1 werden Pflanzen eingeordnet, die auch natürlich oder durch bisherige Züchtungsmethoden entstehen könnten oder in die Gene übertragen wurden, die aus dem Zuchtpool der jeweiligen Kulturpflanzenart stammen (Cis-Genese). Alle anderen Pflanzen, die unter Verwendung von NGTs gezüchtet werden, fallen in Kategorie 2. In welche Kategorie eine Pflanze eingeordnet wird, würde von den jeweils zuständigen nationalen Behörden der Mitgliedsstaaten bewertet werden. Kategorie-1-Pflanzen sollten dem Entwurf zufolge nach dieser Bewertung keinen anderen Regeln unterliegen als konventionell gezüchtete Pflanzen auch. Allerdings mit der Einschränkung, dass eine Eintragung in eine neue Datenbank erfolgen muss und Saatgut solcher Sorten als „NGT“ gekennzeichnet werden muss. So soll gewährleistet werden, dass NGT-Sorten nicht im Bio-Landbau verwendet werden, denn dort bleibt der Einsatz auf eigenen Wunsch der Bio-Branche verboten. Die Regulierung von Kategorie-2-Pflanzen soll sich an der bestehenden Gentechnik-Regulierung orientieren, sich aber auf die konkreten Eigenschaften der Pflanzen beziehen und Risiken untersuchen, für die es konkrete Anhaltspunkte gibt. Außerdem soll es eine Reihe von definierten Nachhaltigkeitskriterien geben, die eine vereinfachte Zulassung ermöglichen sollen. Für Kategorie-2-Pflanzen würde eine Kennzeichnungspflicht auch auf dem Endprodukt gelten, allerdings soll diese um Erläuterungen ergänzt werden, mit welchem Ziel diese Pflanzen gentechnisch verändert wurden.

Nach der Sommerpause 2023 wurde der Vorschlag im Zuge des legislativen Prozesses bereits kontrovers diskutiert. Die spanische EU-Ratspräsidentschaft hat einen ambitionierten Fahrplan aufgesetzt, um noch vor den Wahlen zum EU-Parlament im Juni 2024 zu einer Entscheidung zu kommen. So hat bereits im Oktober 2023 die Berichterstatterin des EU-Parlaments ihre Einschätzungen zum Entwurf vorgelegt, die weitestgehend positiv ausfielen. Außerdem war der Entwurf im Dezember 2023 Thema in den zuständigen Ausschüssen des EU-Parlaments und soll schon im Januar im Plenum abgestimmt werden. Auch der Ministerrat der Mitgliedsstaaten hat im Dezember 2023 erstmals über einen Kompromissvorschlag der spanischen Ratspräsidentschaft abgestimmt. Obwohl nur sieben Mitgliedsstaaten dagegen stimmten, bekam der Vorschlag noch keine qualifizierte Mehrheit. Deutschland hat sich, vertreten durch Bundeslandwirtschaftsminister Cem Özdemir, enthalten. Es wird also noch weiter verhandelt und es ist offen, ob der abschließende Trilog zwischen Rat, Parlament und Kommission noch vor den Wahlen abgeschlossen werden kann. Nach der Entscheidung ist außerdem ein zweijähriger Implementierungszeitraum vorgesehen, so dass die neue Regulierung frühestens 2026 in Kraft tritt.

### Zusammenfassung

*Um eine hocheffiziente und gleichzeitig umweltschonende Landwirtschaft zu verwirklichen, ist die Züchtung neuer Pflanzensorten unerlässlich. Dies gewinnt zusätzlich an Bedeutung angesichts der klimatischen Veränderungen und der Notwendigkeit, den Einsatz von chemischen Pflanzenschutzmitteln und mineralischem Dünger zu reduzieren. Die neuen Züchtungsmethoden der Genom-Editierung liefern hierfür wertvolle Werkzeuge, die auf unterschiedliche Weise eingesetzt werden können. Bereits heute wurden mehr als 60 Arten von Kulturpflanzen mit diesen Werkzeugen züchterisch bearbeitet und landwirtschaftlich relevante Merkmale realisiert. Pflanzenzüchter sehen ein großes Potenzial vor allem für Kulturpflanzen, für die schon umfangreiche genetische Informationen vorliegen. Nach langen kontroversen Diskussionen liegt nun ein Entwurf der Europäischen Kommission für eine Neuregulierung von Pflanzen, die mittels „Neuer Genomischer Techniken“ (NGTs) entwickelt wurden, vor.*

### Summary

#### **New breeding technologies – what can be achieved with which methods**

*To achieve a highly efficient and at the same time environmentally friendly agriculture the breeding of new varieties of plants is imperative. This has become even more vital in the face of climate change and the necessity to reduce the application of chemical plant protection products and mineral fertilizers. The new breeding methods of genome editing provide valuable tools which can be used in a number of ways. Already today, more than 60 crop species have been*

*bred using these tools, and agriculturally relevant traits have been optimized. Plant breeders see a great potential especially for crops for which comprehensive genetic information is already available. After long controversial discussions, a draft of the European Commission for a new regulation of plants that have been bred by using “New Genomic Techniques“ (NGTs) is now available.*

### Schlagworte:

Nachhaltige Landwirtschaft, klimaangepasste Pflanzensorten, Werkzeuge der Genom-Editierung, Epigenom, DNA-freie Genomeditierung, neuer Rechtsrahmen

### Literatur

- [1] F. Urnov et al. (2010). Genome editing with engineered zinc finger nucleases. *Nat. Rev. Genet.* 11, 636–646.
- [2] C. L. Peterson, M. A. Laniel (2004). Histones and histone modifications. *Curr. Biol.* 14, R546–R551.
- [3] M. Moradpour, S. N. A. Abdulah (2020). CRISPR/dCas9 platforms in plants: strategies and applications beyond genome editing. *Plant Biotechnol. J.* 18, 32–44.
- [4] A. Papikian et al. (2019). Site-specific manipulation of *Arabidopsis* loci using CRISPR-Cas9SunTag systems. *Nat. Commun.* 10, 729.
- [5] B. P. De Melo et al. (2020). Transcriptional modulation of AREB-1 by CRISPRa improves plant physiological performance under severe water deficit. *Sci. Rep.* 10, 16231.
- [6] T. Cardi et al. (2023). CRISPR/Cas-mediated plant genome editing: outstanding challenges a decade after implementation. *Trends Plant Sci.* 16, S1360-1385(23)00164-4.
- [7] S. Svitashv et al. (2016). Genome editing in maize directed by CRISPR–Cas9 ribonucleoprotein complexes. *Nature Comm.* 7, 13274.
- [8] Z. Liang et al. (2017). Efficient DNA-free genome editing of bread wheat using CRISPR/Cas9 ribonucleoprotein complexes. *Nature Comm.* 18, 14261.
- [9] M. Andersson et al. (2018). Genome editing in potato via CRISPR-Cas9 ribonucleoprotein delivery. *Physiol. Plant* 164, 378–384.
- [10] Z. Liu et al. (2022). DNA methylation in tomato fruit ripening. *Physiologia Plantarum* 174, e13627.
- [11] T. Trono, N. Pecchioni (2022). Candidate Genes Associated with Abiotic Stress .Response in Plants as Tools to Engineer Tolerance to Drought, Salinity and Extreme Temperatures in Wheat: An Overview. *Planta* 11, 3358.
- [12] J. G. Schaart et al. (2021). Genome editing og polyploid crops: prospects, achievements and bottlenecks. *Transgenic Res.* 30, 337–351.
- [13] N. Capdeville et al. (2021). Sophisticated CRISPR/Cas tools for fine-tuning plant performance. *Plant Physiol.* 257, 153332.
- [14] T. Das et al. (2022). Exploring the potential of CRISPR/Cas genome editing for vegetable crop improvement: an overview of challenges and approaches. *Biotechnol. Bioeng.* 120, 125–1228.
- [15] Z. Ma et al. (2023). Applications of CRISPR/Cas genome editing in economically improtant fruit crop: recent advances and future directions. *Mol. Horticult.* 3, 1, <https://doi.org/10.1186/s43897-023-00049-0>.
- [16] D. Nitarska et al. (2018). The rare orange-red colored *Euphorbia pulcher-rima* cultivar ‘Harvest Orange’ shows a nonsense mutation in a flavonoid 3'-hydroxylase allele expressed in the bracts. *BMC Plant Biol.* 18(1), 216.
- [17] C. Jin et al. (2023). Creating novel ornamentals via new strategies in the era of genome editing. *Front Plant Sci* 14, 1142866.

**Verfasst von:**



Robert Boehm studierte Biologie in Freiburg im Breisgau und promovierte im Bereich Metabolic Engineering am Lehrstuhl für Pharmazeutische Biologie der Universität Tübingen. Anschließend arbeitete er am Institut für Molekulare Physiologie und Biotechnologie der Pflanzen der Universität Bonn im Bereich Molecular Farming. Im Jahr 2007 wechselte er zur Firma Selecta One nach Stuttgart als Leiter Forschung und Entwicklung. Er ist aktuell Leiter der Abteilung Molekularbiologie im Labor von Selecta One.



Gabi Krczal studierte Biologie und Chemie an der Ruprecht-Karls-Universität Heidelberg und promovierte dort über Phytoplasma-Erkrankungen bei Obstgehölzen. Sie leitete dann zunächst die Abteilung Virologie an der Landesanstalt für Pflanzenbau und Pflanzenschutz in Mainz, danach das Centrum Grüne Gentechnik an der Staatlichen Lehr- und Forschungsanstalt in Neustadt an der Weinstrasse. Seit 2005 ist sie Geschäftsführerin der RLP AgroScience gGmbH, ebenfalls in Neustadt an der Weinstrasse.



Götz Hensel studierte Biotechnologie an der Technischen Universität Magdeburg. Seine Promotion zum Thema sekretorischer Proteine in Tabaksuspensionen absolvierte er in der AG Hefegenetik am Leibniz-Institut für Pflanzen-genetik und Kulturpflanzenforschung (IPK). Nach seiner Postdoc-Zeit bei Fredy Altpeter war er lange Jahre Laborleiter in der AG Pflanzliche Reproduktionsbiologie am gleichen Institut. Seit 2020 leitet er das Centre for Plant Genome Engineering an der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf.



Jana Streubel studierte Biologie an der Martin-Luther-Universität in Halle (Saale) und promovierte dort 2015. Seitdem arbeitet sie als Postdoc in der Abteilung für Pflanzenbiotechnologie an der Leibniz Universität in Hannover.



Robert Hoffie hat an der Universität Hannover Pflanzenbiotechnologie studiert und anschließend am Leibniz-Institut für Pflanzen-genetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben zur Genom-Editierung von Gerste mit dem Ziel einer Virusresistenz promoviert. Derzeit ist er als Postdoc am IPK tätig.

**Korrespondenz**

Prof. Dr. Gabi Krczal  
Geschäftsführerin  
RLP AgroScience GmbH  
Breitenweg 71  
D-67435 Neustadt  
E-Mail: [gabi.krczal@agrosience.rlp.de](mailto:gabi.krczal@agrosience.rlp.de)



**DIALOGFORUM** 

**WISSENSCHAFTLICHE TIERVERSUCHE –  
NOTWENDIG ODER ENTBEHRLICH?**

*Wozu wissenschaftliche Tierversuche?  
Was leisten Alternativmethoden – was nicht?  
Welche ethischen Fragen stellen sich dabei?*

**26. Juni 2024, 17:00 bis 19:00 Uhr via ZOOM**



**Prof. Dr. Thomas Korff**  
Institut für Physiologie und Pathophysiologie, Universität Heidelberg

**Prof. Dr. Dr. h.c. Ursula Wolf**  
Philosophische Fakultät der Universität Mannheim

**Prof. Dr. Gero Hilken** - Moderation  
Universität Duisburg-Essen

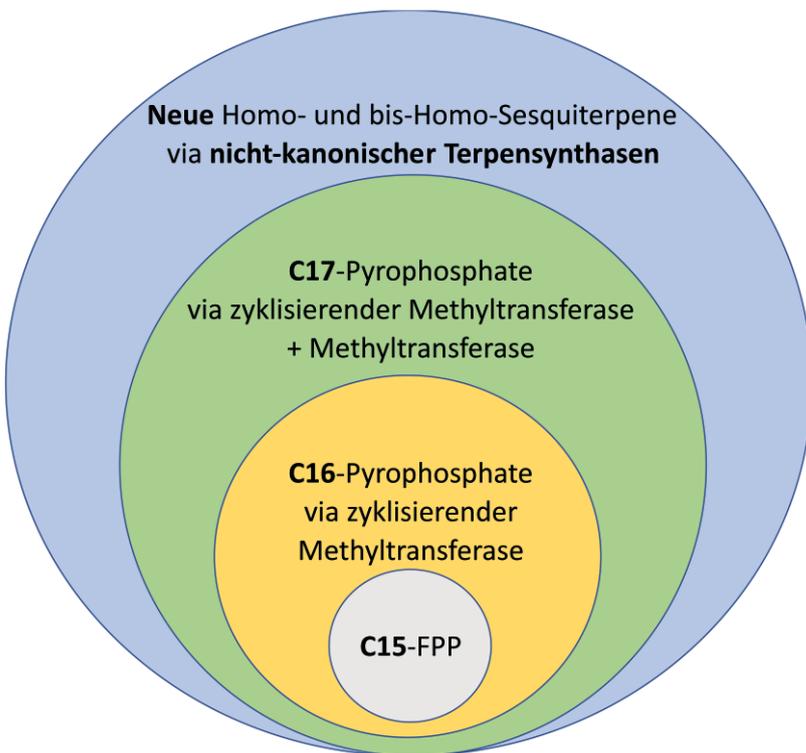


**Registrierung unter**  
<https://t1p.de/VBIO-Dialogforum-2>

## Eine neue Biosyntheseroute erweitert das bakterielle Terpen-Portfolio

# Irreguläre Terpene in Bakterien

BIRGIT PIECHULLA | NANCY SCHMIDT | MARIE-CHANTAL LEMFACK | STEPHAN VON REUSS



Die Wissenschaft sucht seit Langem immer neue Terpene/Terpenoide; man spricht von neuen *spaces of terpenoids*. Diese neuen Räume werden durch neue Biosynthesewege via zyklisierender Methyltransferasen und nicht-kanonischer Terpensynthesen eröffnet und sind hier als Kreise dargestellt.

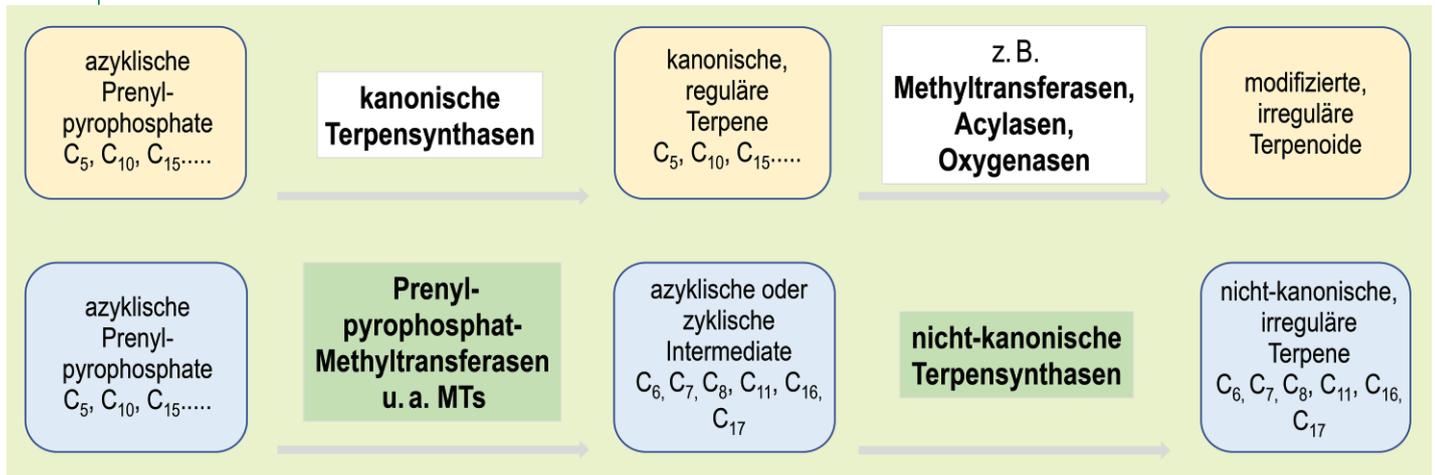
*Für die Bildung irregulärer C<sub>16</sub>- und C<sub>17</sub>-Homo- und -bis-Homo-Sesquiterpen-Verbindungen in Bakterien sind zwei Enzyme mit ungewöhnlichen katalytischen und substratspezifischen Eigenschaften verantwortlich. Einerseits sind dies ►bifunktionelle FPP-Methyltransferasen mit Zyklisierungsaktivität und andererseits Terpensynthesen, die nur zyklische Prenylpyrophosphate akzeptieren. Durch diese Biosynthesevariante wird die Vielfalt natürlich vorkommender Terpene erhöht.*

Die mit einem grünen Pfeil markierten Begriffe werden im Glossar auf Seite 188 erklärt.

Mit ca. 80.000 Substanzen sind die Terpene die größte und vielfältigste Naturstoffklasse [1]. Dazu gehören hochkomplexe Verbindungen wie Kautschuk, Cholesterin, Steroidhormone, Carotinoide, Gibberelline, Humulen und pflanzliche Geruchsstoffe wie Caryophyllen, Menthol, Limonen, Geraniol, Linalool und Pinen. Die chemischen Strukturen dieser Verbindungen sind sehr divers, obwohl ihnen ein gemeinsamer Biosyntheseweg zugrunde liegt. Die Entdeckung dieses Biosynthesepinzips geht auf die Isoprenregel von Otto Wallach [2] und Leopold Ruzicka [3] zurück. Diese beiden Forscher hatten erkannt, dass die C<sub>5</sub>-Grundbausteine Isopentenylpyrophosphat (IPP) und Dimethylallylpyrophosphat (DMAPP) zu ►Prenylpyrophosphat-Intermediaten wie Geranylpyrophosphat (GPP, C<sub>10</sub>), Farnesylpyrophosphat (FPP, C<sub>15</sub>) und Geranylgeranylpyrophosphat (GGPP, C<sub>20</sub>) zusammengefügt werden. Die C<sub>5</sub>-Grundbausteine werden durch den Mevalonat- oder durch den MEP/DOXP-Weg generiert [4]. Durch Kopf-Schwanz-, Kopf-Mittel- und Kopf-Kopf-Reaktionen entstehen dann verschiedene Intermediate; jedoch trägt diese begrenzte Anzahl von Prenylpyrophosphat-Strukturen kaum zur hohen Diversität der Terpenoide bei. Die Terpen-Produktvielfalt ist einerseits auf die außergewöhnlichen Eigenschaften der Terpensynthesen zurückzuführen, die z. B. aus einem Substrat jeweils mehrere Produkte herstellen können (► Multiproduktenzyme). Andererseits wird die Produktpalette durch nachgeschaltete Modifikationen durch sogenannte dekorierende Enzyme wie Cytochrom-P450-Oxygenasen, Dehydrogenasen, Methyltransferasen, Acylasen und Glucosyltransferasen, enorm erweitert (Abbildung 1).

Terpensynthesen sind außergewöhnliche Enzyme, weil die Anzahl der Produkte oft ein Vielfaches der akzeptierten Substrate übersteigt und weil sie viele unterschiedlich zyklisierte Produkte herstellen können, was die spezifischere Namensgebung Terpenzyklen rechtfertigt. Die Terpen-Zyklisierungsreaktionen sind eine der komplexesten Reaktionen, die die Natur vorzuweisen hat. Im Durchschnitt verändert ca. die Hälfte der Kohlenstoffatome eines Substrates ihre Bindung, Hybridisierung und Stereochemie während der Multistep-Zyklisierungskaskaden, wobei unterschiedliche ► Carbokation-Intermediate entstehen. Aufgrund der initialen Carbokation-Bildung werden zwei Klassen von Terpensynthesen unterschieden: Klasse-I-Terpenzyklen nutzen ein Metallcluster (meistens drei

ABB. 1 | KLASSISCHE UND NICHT-KANONISCHE TERPENBIOSYNTHESE



Über Organismenreiche hinweg verbreitete klassische Terpenbiosynthese (oben) und die nicht-kanonische Terpenbiosynthese (unten), die bisher nur in Bakterien nachgewiesen wurde. Grün hervorgehoben sind die besonderen Enzyme des nicht-kanonischen Biosyntheseweges.

Mg-Ionen), um eine Ionisierung unter Bildung eines Allylkations zu initiieren, während die Klasse-II-Enzyme säurebasierend die terminale Doppelbindung protonieren. Beide Enzymklassen unterscheiden sich bezüglich der Position der aktiven Taschen: Bei Klasse-I-Enzymen liegt die aktive Tasche in der Mitte eines Bündels von  $\alpha$ -Helices (*alpha-fold*), während sich die der Klasse-II-Enzyme an der Phasengrenze zweier  $\alpha$ -Helix-Domänen – genannt  $\beta$  und  $\gamma$  – befindet. Die typischen Substrate der Terpensynthasen sind IPP, GPP, NPP (Neryl-IPP, *cis*-Isomer des GPP), *E*- und *Z*-FPP, GGPP, GFPP (Geranyl-farnesylpyrophosphat), NNPP (Neryl-nerylpyrophosphat, *cis*-Isomer von GGPP). Bei allen handelt es sich um azyklische Substrate.

### Methylierung von Prenylpyrophosphaten

2008 entdeckten Wang und Cane [5] und Komatsu et al. [6], dass auch 2-Methyl-GPP, d. h. ein  $C_{11}$ -Substrat, von Terpensynthasen aus *Streptomyces coelicolor* akzeptiert wird, um daraus 2-Methylisoborneol und 2-Methylenbornan zu bilden. Nachfolgend wurde eine SAM-abhängige Methyltransferase, die GPP methyliert, charakterisiert [7]. Erst zehn Jahre später wurde gezeigt, dass es weitere, auf Prenylphosphate spezialisierte Methyltransferasen gibt, nämlich eine FPP-Methyltransferase aus *Serratia plymuthica* [8] und eine IPP-Methyltransferase aus *Streptomyces monomycini* [9]. Gegenüber den Enzymen aus *Streptomyces* war die FPP-Methyltransferase des  $\gamma$ -Proteobakteriums *Serratia* außergewöhnlich, weil sie neben der Methylierungsreaktion ein zyklisiertes Produkt bildete, d. h. sie ist ein bifunktionelles Enzym [10, 11]. Aufgrund dieser Zyklisierungsreaktion wurde dieses Enzym von Rudolf und Chang [12] auch als ‚maskierte‘ Terpenzyklase bezeichnet. Diese FPP-Methyltransferase von *Serratia plymuthica* 4Rx13 katalysiert den ersten entscheidenden Schritt der Sodorifen-Biosynthese (Abbildung 2).

### Sodorifen-Biosynthese bei *Serratia plymuthica*

Sodorifen ist eine polymethylierte, bicyklische Verbindung ohne Heteroatome und wurde bisher nur in *Serratia plymuthica*-Isolaten nachgewiesen. Die Summenformel  $C_{16}H_{26}$  deutet bereits auf eine Methylierung des Substrats  $C_{15}$ -FPP hin, was sich im Zuge der Aufklärung des Biosyntheseweges auch bestätigte (Abbildung 2). Die Methylierung erfolgt am  $C_{10}$  des FPP, so dass zusätzlich eine Zyklisierungsreaktion durch die FPP-Methyltransferase möglich wird [10]. Es entsteht ein charakteristischer  $C_5$ -Ring im  $\blacktriangleright$  Presodorifen-Pyrophosphat. Auf dieses Zwischenprodukt hat sich die nachfolgende Terpensynthase (Sodorifen-Synthase) spezialisiert, d. h. sie akzeptiert nur dieses zyklisierte Intermediat, jedoch nicht das typische azyklische Substrat FPP der üblichen Terpensynthasen. Somit ist die Sodorifen-Synthase das erste Beispiel eines neuen Terpensynthase-Typs, d. h. einer nicht-kanonischen Terpensynthase, deren aktive Tasche zyklische Substrate akzeptiert. Bisher war nur die *ent*-Copolyalpyrophosphat-Synthase von *Arabidopsis thaliana* und *Bradyrhizobium japonicum* bekannt, die ein multizyklisches Substrat der frühen Biosynthese des Gibberellins nutzt. Die Reaktionen der Copolyalpyrophosphat-Synthase und Sodorifen-Syn-

### IN KÜRZE

- Terpene (Terpenoide) sind die **größte Naturstoffgruppe**.
- Der **klassische universelle Biosyntheseweg** der Terpenoide basiert auf der Isoprenregel, d. h. Verknüpfung von  $C_5$ -Einheiten liefern  $C_{10}$ ,  $C_{15}$ ,  $C_{20}$  etc. -Intermediate, die durch Terpensynthasen umgesetzt werden.
- Die neue Route basiert auf vorgeschalteten Methylierungen, die zur Bildung von  $C_{16}$ - und  $C_{17}$ -(zyklischen)-Intermediaten führt, die dann durch **nicht-kanonische spezifische Terpensynthasen** zu  $\blacktriangleright$  Homo- und  $\blacktriangleright$  bis-Homo-Sesquiterpenen umgesetzt werden.
- Durch die **neue Route** wird die Produktvielfalt erhöht.
- Dieser neue Biosyntheseweg ist in  **$\beta$ - und  $\gamma$ -Proteobakterien** und in **Aktinobakterien** realisiert.

thase unterscheiden sich jedoch deutlich: Erstgenannte nutzt eine aliphatische Kette, um einen Ring zu schließen, während die Sodorifen-Synthase eine hoch komplizierte und einmalige Reaktion durchführt, indem der C<sub>5</sub>-Ring des Presodorifen-Pyrophosphats zunächst geöffnet wird, damit ein neuer C<sub>5</sub>- und C<sub>6</sub>-Ring entstehen kann [8, 13].

Das Zusammenspiel der FPP-Methyltransferase mit der Sodorifen-Synthase aus *S. plymuthica* ist ein erstes Beispiel, das zeigt, dass eine vorgeschaltete Methyltransferase Produkte entstehen lässt, die spezialisierte nicht-kanonische Terpensynthasen nutzen können, um neue Naturstoffe (Homo-Sesquiterpene) bilden zu können. Mit diesem Beispiel wurde eine neue Route, die zur Erhöhung der zyklischen Terpen-Vielfalt beiträgt, aufgezeigt (Abbildung 1).

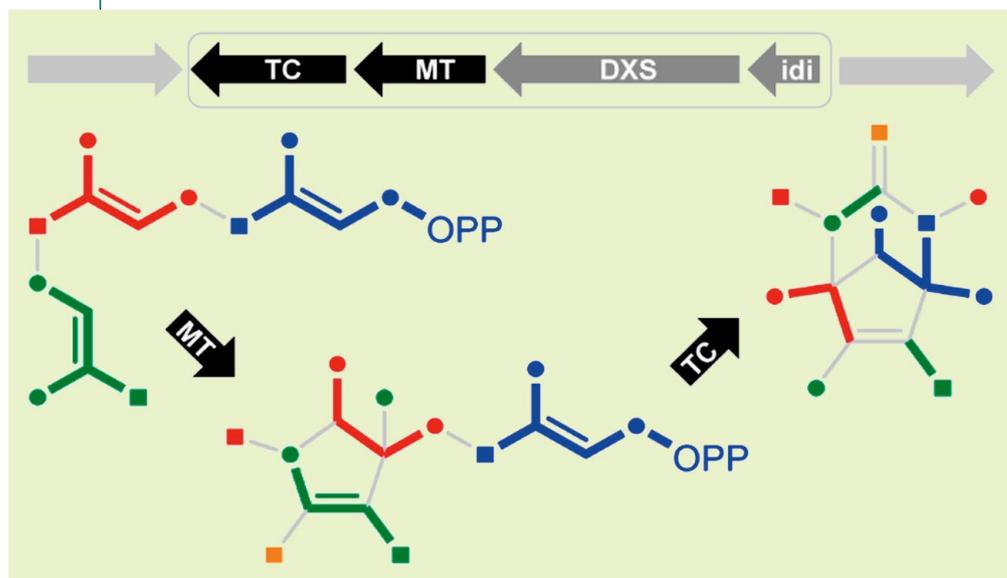
Inzwischen konnten Duan et al. zeigen, dass die C<sub>16</sub>-basierte Terpen-Biosynthese in Bakterien weit verbreitet ist: Es konnten 13 Substanzen mit neuen zyklischen Strukturen nachgewiesen werden [14]. Im weiteren Sinne kann auch die Bildung des gegen Trypanosomen wirksamen Homo-Terpenoids Longestin (C<sub>61</sub>H<sub>88</sub>O<sub>17</sub>) aus *Streptomyces argenteolus* zu dieser neuen Biosynthesevariante gruppiert werden, welches aus (3Z)-3-Methyl-IPP und IPP-Verlängerungseinheiten durch eine GGPP-Synthase gebildet wird [15].

### Chlororaphen-Biosynthese bei *Pseudomonas chlororaphis* und *Variovorax boronicumulans*

Die Sequenzierung des Genoms von *Serratia plymuthica* 4Rx13 zeigte, dass die beiden Gene – für die FPP-Methyltransferase und die Sodorifen-Synthase – nebeneinander in einem gemeinsamen Gencluster vorkommen [16]. Das Merkmal des gemeinsamen Vorkommens der Gene in Operons wurde für eine Analyse von bekannten Bakteriengenomen herangezogen, um andere Bakterienspezies mit der potenziellen Fähigkeit zur Biosynthese von Homo-Sesquiterpenen zu finden. Im  $\gamma$ -Proteobakterium *Pseudomonas chlororaphis* O6 und  $\beta$ -Proteobakterium *Variovorax boronicumulans* PHE5-4 wurden zu *Serratia*-Genen verwandte Gene gefunden (Abbildung 3). Die Gene aus *P. chlororaphis* und *V. boronicumulans* wurden kloniert, in *E. coli* heterolog exprimiert, isoliert und in Enzymassays eingesetzt. Die entsprechenden Produkte der Enzymassays wurden einer Gaschromatografie-Massenspektroskopie-(GCMS)-Analyse unterzogen. In den Chromatogrammen und Massenspektren wurden interessanterweise ähnliche, aber nicht identische Produkte wie bei der Sodorifen-Biosynthese entdeckt. Weitere Analysen – insbesondere durch NMR-Spektroskopie (Kern-Spin-Resonanz-Spektroskopie) – ermöglichten die Strukturauflösung der chemischen Verbindungen und damit konnte wiederum ein neuer Biosyntheseweg, der in *P. chlororaphis* und *V. boronicumulans* vorkommt, nachgewiesen werden.

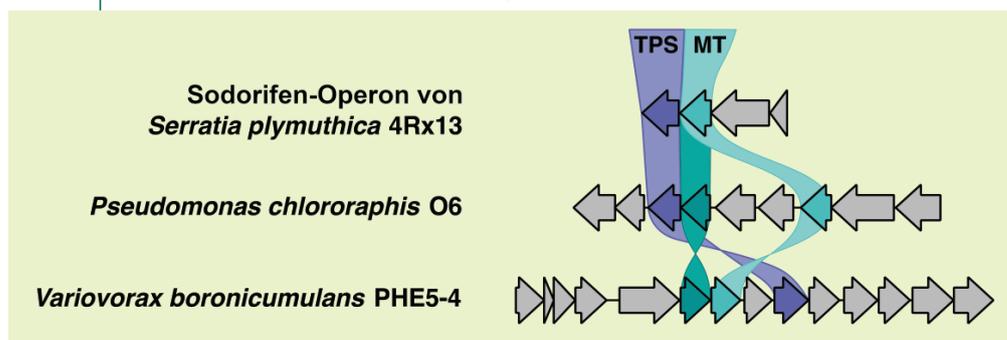
Das Endprodukt dieses neuen Weges wurde Chlororaphen genannt und ist der erste Nachweis für das natürliche Vorkommen von Brexan-Typ-bis-Homo-Sesquiterpenen (C<sub>17</sub>H<sub>28</sub>).

ABB. 2 | SODORIFEN-BIOSYNTHESE



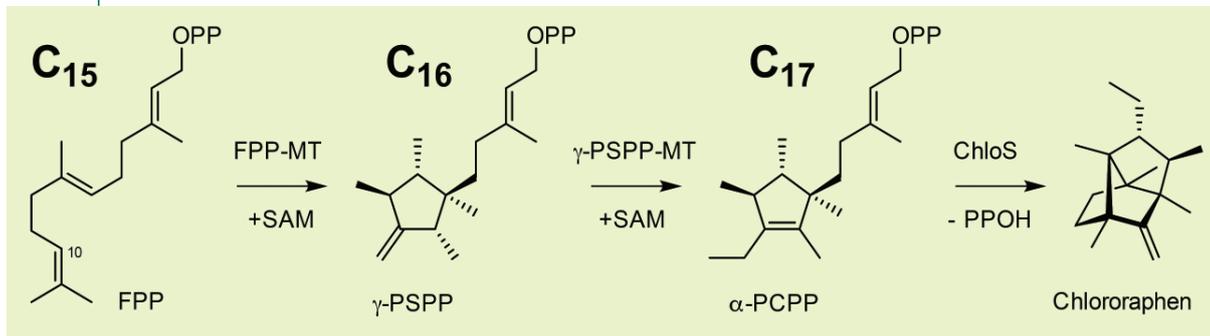
Sodorifen-Gencluster mit vier Genen in *Serratia plymuthica* 4Rx13; TC: Terpenzyklase, MT: FPP-Methyltransferase, DXS: Desoxyxylulose-Synthase, IDI: IPP-Isomerase (oben). Biosyntheseweg des Sodorifens. In Blau, Rot und Grün sind die Kohlenstoffatome der drei C<sub>5</sub>-Einheiten des FPP dargestellt, orange: Kohlenstoffatom der Methylierung am C<sub>10</sub> des FPP durch die FPP-Methyltransferase (unten). Die TC rearrangiert das zyklische C<sub>16</sub>-Intermediat zu einem bicyklischen Produkt. Abb. aus [8].

ABB. 3 | GENCLUSTER FÜR DIE HOMO-SESQUITERPEN-SYNTHESE



Vergleichende Anordnung der FPP-Methyltransferasen (MT) und Terpensynthasen (TPS) in den Genclustern von *Serratia plymuthica* 4Rx13, *Pseudomonas chlororaphis* O6 und *Variovorax boronicumulans* PHE5-4.

ABB. 4 | BIOSYNTHESE VON CHLORORAPHEN



Im Biosyntheseweg zum Chlororaphen, der in *Pseudomonas chlororaphis* O6 und *Variovorax boronicumulans* PHE5-4 realisiert ist, wird FPP zunächst am C<sub>10</sub> durch eine FPP-C-Methyltransferase methyliert und zyklisiert. Das C<sub>16</sub>-Intermediat (γ-Presodorifen-Pyrophosphat, γ-PSPP) wird danach nochmals methyliert zum C<sub>17</sub>-Intermediat (α-Prechlororaphen-Pyrophosphat, α-PCPP). Dieses C<sub>17</sub>-Intermediat wird durch die Chlororaphen-Terpensynthase (ChloS) zum finalen bis-Homo-Sesquiterpen Chlororaphen umgewandelt. Es ist der erste Nachweis einer natürlich vorkommenden Brexan-Verbindung. Abb. aus [16].

Die Summenformel deutet schon an, dass FPP zweimal zu einem C<sub>17</sub>-Molekül methyliert wird (Abbildung 4). Der erste Schritt der Biosynthese des Chlororaphens ist fast identisch mit der FPP-Methyltransferase-Reaktion zum C<sub>16</sub>-Presodorifen-Pyrophosphat der Sodorifen-Biosynthese. Anschließend erfolgt in *P. chlororaphis* und *V. boronicumulans* eine weitere Methylierung durch eine zweite Methyltransferase zum C<sub>17</sub>-Prechlororaphen. Diese zweite Methyltransferase katalysiert dabei eine klassische Methyltransferase-Reaktion, was zu einer Verlängerung der Seitenkette führt, aber keine weitere Zyklisierungsreaktion nach sich zieht. Damit unterscheiden sich beide an der Chlororaphen-Biosynthese beteiligten Methyltransferasen funktionell; sie sind auch distinkt in ihren Aminosäuresequenzen und nur entfernt miteinander verwandt.

### Ausblick

Die Terpen-Biosynthese bleibt spannend! Es kann derzeit nur spekuliert werden, ob es neben der vorgeschalteten Methylierung noch andere vorgeschaltete Modifikationsschritte der Prenylpyrophosphate gibt. Es wird auch interessant sein, die nicht-kanonischen Terpensynthasen systematisch zu untersuchen, z. B. wann sie entstanden sind und inwieweit sie sich von den klassischen Terpensynthasen ableiten lassen, oder ob sie eine neue Linie in der Evolution der Terpensynthasen darstellen, die sich auf die Verwendung sehr distinkter Substrate spezialisiert haben.

Da bisher erst eine geringe Anzahl von Bakterienspezies und -isolaten untersucht wurde, kann eine große Vielfalt an neuen Terpenverbindungen und Biosynthesewegvarianten vermutet werden, die im großen Reich der Bakterien auf der Erde (geschätzte 10<sup>12</sup> Bakterienspezies) vorkommen und in Zukunft systematisch isoliert und identifiziert werden könnten. Dies bietet mit Sicherheit Potenzial für die Entwicklung neuer Leitstrukturen für Medikamente und Antibiotika und die Entdeckung ungewöhnlicher katalytischer Reaktionen.

### Zusammenfassung

Die Sodorifen- und Chlororaphen-Biosynthese zeigen eindrucksvoll, dass sich in Bakterien ein weiterer Weg der Terpenbiosynthese etabliert hat, der zu neuen, bisher unbekanntem Naturprodukten führt. Für diese Biosynthesen sind vor allem die Eigenschaften zweier Enzyme, die der bifunktionellen SAM-abhängigen FPP-Methyltransferase mit zyklisierender Enzymaktivität und die einer Terpensynthase mit abweichender Substratazeptanz, als essentiell hervorzuheben. Es wurde somit eine von der C<sub>5</sub>-basierenden Isoprenregel abweichende Möglichkeit der Modifizierung der klassischen Prenylpyrophosphat-Substrate zu C<sub>16</sub>- oder C<sub>17</sub>-zyklisierten Substraten dokumentiert und führt damit zur Erweiterung oder Modifikation des 136 Jahre alten Isoprenogmas.

### Summary

#### *Irregular terpenes: A new biosynthetic pathway expands the terpene portfolio in bacteria*

The biosyntheses of sodorifen and chlororaphen demonstrate impressively that in bacteria an additional way of terpene biosynthesis was established which results in the production of new – so far unknown – natural terpene products. For these biosynthetic pathways, especially the properties of two specialized enzymes are responsible. This is on the one hand a bifunctional SAM-dependent FPP-methyltransferase with cyclase activity and on the other hand a terpene synthase with altered substrate specificity. Thus, it has been documented that – deviating from the C<sub>5</sub> unit-dependent isoprene rule – there is another possibility of modifying classical prenyl pyrophosphates to C<sub>16</sub> or C<sub>17</sub> cyclized substrates. Subsequently, the 136-year-old isoprene dogma has to be expanded or modified.

### Schlagworte:

*Serratia*, *Pseudomonas*, *Variovorax*, Methyltransferase, Terpensynthase, Sodorifen, Chlororaphen, bifunktionale Enzyme, Multiproduktenzyme, Zyklisierung

## GLOSSAR

**Bifunktionelle FFP-Methyltransferasen:** bifunktionelle Enzyme können zwei unterschiedliche Reaktionen katalysieren, hier: Methylierung und Zyklisierung.

**bis-Homo-Sesquiterpene:** siehe Sesquiterpene.

**Homo-Sesquiterpene:** siehe Sesquiterpene.

**Carbokation:** ein positiv-geladenes und besonders reaktives Kohlenstoffion ( $C^+$ ).

**Multiproduktenzyme:** können aus einem Substrat mehrere Produkte mit unterschiedlichen Strukturen simultan bilden.

**Prenylpyrophosphate:** z. B. Isopentenylpyrophosphat (IPP,  $C_5$ ), Dimethylallylpyrophosphat (DMAPP,  $C_5$ ), Geranylpyrophosphat (GPP,  $C_{10}$ ), Farnesylpyrophosphat (FPP,  $C_{15}$ ), Geranylgeranylpyrophosphat (GGPP,  $C_{20}$ ) und weitere um  $C_5$ -Einheiten verlängerte Moleküle.

**Presodorifen-Pyrophosphat:** das Produkt der FPP-Methyltransferase und damit das Substrat für die Sodorifen-Synthase.

**Sesquiterpene:** Verbindungen aus drei Isopreneinheiten. Sie werden aus Farnesylpyrophosphat (FPP) gebildet ( $C_{15}$ ). Homo- und bis-Homo-Sesquiterpene werden nachfolgend derivatisiert. Sodorifen und Chlororaphen sind entsprechende Beispiele.

## Literatur

- [1] D. W. Christianson (2017). Structural and chemical biology of terpenoid cyclases. *Chem Rev* 117, 11570–11648.
- [2] O. Wallach (1887). Zur Kenntnis der Terpene und ätherischen Oele. *Justus Liebig's Annalen der Chemie* 238, 78–89.
- [3] L. Ruzicka (1953). The isoprene rule and the biogenesis of terpenic compounds. *Experientia* 9, 357–367.
- [4] H. Lichtenthaler et al. (1997). Biosynthesis of isoprenoids in higher plant chloroplasts proceeds via a mevalonate-independent pathway. *FEBS Lett* 400, 271–274.
- [5] C. M. Wang, D. E. Cane (2008). Biochemistry and molecular genetics of the biosynthesis of the earthy odorant methylisoborneol in *Streptomyces coelicolor*. *J Am Chem Soc* 130, 8908–8909.
- [6] M. Komatsu et al. (2008). Identification and functional analysis of genes controlling biosynthesis of 2-methylisoborneol. *Proc Natl Acad Sci USA* 105, 7422–7427.
- [7] M. Köksal et al. (2012). Structure of geranyl diphosphate C-methyltransferase from *Streptomyces coelicolor* and implications for the mechanism of isoprenoid modification. *Biochemistry* 51, 3003–3010.
- [8] S. von Reuss et al. (2018). Sodorifen biosynthesis in the rhizobacterium *Serratia plymuthica* involves methylation and cyclization of MEP-derived farnesyl pyrophosphate by a SAM-dependent C-methyltransferase. *J Am Chem Soc* 140, 11855–11862.
- [9] L. Drummond et al. (2019). Expanding the isoprenoid building block repertoire with an IPP methyltransferase from *Streptomyces monomyctini*. *ACS Syn Biol* 8, 1303–1313.
- [10] M. C. Lemfack et al. (2021). Reaction mechanism of the farnesyl pyrophosphate C-methyltransferase towards the synthesis of pre-sodorifen pyrophosphate by *Serratia plymuthica* 4Rx13. *Sci Rep* 11, 3182.
- [11] B. Piechulla et al. (2021). A new family of methyltransferases provide non-canonical substrates for terpene synthases in bacteria. *FEMS Mic Rev*, fuab024.
- [12] J. D. Rudolf, C.-Y. Chang (2020). Terpene synthases in disguise: enzymology, structure, and opportunities of non-canonical terpene synthases. *Nat Prod Rep* 37, 425–463.
- [13] H. Xu et al. (2023) Fragmentation and (4+3) cycloaddition in sodorifen biosynthesis. *Nat Chem* 15, 1164–1171.
- [14] Y. T. Duan et al. (2024). Widespread biosynthesis of 16-carbon terpenoids in bacteria. *Nature chemical biology*, <https://doi.org/10.1038/s41589-023-01445-9>
- [15] T. Ozaki et al. (2018). Enzymatic formation of a skipped methyl-substituted octaprenyl side chain of Longestin (KS-505a): Involvement of homo-IPP as a common extender unit. *Ang Chem Int Ed Engl* 57, 6629–6632.
- [16] D. Domik et al. (2016). A terpene synthase is involved in the synthesis of the volatile organic compound sodorifen of *Serratia plymuthica* 4Rx13. *Front Microbiol* 7, 737.
- [17] N. Magnus et al. (2023). Non-canonical biosynthesis of a brexan-type bishomo-sesquiterpene chlororaphen through two consecutive methylation steps in *Pseudomonas chlororaphis* O6 and *Variovorax boronicumulans* PHE5–4. *Ang Chem Int Ed Engl*, e202303692.

## Verfasst von:



**Birgit Piechulla (Mitte)**, Jahrgang 1956, hat in Oldenburg und Göttingen Biologie studiert. Anschließend Promotion (1983) am MPI für experimentelle Medizin sowie an der Universität Göttingen und Postdoc (1984–1986) am Botany Dept., University of California, Berkeley, USA. Nach der Habilitation (1992) an der Universität Göttingen im Fach Biochemie C4-Professur für Biochemie an der Universität Rostock (1996–2022) und seitdem Seniorprofessur ebendort. Piechulla ist Co-Autorin des Lehrbuchs *Pflanzenbiochemie/Plant Biochemistry*.

**Nancy Schmidt (links)**, Jahrgang 1986, hat an der Universität Rostock Biologie studiert, dort 2018 promoviert und eine Postdoc-Zeit absolviert (2018–2023).

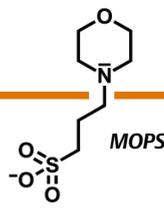
**Marie-Chantal Lemfack (rechts)**, Jahrgang 1980, hat an der Universität Dschang in Kamerun Biologie studiert, 2016 an der Universität Rostock promoviert und dort bis 2023 als Postdoc geforscht. Seit Januar 2023 Wissenschaftliche Mitarbeiterin bei Centogene, Rostock.



**Stephan von Reuss**, Jahrgang 1975, hat an der Universität Hamburg den Master of Science in Chemie erworben und dort 2009 promoviert. Anschließend Postdoc an der Cornell University, NY, USA (2009–2012) und am MPI Chemische Ökologie, Jena (2012–2016). Seit 2016 Professur an der Universität Neuchâtel, Schweiz.

### Korrespondenz:

Prof. em. Dr. Birgit Piechulla  
Institut für Biowissenschaften  
Universität Rostock  
Albert-Einstein-Str. 3  
18059 Rostock  
E-Mail. [birgit.piechulla@uni-rostock.de](mailto:birgit.piechulla@uni-rostock.de)



## LEHRBUCH

## Der fröhliche Biochemiker



„Um ein guter Metabolismus-Forscher oder eine gute Biochemikerin zu sein, muss man nicht unbedingt wissen, dass TIM (Triose-Phosphat-

Isomerase) die Isomerisierung von GAP und DHAP über einen En-Diol-Zwischenschritt katalysiert.“ Ein Glück, denn wie man weiter erfährt, „reicht es wohl zu wissen, dass GAP und DHAP in der Zelle quasi gleichwertig sind“.

Mit diesen zugleich netten, aber auch komplizierten Sätzen leitet der an der Universität von Birmingham (UK) tätige Biochemiker Jonathan Wolf Mueller das sechste Kapitel seiner nicht einmal 200 Seiten langen und als „Lehrbuch“ katalogisierten Einführung in das von ihm vertretene Fachgebiet der Lebenswissenschaften mit dem Titel „Endlich Biochemie verstehen“ ein. Mueller geht es an der erwähnten Stelle um „Die Renaissance des Stoffwechsels“. In diesem Zusammenhang hat der Autor den oben zitierten komplexen Sachverhalt gewählt, weil er darauf aufmerksam machen möchte, dass auch das Londoner U-Bahn-Netz mit all den erforderlichen Linienwechseln seine Verknüpfungsqualität aufweist. Trotz aller Mühen finden sich Menschen mit ihrem Stoffwechsel zurecht – sie müssen nur wissen, wohin sie fahren und welche Station sie erreichen wollen. Ähnlich pragmatisch können Studentinnen und Studenten mit den biochemischen Netzwerken und Zyklen in ihrem Körper klarkommen, wie Mueller immer wieder betont, wobei er aufmunternd verrät, dass es ihm selbst immer leichter gefallen ist, „über Glycolyse und Fermentation mit einem Bier in der Hand zu re-

den.“ Und er fügt für lernwillige Feinschmecker hinzu: „Zu Milchsäuregärung würde ich einen milden Käse mit Wein empfehlen und zur nachgelagerten Propionatgärung einen kräftigen Schweizer Emmentaler, vielleicht mit einem Obstbrand.“

Es ist offensichtlich, Mueller hat in einem fröhlichen Ton ein ungewöhnliches Lehrbuch zu einer kniffligen Disziplin verfasst, und der Autor scheut auch nicht davor zurück, die Entstehung grundlegender Zyklen des biologischen Stoffwechsels zwischenzeitlich als „Magie“ zu bezeichnen, was sogleich mit einem britischen Verkehrsschild illustriert wird, das auf einen *magic roundabout*, also einen magischen Kreisverkehr hinweist. Mueller erzählt vom Hopsen süßer Protonen, absurd hohen Energiebeträgen bei Phasenübergängen – etwa von Eiswürfeln im Gin Tonic –, von zickigen Molekülen oder komischen Kräften in der Biochemie. So können Studierende zwischen den oftmals mit umständlichen Namen versehenen Reaktionen in den doch ziemlich verschachtelten Lehrbüchern aufatmen und lesend das Gefühl bekommen, dass das Buch hält, was der Titel verspricht. Sie können und wollen mit Hilfe des Autors „Endlich Biochemie verstehen“, wobei der Rezensent – dies nebenbei – froh ist, zu alt für eine anschließende Überprüfung seines beim flotten Lesen erworbenen Wissens zu sein. Manche Einsichten bietet der Autor auf „Bierdeckeln“ an, um sie schmackhafter zu machen – etwa die Berechnung der Menge an DNA in einer Portion Currywurst –, und in eigens eingestreuten Exkursen kommt auch der Blick in die Geschichte der Wissenschaft an die Reihe. Wer sich in ihr auskennt, wird wissen, dass die historische Entwicklung der Biochemie ihre eigenen Tücken hat, die sich etwa zeigen, wenn es um die Entschlüsselung des genetischen Codes geht. Mueller versucht sich bravourös an dem vertrackten Stoff, allerdings bleibt zu hoffen, dass er auf die eine

oder andere lustige oder auch traurige Begebenheit in der biochemischen Geschichte in einer nächsten Version detaillierter eingehen wird.

Mueller gibt am Ende seines Buches eine Antwort auf die Frage: „Wie sollte man ein Paper schreiben, damit es möglichst allgemeinverständlich ist und viel gelesen wird?“. Mueller meint natürlich Arbeiten in der Biochemie, die es immer schwer hatte, ihren Platz zwischen dem der Physik und dem der Biologie erst zu finden und dann zu behaupten. Als Erwin Schrödinger, der Nobelpreisträger für Physik, sein weltberühmtes Buch zum Thema „Was ist Leben?“ vorlegte, hat er die Chemie – also die Biochemie – einfach ausgelassen und übersprungen. Er wollte durch diesen Trick vermeiden, sich lächerlich zu machen. Schrödinger hätte „Endlich Biochemie verstehen“ gut gebrauchen können. Vielleicht würden wir heute weniger über Schrödingers Katze und mehr über seinen Mops sprechen. Mops – so heißt einer der Puffer, ohne den es – Mueller zufolge – die moderne Molekularbiologie nicht geben würde und der deshalb mehr Aufmerksamkeit verdient hat, auch wenn sich hinter der hübschen Abkürzung ein schwieriger Name verbirgt, nämlich (3-[N-Morpholino]-Propan-Sulfonsäure. Hätte Loriot ihn gehört, wäre ihm erst ein „Ach!“ entschlüpft, bevor er sich hätte überzeugen lassen: Ein Leben im Laboratorium ohne Mops ist möglich, aber eher sinnlos.

*Ernst Peter Fischer, Heidelberg*

**Endlich Biochemie verstehen.**  
Jonathan Wolf Mueller, Springer Spektrum, Heidelberg, 2023,  
175 S., 24,99 Euro,  
ASIN B0C367TQDM.

## DOKUMENTARFILM

## Mit Scheiße die Welt retten



Wissenschaftliche Forschung kann und darf auch schon mal „anrühige“ Themen betreffen, hier die menschlichen Fäkalien, deren Entsorgungs- und Nutzungsmöglichkeiten Rubèn Abruña in „Holy Shit“ anschaulich und unterhaltsam dokumentiert. Als motivierend-drastisch erscheinender Einstieg führt der Filmemacher die Zuschauer in einem munter geführten Expertengespräch in die „Welt des Ekels“ ein. Hier wird dann auch gleich die „Leitfigur“ des Films (bereits als Emoji populär) vorgestellt, ein „Kackhaufen“ angerichtet wie ein Schokotörtchen.

Viele von uns sind sich vermutlich des Fäkalienproblems nicht wirklich bewusst, aber die Natur „hat ein Gedächtnis für nicht zersetzbare Rückstände“. Dieses im Vergleich zu tierischen Ausscheidungen (Gülle, Dung) bislang stiefmütterlich behandelte Thema lernen wir auf einer Reise durch verschiedene Länder in Europa, den USA, Asien und Afrika kennen, in denen es erprobte zukunftssträchtige Konzepte zur Behandlung von menschlichen Fäkalien gibt. Dabei kommen die Protagonisten in den überwiegend englischsprachigen Kommentaren mit deutschen Untertiteln selbst zu Wort, stellen die von ihnen entwickelte bzw. praktizierte Methode mit ihrem Für und Wider vor. Schwerpunkte sind dabei eine „Ökomaschine“ mit Rückführungspotenzial der Fäkalien-Abbaustoffe in den natürlichen Stoffkreislauf sowie verschiedene Formen von Kompost- und Trockentoiletten, auch verknüpft mit der Herstellung von Recyclingdünger und Regenwürmern als Kompostierer. Man

muss schon aufmerksam zuschauen, genauer gesagt mitlesen, um alles zu verstehen. Zum guten Verständnis tragen jedoch die Kommentare des Schauspielers Christoph Maria Herbst bei. Diese Reise durch die „Welt des Fäkalienrecyclings“ lohnt sich, zumal sie so gegliedert ist, dass man wie bei einer gut organisierten (Welt-) Reise die einzelnen Orte plus Lösungsvorschlag für das Entsorgungsproblem kennenlernt.

Der Film klärt auf. Er polarisiert nicht in die übliche Richtung der von uns verursachten Umweltschäden, sondern zeigt gangbare Perspektiven zur Nutzung menschlicher Fäkalien auf, letztendlich vor dem Fernziel, damit als Düngemittel etwas gegen den Hunger auf der Welt zu bewirken.

*Christiane Högermann, Osnabrück*

### Holy Shit.

Dokumentarfilm von Rubèn Abruña, ThurnFilm, Deutschland 2023, Farbfilm Verleih, FSK: o. A., 90 Min., <https://holys-hit-derfilm.de>, Begleitend zum Film sind ein Buch (<https://holys-hit-dasbuch.de>) sowie pädagogisches Material erhältlich (<https://film-kultur.de/film-heft-zu-holys-hit/>).

## NATURFORSCHUNG

### Ein Leitbild für den deutschen Staat

Als ich dem Großvater meiner Frauen jüngst erschienenen Band „Ernst Haeckel in der DDR“ zum 90. Geburtstag zusandte, erinnerte er sich: „Im Jahre 1952 habe ich an einem Ausflug meines damaligen Arbeitskollektivs (Forschungs- und Entwicklungs-Abteilung im Hydrierwerk Zeitz) nach Jena teilnehmen können und wir haben damals u. a. das Ernst-Häckel-Museum [sic] besucht [...]“. Für mich ist es schon sehr interessant, was aus Fossilien, Knochenresten oder auch Versteinerungen alles herauszulesen ist.“

Meine eigene DDR-Zeit währte nur wenige Jahre, aber vom Haeckel-schen Geist angezogen, studierte ich später in Jena Biologie. Wir pilgerten als Studenten regelmäßig mit Fangnetzen bewaffnet zum Haeckel-Gedenkstein, der 1969 am 50. Todestag des großen Biologen von den Natur- und Heimatfreunden, der Friedrich-Schiller-Universität und dem Rat der Stadt Jena – mit herrlichem Ausblick auf das Ammer- und Mittlere Saaletal – errichtet wurde.

Das 236 Seiten starke, reich illustrierte und dem Preis angemessene Buch der Jenenser Wissenschaftshistoriker Karl Porges und Uwe Hoßfeld über die Haeckel-Rezeption in der DDR erschien im Juli 2023 im Arnstädter THK-Verlag. Gregor Gysi schrieb das Vorwort. Das Buch ist ein Muss für jeden, der ein Verständnis darüber gewinnen möchte, wie man Ernst Haeckel lesen kann, um den eigenen Geist zu erbauen und zu entwickeln.

Das war auch eines der Anliegen der sich stets wandelnden Bildungspolitik in der DDR, die meist Ernst Haeckels Schaffen als großen Naturforscher in den Vordergrund stellte. Ja, man nannte sogar zwei große, international agierende Forschungsschiffe nach dem bedeutenden Biologen und konnte zu Hause ein Schiffsmodell im Maßstab 1:100 nachbauen ... (Die Bauanleitung liegt dem Buche bei.)

Aber in der DDR wurde Ernst Haeckel freilich – wie davor und auch danach immer wieder – politisch instrumentalisiert. So lieferte sein materialistisches und religionskritisches Lebenskonzept, wie v. a. in seinen »Weltrathseln« (1899) dargelegt, „identitätsstiftende Anknüpfungspunkte für die zu realisierende Idee eines sozialistischen Staates“ (S. 110), wie Porges und Hoßfeld diskutieren. Haeckel hätte den Materialismus aber nicht zu Ende gedacht, da er zeitlebens in Bezug auf die Gesellschaft in einer idealistischen Position verharrte, so ein im Buch zitierter Journalist im Jahr 1958. Der „real existierende Sozialismus“ der DDR war Veränderungen



unterworfen, so auch Haeckels politische Vereinnahmung in dieser Zeit, wie im Buch nachvollziehbar dargelegt ist.

Immerhin: Auch das hohe Bildungsideal der DDR konnte anhand der Figur Ernst Haeckels propagiert werden. Die Autoren verweisen anhand einzigartiger, teils skurriler Quellen auf die Haeckel-Rezeption in den Lehrplänen der Oberstufe und in den Tageszeitungen und stellen die Bezugnahme auf den großen Biologen durch öffentliche Veranstaltungen und gestiftete Preise dar. Zahlreiche in der DDR erschienene Bücher über Haeckel werden besprochen und bieten einen wertvollen Überblick über 40 Jahre Haeckel-Forschung. Sowohl das Haeckel-Haus als auch das 1907 gegründete Phyletische Museum in Jena waren frequentierte Bildungsorte der ganzen Nation.

Besondere Beachtung und verdiente Verehrung findet im Buch der langjährige Leiter des Haeckel-Hauses Georg Uschmann (1913–1986), der durch ein sachliches Quellenstudium Haeckel in dessen ganzer Vielfalt darzustellen wusste, sich der politischen Vereinnahmung weitestgehend entzog und für ein großes internationales Ansehen der Jenenser Haeckel-Forschung sorgte.

Die Autoren Porges und Hoßfeld halten sich vorsichtig zurück zu diskutieren, was wir aus der politischen Vereinnahmung Haeckels durch das DDR-Regime ‚alles lernen könnten‘. Es geziemt einem Wissenschaftler auch nicht, politische Stellung zu beziehen. Aber den Bildungsauftrag wahrgenommen zu haben, den großen Naturforscher Ernst Haeckel zum Anlaufpunkt nationalen Gedenkens und Verehrens zu machen, mag in unseren Tagen so manchen zum Nachdenken anregen.

Etwas irritiert der umfangreiche Anhang des Buches mit Manuskripten zu nie realisierten DEFA-Filmen über Ernst Haeckel. Sie werden im Buch kaum diskutiert, dürften wohl aber als dringender Aufruf verstanden werden, zeitnah und endlich

einmal einen didaktisch anspruchsvollen Hollywood-Streifen zu verwirklichen. Doch wer soll da den ‚Mann mit dem Schöpferhut‘ – notfalls mit Augenklappe – spielen?

Als ‚deutscher Darwin‘ gefeiert oder bekämpft (und wie ich meine: verkannt!), war Haeckel ein begnadeter Wissenschaftler, Forschungsreisender, Künstler, Philosoph, aber auch ‚Gegenpapst‘, Pazifist, Rassentheoretiker und Nationalist. Sämtliche Schwierigkeiten, die mit der Person des späten Haeckels und mit einigen seiner Werke und Theorien verbunden sind, dürfen natürlich nicht abgetan oder verschwiegen werden. Die Arbeitsgruppe um Uwe Hoßfeld hat sich über viele Jahre hinweg wertvolle Verdienste darin erworben, die jeweiligen Fragestellungen ausgewogen und mit Bezug zum damaligen Zeitgeist zu kontextualisieren.

Nicht die Einseitigkeit, sondern erst die Ambivalenz macht einen großen Geist aus. Und ich meine hier auch vor allem die schöpferische Ambivalenz, denn es lohnt die Lektüre der ‚Generellen Morphologie‘ (1866) genauso wie ein Sinnen über den ‚Kunstformen der Natur‘ (1904). So kann uns Haeckel (frei nach Madewar 1957) noch immer als großes Vorbild dienen, auch wenn sein Porträt beizeiten kopfüber hängt.

*Ingmar Werneburg, Senckenberg  
und Universität Tübingen*

### Ernst Haeckel in der DDR.

Karl Porges, Uwe Hoßfeld,  
THK-Verlag, Arnstadt, 2023,  
236 S., 29,90 Euro, ISBN: 978-3-  
945068-73-1.

## NATURSCHUTZ

### Basiswissen für Naturschützer

Tier- und Artenschutz kann bereits im eigenen Garten erfolgen, indem man Vögeln und anderen Tieren wie

Fledermäusen zu adäquaten Brut- oder Rastplätzen verhilft. Diesem Zweck dient der vorliegende Ratgeber. Klaus Richarz ist ausgewiesener Vogelkenner und Naturschützer, der seit über 40 Jahren die Staatliche Vogelschutzwarte für Hessen, Rheinland-Pfalz und Saarland geleitet hat. Zusammen mit dem Agraringenieur Martin Hormann hat Richarz seinen erfolgreichen Praxisführer über Nisthilfen neu bearbeitet.

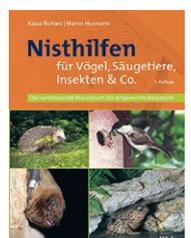
Zunächst geht es um die klassischen Höhlenbrüter wie Gartenrotschwanz oder Kohlmeise, die Kunsthöhlen gerne annehmen. Diese Arten werden in informativen Steckbriefen vorgestellt, die durch wertvolle Praxistipps ergänzt werden. Eine Besonderheit dieses Ratgebers besteht darin, dass auch andere Vogelarten behandelt werden, die zwar nicht im heimischen Garten leben, denen man aber durch Nisthilfen helfen kann. Hier sind Turm- und Wanderfalke, Weiß- und Schwarzstorch, Eulen, Mauersegler, Flussregenpfeifer und Seeschwalben zu nennen.

Im zweiten Teil des Buches geht es um Fledermäuse, Siebenschläfer, Gartenschläfer, Haselmaus und Spitzmäuse, denen man mit Nistkästen helfen kann. Unterstützende Maßnahmen gibt es auch für Reptilien, Amphibien, Wildbienen, Hummeln und Hornissen. Das Buch ist sachkundig geschrieben, gut gegliedert und durch viele informative Fotos illustriert. Richarz und Hormann haben mit diesem gut lesbaren und kompetenten Praxisführer eine wichtige Einführung zum Einsatz von Nisthilfen für Vögel, Säugetiere, Kriechtiere, Lurche und Insekten publiziert, der man weite Verbreitung wünschen kann. Dieses Buch sollte im Bücherschrank keines Naturschützers und Naturfreunds fehlen.

*Michael Wink, Heidelberg*

### Nisthilfen für Vögel und andere heimische Tiere.

Klaus Richarz, Martin Hormann,  
Aula-Verlag, Wiebelsheim, 2023, 378  
S., 29,95 Euro,  
ISBN 978-3-89104-852-8.



## MIKROBEN VERSTEHEN

## Mikroben leben in einer anderen Welt – Hyperthermophile jenseits von 100 °C

*Mikroben, die in extremen Standorten mit einem Überangebot gelöster Ionen und Stoffe ( $H^+$ ,  $OH^-$ , Salze, Toxine u. a.) leben, können deren Einflüsse teilweise durch selektiven Im- und Export, Stoffwechselstrategien und Anpassungen kompensieren. Ein rein physikalischer Faktor wie die Umgebungstemperatur wirkt aber unabwendbar auf alle Bestandteile der Mikroorganismen. Die Eigenschaften hitzestabiler Makromoleküle (Proteine, Lipide und Membranen, DNA) hyperthermophiler Mikroben sind nach wie vor ein Forschungsfeld von besonderem biologischen Interesse.*

Die ersten Mikroben entstanden und lebten wahrscheinlich in einer heißen archaischen Umwelt in hydrothermalen Systemen; dafür gibt es Hinweise aus unterschiedlichen Disziplinen [1, 2]. Demnach waren die Zellen und ihre Biomoleküle schon zu Beginn an höhere Temperaturen angepasst. Die Zusammensetzung und Strukturen von Proteinen, Lipiden, Membranen und Polynukleotiden haben sich später so

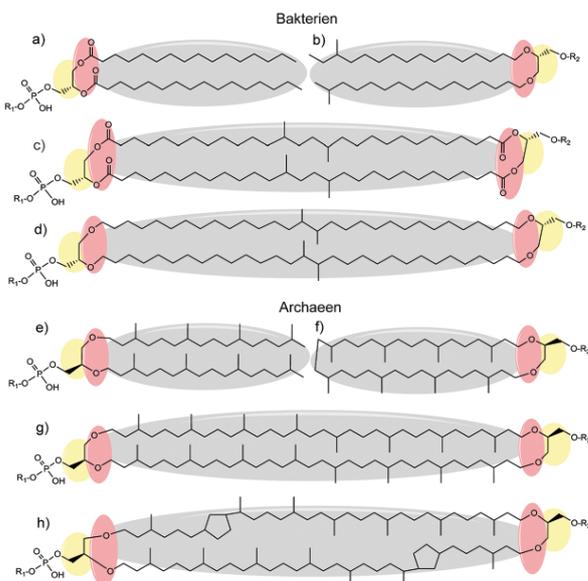
verändert, dass sie auch bei niedrigeren Temperaturen ihre Funktion erfüllen. Heute betrachten wir die Anpassung oft aus umgekehrter Richtung: Wie müssen Makromoleküle gestaltet sein, damit sie aus unserer Sicht extremen Bedingungen standhalten können und funktionsfähig bleiben? Seit der Entdeckung hyperthermophiler Mikroben – vor allem Archaeen, die bei über 100 °C leben und von denen manche bis zu 130 °C überleben [3] – untersucht man die hitzeresistenten Zellen und ihre Strukturen. Einige Einblicke in die Eigenschaften wesentlicher Zellkomponenten sind hier aufgeführt.

### Lipide und Membranen

Alle Zellen grenzen sich mit Lipidmembranen von der Umwelt ab und kontrollieren den Stoffaustausch über sie. Es ist seit langem bekannt, dass meso- und thermophile Mikroben unterschiedliche Lipidzusammensetzungen aufweisen und Archaeen in der Regel andere Membranlipide besitzen als Bakterien. Letztere koppeln meist Fettsäuren durch Esterbindung an die hydrophilen Kopfgruppen (Phospholipide); bei Archaeen liegen durch Etherbindung verknüpfte hydrophobe Isoprenoidmoleküle (Phytanylalkohole) mit mehreren Methyl-Seitenketten vor (Abbildung 1) [4, 5]. Etherbrücken sind schwerer zu hydrolysieren als Esterbindungen und thermostabiler. Je

wärmer die Umgebung ist, desto flüdr (labiler und durchlässiger) werden Membranen. Dem begegnen Bakterien durch Lipide mit längeren und gesättigten Fettsäuren, Thermophile mit verzweigten Ketten auch in Etherbindung und manche Arten durch kovalent verknüpfte Tetraester- oder Tetraether-Lipidpaare (Abbildung 1). Hyperthermophile Archaeen enthalten ohnehin meist kovalent verknüpfte Phytanylreste (Tetraetherlipide) in anpassbarem Verhältnis zu Dietherlipiden. Sie durchspannen die Membran und können sich nicht mehr gegeneinander verschieben; die Membran wird zum Monolayer und rigider. Eine weitere Steigerung der Temperaturtoleranz bewirkt die Bildung von Pentacyclen in den Phytanylketten (Abbildung 1). Deren Anteil fällt umso größer aus, je heißer die Umgebung ist. Die Membran behält dadurch offenbar ihr isolierendes Gefüge und bleibt auch bei über 100 °C dicht [4, 5]. Diese strukturellen Varianten charakterisieren eine generelle Strategie. Es zeichnet sich jedoch ab, dass Bakterien die Grenze von etwa 100 °C nicht überwinden können [5]. Ob die Membranzusammensetzung oder andere Faktoren eine Barriere für Bakterien bilden, ist nicht abschließend klar.

Die Stabilität der Zellmembran hängt nicht ausschließlich von der Art der Lipide ab: Sie wird auch durch den Einfluss der Zellwand mitbestimmt. Bei Bakterien schreibt man die generelle Membran- und Zellintegrität weitgehend der kovalent vernetzten Peptidoglycanhülle zu, wobei eine äußere Membran, eine Proteinschicht (S-Layer) und auch Polysaccharide aufgelagert sein können und einen Beitrag liefern [6, 7]. Dagegen fehlt fast allen Archaeen eine Peptidoglycanhülle. Sie besitzen dafür einen in der Membran verankerten, glycosilieren S-Layer als meist einzige Zellwandkomponente [6]. Wie diese die Membran zu stabilisieren vermag, ist eine eigene Betrachtung wert.



**ABB. 1** Typische Lipidvarianten aus Bakterien und Archaeen. Strukturelle Unterteilung in Fettsäureketten bei Bakterien und Isoprenoidketten bei Archaeen (grau), Esterbindungen bei a–c) und Etherbindungen bei d–h) (rot), funktionelle Bindung an Glycerin-3-Phosphat in Bakterien und an Glycerin-1-Phosphat in Archaeen (gelb) mit  $R_1$ : Phosphat-Kopfgruppen oder  $R_2$ : Hexosen. Illustration aus [5], verändert gemäß <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>.

## DNA

Neben der Integrität der Zelle muss auch die des Genoms erhalten bleiben. Bekanntermaßen steigt mit höherem GC-Gehalt der DNA ihre Schmelztemperatur; allerdings ist sie nicht mit der Wachstumstemperatur der Mikroben korreliert. Für die RNA scheint es aber einen solchen Zusammenhang zu geben [4]. Die DNA ist durch eine Reihe anderer Mechanismen geschützt wie durch hohe Konzentrationen von Kationen oder kleinen organischen Molekülen (*compatible solutes*), die Bindung von Polyaminen (Cadaverin u. a.) und histonähnlichen Proteinen.

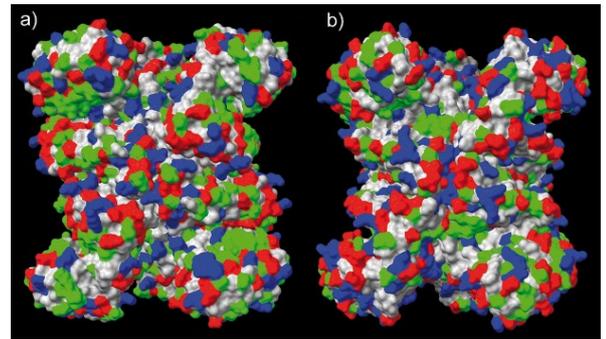
Die DNA aller mesophilen Mikroben weist gegenüber der normalen helikalen Struktur einen zusätzlichen negativen Twist (*supercoiling*) auf. Das Enzym Gyrase entwindet die DNA etwas und ermöglicht so ein leichteres Öffnen des Doppelstrangs etwa zur Transkription. Generell negatives *supercoiling* wäre bei hohen Temperaturen allerdings nachteilig. Hyperthermophile enthalten jedoch eine entspannte oder mit positivem Twist gewundene DNA, wodurch ihre Struktur thermoresistenter wird. Dies bewirkt die Reverse Gyrase, ein typisches Enzym hyperthermophiler Mikroben [8]. Jegliche Stabilisierung kann aber nicht verhindern, dass Schäden wie etwa Strangbrüche durch Hitze oder andere energetische Einwirkungen auftreten. Thermophile (und nicht nur diese) verfügen deshalb über effiziente enzymatische Reparatursysteme, die DNA-Läsionen beheben. So unterscheiden sich die Mutationsraten Hyperthermophiler kaum von Mikroben in gemäßigten Ökosystemen [9].

## Proteine

Auch die Thermostabilität der Proteine ist nicht auf ein einzelnes auffälliges Merkmal zurückzuführen. Sequenz- und Strukturvergleiche zeigen, dass thermoresistente Proteine weniger hitzelabile Aminosäuren aufweisen, dafür aber etwas mehr aromatische sowie geladene (Aspar-

at, Glutamat, Arginin, Lysin). Letztere bilden auf der Moleküloberfläche Ionenpaare und ein Netzwerk von Salzbrücken, deren elektrostatische Wechselwirkungen dem Makromolekül zusätzlich thermische Rigidität verleihen (Abbildung 2). Dies wird durch hydrophobe Interaktionen im Molekülinnen und die Verringerung repulsiver Ionenkontakte begleitet [10, 11]. Außerdem sind die Proteinoberflächen oft kompakter, ohne flexible Sequenzabschnitte, die in das Medium ragen. Dadurch verringert sich die thermische Beweglichkeit der Struktur. Das hat Konsequenzen für die Gestaltung des aktiven Zentrums. Die zur Bindung von Substraten notwendige Flexibilität beteiligter Sequenzbereiche ist nicht so ausgeprägt wie es bei mesophilen Enzymen der Fall ist [11]. Thermophile Enzyme bleiben deshalb bei niedrigeren Temperaturen reaktions-träger oder völlig inaktiv (und die Mikroben wachsen nicht mehr). Mitunter trägt die Anlagerung eines Substratmoleküls zur strukturellen Fixierung des aktiven Zentrums und zur Erhaltung einer funktionellen Konformation bei – ebenso wie die unspezifische Anlagerung von Ionen und kleinen organischen Molekülen. Thermostabile Enzyme gewinnen auch durch ihren Gehalt an Sekundärstrukturen ( $\alpha$ -Helix und  $\beta$ -Faltblatt) zusätzliche Stabilität und bilden kompakte oligomere Komplexe [11].

Es wird deutlich, dass Leben bei hohen Temperaturen umfangreiche Anforderungen an makromolekulare Strukturen stellt, die hier nur in Kürze und keineswegs vollständig erwähnt sind. Manche Eigenschaften gegenüber mesophilen Organismen äußern sich eher geringfügig, aber wirkungsvoll (Aminosäuremuster). Andere Charakteristika fallen deutlicher aus (Lipidstrukturen). Viele Effekte werden jedoch auch durch Beteiligung weiterer Komponenten hervorgerufen (zelluläres Ionenmilieu und Molekülausstattung), deren Zusammenspiel man selten vollständig durchblickt oder bislang nur



**ABB. 2** Oberflächendarstellungen der strukturähnlichen Glutamat-Dehydrogenasen des a) Bakteriums *Clostridium symbiosum* (Wachstumsoptimum 30–37 °C) mit Strukturdaten aus der Protein-Data-Bank (PDB 1hrd) und b) des Archaeons *Pyrococcus furiosus* (100 °C) (PDB 1gtm). Negativ und positiv geladene Aminosäuren sind rot und blau eingefärbt, polare grün und unpolare hellgrau. Das thermophile Enzym von *P. furiosus* zeigt eine etwas dichtere Ladungsverteilung und enthält mehr Salzbrücken auf der Oberfläche [12].

erahnt. Faszinierend bleibt immer noch die Frage, aufgrund welcher Faktoren genau manche Archaeen höhere Temperaturen aushalten als hyperthermophile Bakterien.

## Literatur

- [1] M. S. Dodd et al. (2017). Nature 543, 60–64, <https://doi.org/10.1038/nature21377>
- [2] U. C. Schreiber (2019). Das Geheimnis um die erste Zelle. Springer-Verlag Deutschland.
- [3] H. Engelhardt (2024.) Biologie in unserer Zeit 54 (1), 89–91.
- [4] R. M. Daniel, D. A. Cowan (2000). Cell. Mol. Life Sci. 57, 250–264.
- [5] M. F. Siliakus et al. (2017). Extremophiles 21, 651–670, <https://doi.org/10.1007/s00792-017-0939-x>
- [6] H. Engelhardt (2007). J. Struct. Biol. 160, 115–124, <https://doi.org/10.1016/j.jsb.2007.08.003>
- [7] J. Sun (2022). Nat. Rev. Microbiol. 20, 236–248, <https://doi.org/10.1038/s41579-021-00638-0>
- [8] P. López-García (1999). J. Mol. Evol. 49, 439–452.
- [9] Y. Ishino, I. Narumi (2015). Curr. Opin. Microbiol. 25, 103–112, <https://doi.org/10.1016/j.mib.2015.05.010>
- [10] A. Karshikoff, R. Ladenstein (2001). Trends Biochem. Sci. 26, 550–556.
- [11] L. D. Unsworth et al. (2007). FEBS J. 274, 4044–4056, <https://doi.org/10.1111/j.1742-4658.2007.05954.x>
- [12] K. S. P. Yip et al. (1995). Structure 3, 1147–1158.

Harald Engelhardt, Martinsried

## PARTNER DES MENSCHEN

## Das Hauskaninchen: Pelzlieferant und Streicheltherapeut

*Zunächst war es zwar nur schmackhaftes Wildbret und lieferte einen schönen Pelz, aber gerade das flauschige Fell machte das Kaninchen besonders beliebt. So avancierte das flinke Langohr bald zum Streicheltier, für das sich nicht nur Kinder begeistern. In der pharmazeutischen Industrie haben die Tiere vielfach als sprichwörtliches Versuchskaninchen gedient. Seit vielen Jahren erkennt der Mensch aber auch den therapeutischen Nutzen der süßen Pelztierchen.*



**ABB. 1 Wildkaninchen sind insgesamt zierlicher als Hasen.** Foto: J. J. Harrison.

Ja, das Kaninchen ist vielfach vom Menschen ausgebeutet worden: zum einen als Fleisch- und Pelzlieferant, zum anderen als „Testgewebe“ für neue Medikamente oder Kosmetika. Daneben helfen die hasenartigen Tiere dem Menschen aber auch als Streicheltier bei Gemütskrankheiten oder finden einfach einen Platz als knuddeliges Familienmitglied.

Die Bezeichnung Kaninchen umfasst viele verschiedene Gattungen aus der Ordnung der Hasenartigen (Lagomorpha), stellt selber aber keine systematische Gruppe dar. Die Urform ist das Wildkaninchen (*Oryctolagus cuniculus*, Abbildung 1), das ursprünglich auf der iberischen Halbinsel, Südfrankreich und Marokko vorkam und vom Menschen vielerorts ausgewildert wurde. Im Vergleich zum Feldhasen (*Lepus europaeus*) sind Ohren, Hinterläufe sowie Schwanz des Wildkaninchens kürzer und der Körper insgesamt



**ABB. 2 Kaninchenschädel mit den für Hasenartige typischen Stützähnen (Pfeil) hinter den Nagezähnen.** Foto: P. Eitner.

kleiner. Ein weiterer Unterschied ist die Lebensweise: Wildkaninchen graben unterirdische Gangsysteme, die sie mit Sippen von einem Dutzend Tieren bewohnen. Dementsprechend zeigen Wildkaninchen ein ausgeprägtes Sozialverhalten: Wie in anderen Rudeln üblich, wird eine Rangordnung ausgekämpft.

Außerdem warnen sich Wildkaninchen vor Gefahren durch Trommeln mit den Hinterläufen. Im Gegensatz zum Hasennachwuchs sind Kaninchenkinder Nesthocker und kommen nackt und blind zur Welt – dafür sind sie in ihrer unterirdischen „Setzröhre“ auch gut geschützt. Sobald die Jungtiere entwöhnt sind, ernähren sie sich von Gräsern, Blättern und Kräutern und besitzen hinter den deutlich sichtbaren Nagezähnen die für alle Hasenartigen typischen Stützähne (Abbildung 2). Der Dünndarm ist mit über drei Metern fast so lang wie der des Menschen und mit seiner großen Oberfläche besonders gut für die Verdauung von Pflanzennahrung geeignet. Die faserreiche Nahrung wird vor allem im großen Blinddarm aufgeschlossen, in dem Darmbakterien Cellulose-spaltende Enzyme bereitstellen, die der Wirt nicht selber herstellen kann. Wildkaninchen haben viele Feinde wie Greifvögel, Raubkatzen, Marder oder Füchse. Deshalb begegnen sie dem Räuberdruck mit einer hohen Vermehrungsrate. Die Weibchen werfen 4–6-mal im Jahr 4–6 Jungtiere, von denen nur ein geringer Bruchteil bis zu zehn Jahre alt wird.

### Von Spanien in die neue Welt

Die Geschichte der Kaninchen beginnt auf der iberischen Halbinsel,



**ABB. 3 Seit Kaninchen in Australien eingeführt wurden, haben sie sich übermäßig vermehrt und verdrängen einheimische Beuteltiere.** Foto: Liz Poon.



**ABB. 4** Der *rabbit-proof fence* von 1904 soll heutzutage die Ausbreitung von Kaninchen, Dingos, Füchsen und Emus in Australien verhindern. Foto: redd.it.

wo die Tiere so häufig gewesen sein mussten, dass sie schon den Phöniziern als charakteristische Art aufgefallen waren. Sie erinnerten die Händler an kleine Säuger (*Procavia capensis*), die in Afrika heimisch waren, aber nicht so lange Ohren und Hinterläufe hatten. So wurde die iberische Halbinsel zum „Land der Schliefer“, was nach Übersetzung ins Lateinische zu „Hispania“ wurde. Wer hätte gedacht, dass die spanische Nation ihren Namen den Langohren schuldet?

Während Kaninchen im Mittelalter in vielen Ländern Europas als Haustier und Fleischlieferant geschätzt wurden, gelangten sie erst mit spanischen und portugiesischen Seefahrern nach Übersee. Viele Tiere wurden in Südamerika, Australien, Neuseeland und vielen pazifischen Inseln ausgesetzt, wo sie sich meist schnell in freier Wildbahn etablieren konnten. Da dort viele ihrer natürlichen Feinde nicht mehr vorhanden waren, entwickelten sie sich mancherorts aufgrund ihrer immensen Fruchtbarkeit schnell zu einer Plage. Gerade in Australien, wo die trockenen, sandigen Böden den Kaninchen optimale Lebensbedingungen bieten (Abbildung 3), sah sich die australische Regierung zu einer drastischen Maßnahme

gezwungen: dem *rabbit-proof fence* – einem Zaun, der den westlichen Teil des Kontinents über 1.837 Kilometer von Norden nach Süden teilt, und eine Invasion durch die kleinen Pelztierchen aus dem Osten verhindern sollte (Abbildung 4). Die Bauarbeiten dauerten nur zwei Jahre. Aber schon ein Jahr später hatten die Kaninchen dieses Hindernis überwunden, so dass in Windeseile ein zweiter Zaun erbaut werden musste. Auch dies hielt die Invasion nicht auf.

### Produkttester und Gemütsheifer

Als sprichwörtliches Versuchskaninchen haben die Hasenartigen eine leidvolle Nutzung durch den Menschen erfahren. Aufgrund ihrer hohen Reproduktionsrate und der einfachen Haltung eignen sich diese Säuger für viele Bedürfnisse der pharmazeutischen und kosmetischen Industrie. Kaninchen trugen schon unter Louis Pasteur zur Entwicklung eines Impfstoffes gegen die tödliche Tollwut bei, und auch die Bedeutung des Insulins bei der Behandlung der Zuckerkrankheit wurde mithilfe von Kaninchen erforscht. So verdanken wir Menschen einige lebensrettende Medikamente den Tierversuchen mit Kaninchen.

### KANINCHENZÜCHTER

Da Kaninchen zwar als jagdbares Wild gelten, aber nicht dem Fleischverbot während der Fastenzeit unterliegen, wurden die ersten Kaninchenrassen in Klöstern gezüchtet. 1874 wurden in Deutschland die ersten Zuchtvereine gegründet, mit dem Ziel weitere Eigenschaften wie Pelzfarbe und -qualität, Endgröße sowie Ohrenlänge zu verändern. Vom „Deutschen Riesen“ bis zum zehnmal leichteren „Zwergkaninchen“ sind heute mehr als 90 Rassen bekannt, deren Standards vom Zentralverband Deutscher Kaninchenzüchter e. V. festgelegt werden.



**ABB. 5** Kaninchen können bei vielen Patienten ein Wohlfühlgefühl auslösen und eignen sich deshalb für den Einsatz in Krankenhäusern und Altenheimen. Foto: Stuttgarter Zeitung.

Heute liegt der Anteil der Langohren allerdings nur noch bei drei Prozent aller Versuchstiere in der medizinischen Forschung.

Dafür erlangt das Kaninchen eine andere medizinische Bedeutung: Wie bei anderen Pelztieren kann das Streicheln von Kaninchen bei der Behandlung von Patienten mit Gemütskrankungen wie Depressionen oder Demenz helfen (Abbildung 5). Besonders große Kaninchenrassen lassen sich von den Patienten gut auf den Arm nehmen und wirken beruhigend und manchmal auch beglückend auf sie. So entwickelt sich vielleicht im Kleinen doch noch eine echte Partnerschaft zwischen Mensch und Kaninchen.

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

## AUSSERSCHULISCHE LERNORTE

## Kapuzinergarten in Münster – Biologie trifft Theologie

*Mitten in der „Friedensstadt“ Münster befindet sich dieses Reservat für alte, regionale Kulturpflanzen, das von den Münsteraner Kapuzinern in Kooperation mit verschiedenen Partnern – so den Alexianer-Werkstätten für Menschen mit Handicap – seit 2018 der Öffentlichkeit zugänglich gemacht wird. Hier treffen Nachhaltigkeit, die Möglichkeit der spirituellen Auseinandersetzung mit biologischer Evolution und biblischer Schöpfung sowie ein Raum zwischenmenschlicher Begegnung zusammen.*

Auf rund 1,5 ha präsentieren sich ca. 90 Obstsorten (Abbildung 1), ca. 150 Gemüse- und Salatsorten sowie ca. 160 Kräuterarten je nach Jahreszeit. Ein Schwerpunkt von „Vielfalt L/leben“, dem Leitgedanken der Klosteranlage, liegt dabei auf dem

Erhalt alter regionaler Pflanzen, so zum Beispiel der Apfelsorten „Dülmener Rose“ oder „Münsterländer Borsdorfer“. In einem Bereich des Gartens werden Pfropfungsversuche mit Apfelsorten durchgeführt, wobei jeweils je nach Etage im Drahtge-

flecht eine neue Sorte aufgepfropft ist (Abbildung 2). Auch rund 30 Minzesorten gibt es im Klostergarten. Diese werden im Gewächshaus vorgezogen und dann später ausgepflanzt. Besonders ästhetisch präsentiert sich die Blühwiese im jeweiligen Jahresaspekt. Dort sind auch Bienen heimisch (Abbildung 3). Für die Versorgung mit Küchenkräutern ist im Kräuterareal gesorgt (Abbildung 4). Auch Gemüse wird angebaut. Bei guten Wachstumsbedingungen können damit ungefähr 70 Prozent des Bedarfs für die 25 (darunter auch südasiatische) Brüder, Hausgäste sowie die Angestellten im Kloster gedeckt werden.

Die Gestaltung des Gartens orientiert sich nicht an der klassischen Einteilung von Klostergärten, wie etwa nach Inhaltsstoffen oder der



**ABB. 1** Obstbaumanpflanzungen im Kapuzinergarten.  
Alle Fotos: C. Högermann.



**ABB. 3** Bienenstöcke und Blühwiese mit Frühblühern.



**ABB. 2** Gepfropfte Apfelsorten.



**ABB. 4** Küchenkräuterareal.



**ABB. 5** Klosterfriedhof mit dem dahinter liegenden Bereich für Neuanpflanzungen von Obstbäumen.

Gesundheitswirkung der Pflanzen, sondern hat sich der Biodiversität verschrieben – so insbesondere auch durch regelmäßige Neuanpflanzungen hinter dem Klosterfriedhof (Abbildung 5).

Für den Guardian des Ausbildungsklosters, Bruder Bernd (Dr. Beermann) – Diplombiologe und -chemiker – kommt hier auch der Brückenschlag zur Theologie ins Spiel: „Jede Kreatur trägt Gottes Lob in sich – je vielfältiger die Natur ist, desto reicher ist also auch der Lobpreis Gottes.“ Nicht umsonst wurde 2020 das Gartenprojekt im Rahmen des Sonderwettbewerbs „Soziale Natur – Natur für alle“ durch die UN-Dekade Biologische Vielfalt ausgezeichnet. In einem Interview lässt Bruder Bernd die Konzeption des Klostergartens lebendig werden.

**C. Högermann (CH): Bruder Bernd, stellen Sie bitte kurz den Kapuzinerorden vor.**

Bruder Bernd (BB): Der Kapuzinerorden ist ein Reformzweig des Franziskusordens, der im Jahre 1528 durch die Bulle „Religionis coelis“ vom Papst offiziell bestätigt wurde. Die Hauptanliegen dieser Reform waren ein strengeres Armutsverständnis und eine starke Betonung des kontemplativen Aspekts im täglichen Leben der Brüder. Ansonsten haben wir keinen ausdrücklichen Fokus auf ein spezielles Arbeitsge-

biet. Über die Jahrhunderte hat sich allerdings das Engagement des Ordens hauptsächlich ins Feld der Pastoral verschoben.

**CH: Worin besteht das Konzept des hiesigen Klostergartens?**

BB: Das Konzept des Klostergartens in Münster ist die Erhaltung von Biodiversität – insbesondere im Bereich von Obst und Gemüse. Wir wollen den Menschen die Vielfalt der Natur vor Augen führen und die Bedeutung hoher Diversität für Ökosysteme und für sie selbst zeigen. Darüber hinaus soll dieser Garten als Rückzugsort für Mensch und Tier auch als Begegnungsort mit dem Schöpfer besonders hervorgehoben werden, was wir in unterschiedlichen Veranstaltungen auch tun.

**CH: Reicht der Ertrag aus dem Garten für die Selbstversorgung?**

BB: In den Sommermonaten und im Herbst schon. In den kargen Monaten müssen wir weiterhin dazu kaufen.

**CH: Welches pädagogische Konzept liegt Ihrem Programm für Schulklassen, Jugendgruppen o. ä. zugrunde?**

BB: Von „pädagogischem Konzept“ zu sprechen ist sicherlich etwas hoch gegriffen. Es handelt sich eher um einen „Pädagogischen Leitgedanken“. Wichtig ist uns zunächst, die



**ABB. 6** Klosterkirche in der Passionszeit.

Natur mit allen Sinnen erfahren zu lernen. In diesem sinnhaften Erleben versuchen wir Kinder und Jugendliche zu einem mitgeschöpflichen Verständnis von Natur zu führen. In diesem Kontext spielt der Sonnengesang des Heiligen Franziskus eine besondere Rolle (zum Sonnengesang vgl. <https://franziskaner.net/der-sonnengesang/>). Für Jugendliche bieten wir katechetisches Material an, das zwar auf unsere Klosteranlage abgestimmt ist, aber auch an andere Einrichtungen angepasst werden kann.



**Dr. Bruder Bernd Beermann**

**CH: Bruder Bernd, vielen Dank für das Gespräch!**

Die Klosterbrüder leben ihren christlichen Glauben in regelmäßigen Gebeten und Gottesdiensten in der Klosterkirche (Abbildung 6). In der Vergangenheit wurde vereinzelt Kirchenasyl gewährt, und die Klosterküche versorgt täglich ca. 40 Obdachlose mit einer warmen Mahlzeit.

*Christiane Högermann,  
Osnabrück*

Weitere Informationen unter [www.kapuzinerklostergarten.de](http://www.kapuzinerklostergarten.de) und „Garten & lecker“ (ARD-Mediathek <https://t1p.de/44e6m>, verfügbar bis 20.2.2025).



## MANAGEMENT-FALLSTRICKE, TEIL 20

### Der Fluch des Wissenden

*Fehlentscheidungen sind menschlich. Wir aber lassen in unserer Serie „Management-Fallstricke“ 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?*

Etliche Wochen Streitereien lagen bereits hinter ihnen. Das Thema war bei weitem nicht so trivial, wie es auf den ersten Blick erschien. Deshalb sollte ein Experte Licht ins Dunkel des Arbeitskreises bringen und dem Team mit einer fundierten Empfehlung die Entscheidung erleichtern. Bereits tags darauf traf die berühmte Blindschleiche Schinya ein. Dass sie ausgerechnet die berühmte Schinya für ihre Tagung gewinnen konnten, verdankten sie Beutelmaus Maura, die gleichzeitig als Interessensvertreterin der Säugetiere agierte. Gespannt versammelten sich die betroffenen Arten. Baumkäfer Konrad eröffnete die Sitzung und stellte sich als Vertreter der Insekten vor. Er und weitere geladene Gäste ließen sich an der großen runden Baumscheibe in der Mitte des grünen Wiesentals nieder.

Gespannt folgten sie Schinyas Ausführungen. Da die Zeit knapp

bemessen war, stieg Schinya direkt in das brisante Thema ein. Sie hatte die komplizierte Studienlage extra noch einmal durchgeschaut, um auch alle Fakten parat zu haben. Sie war sich sicher, dass ihre Argumente zur verfahrenen Situation der versammelten Mannschaft einleuchten würden. Aus Schinyas Sicht war es eine glasklare Angelegenheit: Die Fakten lagen auf der Hand, und die Lösung war total logisch, wenn man die politische Lage, Umwelteinflüsse, geographische Gegebenheiten sowie finanzielle Aspekte berücksichtigte. Ein „no-brainer“ sozusagen!

Nach den ersten Minuten ihrer Erklärungen blickte Schinya in fragende Gesichter und konnte die Langeweile der Zuhörer förmlich spüren. Mit solch einem anspruchsvollen Publikum hatte sie nicht gerechnet. Daher vertiefte sie ihre Ausführung um anspruchsvollere Argumente. Sicher wollten ihre

Zuhörer keine Zeit mit ausschweifenden Erklärungen verbringen. Es freute sie, dass sie es hier mit Spezialisten zu tun hatte; schließlich nannten sie sich den „Fachausschuss“. Statt lange Reden zu schwingen, setzte sie Akzente. Ein Argument folgte dem nächsten. Jetzt musste doch jedem der Groschen von den Hirnzellen fallen, war sie sich sicher. „Und damit, meine lieben Zuhörerinnen und Zuhörer, empfehle ich Ihnen Variante A“, beendete sie ihre Ausführungen.

Verhaltener Applaus ertönte von den Anwesenden. Beutelmaus Maura bedankte sich betont höflich bei der Expertin und wünschte ihr eine gute Rückreise. Baumkäfer Konrad wandte sich derweil an die Versammelten. „Variante A leuchtet mir nicht ein“, ergriff er das Wort. „Das meiste, was sie gesagt hat, war komplett irrelevant für unsere Entscheidungsfindung!“ „Schinya mag ja Expertin sein, aber sie hat doch sehr abgehobene Ansichten“, pflichtete ihm Beutelmaus Maura bei.

Zustimmendes Gemurmel erklang an der Baumscheibe. „Liebe Kollegen“, nahm der Baumkäfer das Wort wieder auf. „Es ist bereits spät, und die Datenlage wird nicht besser. Lasst uns doch Variante A etwas abspecken, ein paar Punkte aus Variante B mit aufgreifen und einige Ausnahmen definieren, die eigentlich für Lösung C vorgesehen waren.“ So kam es, dass die versammelten Interessensvertreter doch noch zu einer Entscheidung kamen: ein Kompromiss, der zwar nicht alle Probleme lösen würde, den aber zumindest jeder verstand.

**Und die Moral von der Geschicht':  
Niemand kann so gut Deinen  
Gedanken folgen, wie Du selbst.**

*Ihre Andrea Hauk,  
andreabauk@gmx.de*

#### FAKTENBOX

*Der Fluch des Wissenden betrifft vor allem kompetente Personen mit großem Wissen auf einem Gebiet und beschreibt die Tendenz zu glauben, andere wüssten ähnlich viel. Dadurch wird oft darauf verzichtet, eine Sache von Grund auf zu erklären. Warum auch? Die Wahrheit ist aber, dass Sie als Expert/-in auf Ihrem Fachgebiet einen Informationsvorsprung gegenüber Unerfahrenen besitzen. Durch diese Fehleinschätzung sabotieren Sie sich selbst, weil Sie Kunden / Kollegen / Mitarbeiter in Ihrer Argumentation vergessen abzuholen. Besonders bei abstrakten und komplizierten Themen werden Ihre Argumente nicht richtig verstanden, und Sie wundern sich, warum Ihre Vorschläge nur halbherzig umgesetzt werden. Am Ende des Tages verlassen nicht nur Sie, sondern auch Ihre Gesprächspartner, Ihre Kunden und Ihr Team verwirrt und frustriert den Raum. Vielleicht unterliegen Sie ja ebenfalls dieser kognitiven Verzerrung. Oder können Sie sich genau daran erinnern, wie es sich anfühlte, bevor Sie all diese Informationen hatten?*

## RÜCKBLICK

- 4/23 Die Infrarotrezeptoren feuerliebender Insekten
- 4/23 Ameisen – ein Erfolgsmodell der Evolution
- 4/23 Pflanzliche Milchalternativen
- 4/23 Multitasking in evolutionsgeschichtlich alten Epithelmuskelzellen
- 4/23 Wissenschaft, die Wissen schafft
- 4/23 Mit UV-Licht der Natur auf der Spur
- 
- 1/24 Der Forscher, der auf Bienen flog
- 1/24 Die „Sprache“ der Bienen
- 1/24 100 Jahre Schwänzeltanz
- 1/24 Vom Konflikt zur Koexistenz
- 1/24 Molekulare Phylogenetik
- 1/24 Pflanzen mit Bodyguards

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

## BiuZ 3/2024 erscheint im August 2024

**Biologie in unserer Zeit**  
finden Sie im Internet unter  
[www.biuZ.de](http://www.biuZ.de)

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

Die Biuz gibt es exklusiv für VBIO-Mitglieder.  
Einfach beitreten unter [www.vbio.de/beitritt](http://www.vbio.de/beitritt)  
und viermal im Jahr die Lektüre genießen!



## IM NÄCHSTEN HEFT

### Bacillus subtilis: Modellorganismus der Mikrobiologie

Die Mikrobe des Jahres 2023 vereint spannende biologische Eigenschaften wie Arbeitsteilung und Vielzelligkeit mit einem hohen Nutzen für den Menschen – ob zur Herstellung traditioneller fermentierter Lebensmittel, als Probiotikum für Mensch und Tier oder aber zur großtechnischen Herstellung von Vitaminen oder Waschmittelenzymen.

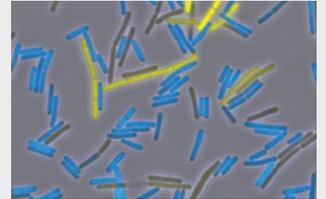


Abb.: Christine Diethmaier (AG Stülke), Göttingen, CC BY 4.0.

### Unerwartete Vielfalt im Reproduktionsverhalten der Besenheide

Nur auf den ersten Blick erscheint die Besenheide (*Calluna vulgaris*) in der Kyritz-Ruppiner Heide im Spätsommer als einheitlich lilafarbene Fläche. Aus größerer Höhe jedoch zeigen sich vielfältigere Farbeindrücke. Drohnenbilder helfen, diese Diversität im Blühverhalten im raum-zeitlichen Zusammenspiel aller Individuen innerhalb einer Population von *C. vulgaris* sichtbar zu machen.



Foto: C. Neumann et al.

### Über den Ursprung des Lebens

Seit der Antike fragen Menschen nach dem Ursprung des Lebens. Aber erst seit 100 Jahren haben sich Wissenschaftler damit theoretisch auseinandergesetzt. In den letzten 30 Jahren haben Mikrobiologen, Biochemiker, Geologen und Meeresbiologen experimentell überprüfbare Vorstellungen zur Entstehung des Lebens auf der Erde entwickelt.



Foto: Wikimedia Commons.

### Botschafter des Artensterbens

Die Vielfalt von Einzellern ist gemessen an ihrer ökologischen Bedeutung bislang unzureichend erfasst. Gleichzeitig ist das Überleben dieser Vielfalt durch Umweltzerstörung und Klimawandel bedroht wie nie zuvor in der Erdgeschichte. Die eigenartige Aufsitzeralge *Styloidium* steht stellvertretend für dieses Dilemma und wurde deshalb 2022 zur Alge des Jahres gekrönt.



Abb.: Corinna Romeikat.

### Ätherische Öle in Lippenblütlern

Die in unseren Breiten häufigsten Blattgewürze stammen aus vier Pflanzenfamilien. Eine davon sind die Lippenblütler (*Lamiaceae*) mit Rosmarin, Thymian, Oregano, Lavendel, Melisse und Minze. Aufgrund ihrer hohen Konzentrationen an ätherischen Ölen sind Lippenblütler bevorzugte Aroma-, Heil- und Duftpflanzen, die in vielfältiger Weise eingesetzt werden.



Foto: Susanne Bickel.

## WERDEN SIE MITGLIED IM VBIO UND UNTERSTÜTZEN SIE DAMIT UNSERE ARBEIT!

Der Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin - VBIO e.V. ist das gemeinsame Dach für alle, die in den Biowissenschaften tätig sind: in Hochschule, Schule, Industrie, Verwaltung, Selbstständigkeit oder Forschung. Die Mitglieder des VBIO spiegeln das gesamte Spektrum der Biowissenschaften.

Der VBIO e.V. vertritt die Interessen aller biowissenschaftlichen und biomedizinischen Disziplinen. Dazu gestaltet der VBIO politische Entscheidungsprozesse mit und berät die Politik aktiv in relevanten Anliegen – von der Neuregelung des Gentechnikgesetzes bis hin zum Naturschutz in Zeiten des Klimawandels.

Gemeinsam mit Universitäten, Firmen und anderen Verbänden engagiert sich der VBIO, um neue Berufsfelder zu erschließen und Qualitätsstandards in Studium und Beruf zu sichern.

Der VBIO setzt sich ein, um Forschungsbedingungen für Wissenschaftler/-innen zu verbessern und Programme zur Forschungsförderung mitzugestalten.

Fort- und Weiterbildungen für Lehrkräfte sowie außeruniversitäre Lehrveranstaltungen für Studierende werden vom VBIO und dessen Netzwerk veranstaltet.

## IHRE VORTEILE ALS VBIO-MITGLIED

- Erhalt der Biologie in unserer Zeit (BiuZ)
- wöchentlicher VBIO-Newsletter
- Kontakt und Beratung
- Zugang zum VBIO-Netzwerk
- Vergünstigungen bei Partnern

## WEITERE INFORMATIONEN

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

### Bitte Ihren Mitgliedsantrag an den VBIO:

- per Mail an: [info@vbio.de](mailto:info@vbio.de)
- per Fax: 089 - 2602 45 74
- per Brief an:  
VBIO e.V.  
Corneliusstr. 12  
80469 München



## BEITRITTSERKLÄRUNG

Titel, Vorname, Name	
Straße und Hausnummer	
PLZ und Ort, ggf. Land	
Geburtsdatum	E-Mail-Adresse

**JA**, ich beantrage hiermit die Mitgliedschaft im VBIO im laufenden Jahr als

- Vollmitglied**  
95 Euro/Jahr inkl. Printausgabe BiuZ und BiuZ-online
- Ermäßigtes Mitglied**  
35 Euro inkl. Printausgabe BiuZ und BiuZ-online  
(gegen Nachweis für Schüler/-innen, Studierende, Promovierende etc.)
- Senioren-Mitglied**  
65 Euro/Jahr inkl. Printausgabe BiuZ und BiuZ-online

## ZAHLUNGSMODUS

- Lastschriftinzug, SEPA-Lastschriftmandat**

Bankname
BIC
Name des Kontoinhabers:
IBAN:
DE _____

Hiermit ermächtige ich widerruflich den Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin in Deutschland - VBIO e.V. (Gläubiger-Id.-Nr.: DE43BIO00000011320), den Jahresbeitrag in der jeweils fälligen Höhe zu den festgesetzten Fälligkeiten zu Lasten des oben angegebenen Kontos durch Lastschrift einzuziehen. Der Einzug kann ab sofort erfolgen. Wenn das Konto nicht die erforderliche Deckung aufweist, besteht seitens des Kreditinstituts keine Verpflichtung zur Einlösung der Zahlung. Kosten für Rücklastschriften gehen zu Lasten des Verursachers.

- Überweisung**  
(bitte ggf. nach Rechnungsstellung einen Dauerauftrag mit Termin im Januar erteilen)

## Einwilligungserklärung

Ich bin damit einverstanden, dass meine Daten für die Mitgliederbetreuung, den Mitgliederservice und der Zweckverwirklichung des VBIO gemäß Satzung und Datenschutzordnung des VBIO ([www.vbio.de/datenschutz](http://www.vbio.de/datenschutz)) unter Beachtung der EU-Datenschutz-Grundverordnung erhoben, verarbeitet und genutzt werden.

Mir ist bewusst, dass die Verarbeitung meiner Daten auf freiwilliger Basis erfolgt und ich mein Einverständnis jederzeit mit Wirkung für die Zukunft widerrufen kann und dass ich jederzeit Auskunft über die personenbezogenen Daten erhalte, sowie die Berichtigung, Löschung oder Sperrung für die Zukunft vornehmen lassen kann. Im Fall des Widerrufs der Einwilligungserklärung werden mit dem Zugang meiner Willenserklärung meine Daten beim VBIO unverzüglich gelöscht, sofern ich keinen Mitgliedsbeitrag mehr schulde oder der VBIO verpflichtet ist, bestimmte finanztechnische Daten für einen gesetzlich vorgeschriebenen Zeitraum zu speichern.

Ich bestätige hiermit, dass ich mit der Einwilligungserklärung einverstanden bin insbesondere auch in Hinsicht auf Kündigungsfristen und Zahlungsmodalitäten sowie die VBIO-Satzung zur Kenntnis genommen habe. Ich bitte Sie, mich als Mitglied in den VBIO aufzunehmen.

Ort, Datum, Unterschrift
--------------------------



Verband | Biologie, Biowissenschaften  
& Biomedizin in Deutschland

**GEMEINSAM  
FÜR DIE**

**BIEWISSENSCHAFTEN**

### **Gute Gründe, dem VBIO beizutreten:**

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



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

**Jetzt beitreten!**

