

QUANTENSPRUNG

Seitensprünge der Evolution

Ein kleiner Beitrag zum gestrigen Weltfrauentag. Männchen sind „easy“, denn Spermien kosten weniger Kalorien in der Produktion als Eizellen. Weil also Weibchen mehr Energie in den Nachwuchs investieren, sind sie bei der Paarung wählerischer als Männchen. Es zählt sich für sie im Sinne genetisch hochwertigeren Nachwuchses aus, einen besonders guten Vater auszusuchen. Da dies für fast alle Tierarten gilt, müssen Männchen um die Gunst der Weibchen kämpfen oder balzen.

Da Weibchen nur eine bestimmte Zahl Eier legen können, sind diese die limitierende Ressource. Ein Männchen aber kann mit einem einzigen Ejakulat – theoretisch – Millionen Eier befruchten. Deshalb ist auch die Bandbreite der genetischen Fitness der Männchen größer, denn einige wenige Paschas können sehr viele Nachkommen zeugen, andere reproduktiv leer ausgehen. Säugetier-Männer können und brauchen oft nicht viel zum Reproduktionserfolg beitragen und können nach der Befruchtung desertieren.

Doch bei Vögeln erwartet man

AXEL MEYER

Professor für Evolutionsbiologie, Konstanz



Monogamie, denn oft kann nur ein Paar gemeinsam die Eier ausbrüten und die Jungen aufziehen. Ein Männchen, das sein Weibchen auf befruchteten Eiern sitzen ließe, um ein zusätzliches Weibchen zu finden, schadet somit der eigenen Fitness. Also müssen Vogelmänner monogam sein – dachte man. Konrad Lorenz hielt uns die lebenslang monogamen Graugänse als bessere Menschen vor.

Aber neuere Vaterschaftsanalysen zeigen, dass Kuckucksinder bei 90 Prozent der untersuchten Vogelarten zu finden sind. Obwohl Fremdgehen für Vogelweibchen zunächst sinnlos scheint: Warum sollten sie sich auf das schönste Männchen mit dem besten Revier festlegen, um, wie 54 Prozent der Blaumeisenweibchen (aber nur 32 Prozent der männlichen), es zu betrugen? Es scheint also nicht nur um „gute“, sondern auch um „andere“ Gene zu gehen. Mehrere Väter eines Geleges bedeuten für das Weibchen größere und wohl vorteilhafte genetische Variation der Jungen. Besonders genetisch heterogene Junge schlüpfen besser aus dem Ei, leben länger, haben buntes Gefieder und legen größere Gelege, wie Langzeitstudien am Max-Planck-Institut für Ornithologie an Blaumeisen zeigten.

Übrigens, lebenswerte, teilweise überraschende Anekdoten erzählt der Biologe Matthias Glaubrecht in seinem Buch „Seitensprünge der Evolution“. Erfahrung scheint auch zu zählen, denn 40 Prozent der älteren, aber nur 16 Prozent der jüngeren Männchen gingen erfolgreich fremd – wohlgeachtet bei Blaumeisen.

wissenschaft@handelsblatt.com

Unbekannter Eindringling

Die Behörden ergreifen eifrig Maßnahmen – doch wie das Vogelgrippe-Virus zu uns kam und sich ausbreitet, ist noch weitgehend unbekannt.

FERDINAND KNAUSS | DÜSSELDORF

Aus heiterem Himmel kommt eine Infektionskrankheit wie die Vogelgrippe sicherlich nicht. Doch wie die mittlerweile weltberühmte Virus-Variante H5N1 nach Deutschland gelangte und wie das Virus sich weiter ausbreiten und verändern kann, ist unter heutigen Wissenschaftlern so strittig wie die Frage nach der Ursache der Pest für die Zeitgenossen im 14. Jahrhundert. Seriöse Wissenschaftler sind sich zwar im Gegensatz zu „Experten“ in Nigeria einig, dass die Vogelgrippe nicht von „Teufeln“ stammt und daher auch nicht mit Voodoo-Maßnahmen bekämpft werden sollte. Aber die vagen Formulierungen überwiegen, wenn sich Virologen oder Vogelkundler zum Infektionsweg des Virus äußern. Patentrezepte liefern nur die Quacksalber – in Afrika und auch Europa – wie jener tschechische Anbieter eines Mineralwassers, das gegen das Virus immun mache.

Bevor die Bilder der toten Schwäne in Mecklenburg-Vorpommern die Nation in Panik versetzten, rechnete man allgemein damit, dass erst mit der Rückkehr der Zugvögel die Vogelgrippe nach Mitteleuropa kommt. Die auf Rügen verendeten Schwäne waren aber keine Zugvögel. Die traurige Wahrheit ist, dass wir nicht genau wissen, wie das Virus nach Deutschland gelangte.

„Eine Hypothese ist, dass infizierte Schwäne vor der Kälte aus dem Baltikum geflohen sind. Vor der Wittower Fähre war eine der wenigen eisfreien Stellen an der Küste. Dort drängten sie sich eng zusammen – wie in einer Massentierhaltung – und begünstigten damit die Ausbreitung des Virus“, vermutet Christine Klaus vom Friedrich-Löffler-Institut für Tiergesundheit auf der Insel Riems. Seit 2001 betreiben die Riemser Forscher ein intensives Monitoring: „Allein seit dem Herbst untersuchten wir rund 5000 Wildvögel.“ Dabei wurde auch der Erstausbruch bei den Schwänen in Wittow entdeckt. Der Haken nur: Im Baltikum und Polen waren bis dahin noch keine Vogelgrippe-Fälle bekannt.

„Diese Vorstellung passt nicht“, kritisiert der Vogelkundler Wolfgang Fiedler vom Max-Planck-Institut für Ornithologie in Radolfzell am Bodensee: „Die letzten Vögel aus H5N1-infizierten Gebieten kamen im vergange-

nen Herbst aus Russland und Rumänien.“ Seine Vermutung: „Ich habe den Eindruck, das Virus schlummert schon länger an verschiedenen Stellen und bricht unter Bedingungen aus, die wir nicht genau durchschauen.“ Die Vogelgrippe sei daher spätestens schon im vergangenen Jahr nach Deutschland gelangt, vielleicht schon früher – ohne auszubrechen. Untersuchungen in Ostasien hätten bereits gezeigt, dass ein sehr kleiner Anteil der wilden Wasservögel das Virus tragen und auch weitergeben könne, ohne dass es zu einem Massensterben komme. Das plötzliche Schwänensterben auf Rügen könne auf das Zusammenfallen von Virusinfektion und Schwächung durch den langen Winter zurückzuführen sein.

„Erschreckend, auf wie dünnen Beinen wir wissenschaftlich stehen.“

Wolfgang Fiedler, Vogelkundler

Das Problem ist schlicht, dass über das Virus in lebenden Tieren noch nicht viel bekannt ist. Bisher werden in einer meist mehrere Tage dauernden Prozedur fast nur Kadaver verendet aufgefundener Tiere getestet. Einzige vergleichsweise geringe Zahl (2500) von Fäkal- und Speichelproben frisch geschossener Wildvögel konnte am Friedrich-Löffler-Institut untersucht werden. In 21 Proben wurde das Vogelgrippe-Virus festgestellt. Doch es fehlen genauere Angaben über die Vogelarten. „Noch steht überhaupt nicht fest, ob die Wildvögel das Virus tatsächlich verbreiten“, sagte Karl Eduard Linsenmair, Präsident der Gesellschaft für Tropenökologie, der „Zeit“.

Um herauszufinden, warum offensichtlich manche Wildvögel nicht erkranken, obwohl sie das Virus tragen, müsste man sehr viele klinisch gesunde Wildvögel untersuchen, fordert Fiedler. In den Lebensräumen der Wasservögel an den Küsten, Flüssen und Seen müssten dazu weitläufig Kotproben gesammelt werden. „Angesichts der weit reichenden Maßnahmen der Behörden ist es erschreckend, auf wie dünnen Beinen wir wissenschaftlich stehen.“

Auch die Bundestagsabgeordnete Kirsten Tackmann von der Linkspartei



Nein, das ist kein Fall von Vogelgrippe. Mit der Maske versuchten sich Ärzte im 17. Jahrhundert vor der Pest zu schützen.

fordert nach Bekanntwerden der Infektion bei Katzen in Deutschland und Österreich verstärkte Anstrengungen zur Erforschung der Übertragungswege der Krankheit. „Da Katzen keine Aasfresser sind und sich daher kaum an verendeten Schwänen angesteckt haben können: Ist die Umweltkontamination mit dem Virus schon so hoch, dass sie als Infektionsgrund in Frage kommt? Oder haben sich die Katzen an erjagten Singvögeln infiziert?“

Bisher haben die Untersuchungen des Friedrich-Löffler-Instituts keine infizierten Singvögel feststellen können. „Die Katzen können sich auch bei kleinen Enten oder Möwen infiziert haben. Das wird man nie sicher herausfinden. Wir haben sehr viele Singvögel untersucht, doch nie eine Infektion festgestellt“, sagte eine Sprecherin des Instituts. Und dass

streunende Katzen auch Aas fressen, wurde schon häufig beobachtet.

Die Anstrengung, die lebensbedrohende Variante des Virus aufs Tierreich zu begrenzen, also die Mutation zu einem von Mensch zu Mensch übertragbaren Virus und damit den Ausbruch einer Pandemie zu verhindern, ist das Ziel aller Maßnahmen, die die Behörden nun getroffen haben. Diese verdecken jedoch, dass die virologische Grundlagenforschung in Deutschland in den vergangenen Jahren, auch nach Bekanntwerden der Bedrohung aus Asien, offensichtlich vernachlässigt wurde. „Nur kein Aktionismus!“ lautet sinngemäß die Antwort auf entsprechende Anfragen beim Bundesforschungsministerium, bei der Deutschen Forschungsgemeinschaft, dem Robert-Koch-Institut und der Max-Planck-Gesellschaft.

Thorsten Wolff, Projektleiter am Robert-Koch-Institut, ist einer der wenigen Forscher in Deutschland, die untersuchen, wie sich Influenza-Viren, zu denen auch H5N1 gehört, in der Zelle verhalten. Es gebe, so Wolff, nur wenige Studien, und entsprechend gering sei auch der Kenntnisstand: „Wir wissen zum Beispiel noch nicht, welche Erbgutveränderungen notwendig sind, damit das Virus besser von Mensch zu Mensch übertragbar wird. Die Grippe-Virusforschung in Deutschland, insbesondere im universitären Sektor, ist zu einem Stiefkind geworden. Da klafft eine Lücke.“ Ursprünglich war sein Projekt nur auf fünf Jahre angelegt. Das hat sich immerhin geändert. „Wir hoffen, dass wir demnächst mehr Geld kriegen“, sagt Wolff.

BERICHT SEITE 11

GRÜNDERSZENE

Solvent Innovation

„Unternehmer zu sein ist interessanter, als im Labor zu stehen“, sagt Claus Hilgers, Geschäftsführer und Gründer der Solvent Innovation GmbH. „Ich habe schon immer davon geträumt, mich selbstständig zu machen.“ Hilgers Promotions-thema an der Technischen Hochschule in Aachen

machte dafür den Weg frei: ionische Flüssigkeiten und ihre Produktion in hoher Reinheit. Diese neuen Materialien ähneln dem Kochsalz, verdampfen aber nicht (sind also geruchsfrei), brennen nicht und sind flüssig bei Raumtemperatur. Sie eröffnen seit den 90er-Jahren viele neue Anwendungen in der chemischen Indus-

trie, etwa als hochwertige Schmierstoffe, Antistatikmittel oder Ersatz für organische Lösungsmittel. Schon vor der Gründung der Firma 1999 erhielt Hilgers einen ersten Auftrag und wurde von Kunden „gedrängt, das Produkt verfügbar zu machen.“ Zunächst war Solvent Innovation ein Zweimannbetrieb mit

Hilger und Kompagnon Peter Wasserscheid, heute Professor an der Universität Erlangen. Ihre ersten eigenen Gehälter übernahm die Landesregierung im Rahmen des „Programms zur finanziellen Absicherung von Unternehmensgründern an Hochschulen“. Schon bald kam er den Aufträgen nicht mehr hinterher und

stellte Personal ein. Er führt nun ein Unternehmen mit 10 Mitarbeitern und Produktionshalle, das 2003 durch den Innovationspreis der deutschen Wirtschaft geadelt wurde. Eine Minderheitsbeteiligung der Degussa, einer der ersten und wichtigsten Kunden, gibt Hilgers bei Verhandlungen Sicherheit: Mit Hilfe des großen

Partners können auch große Mengen der ionischen Flüssigkeiten hergestellt werden. Der Standort auf dem Kölner Bio-Campus sei ideal, sagt Hilgers, denn da sei noch Platz für weiteres Wachstum. | Ferdinand Knauß

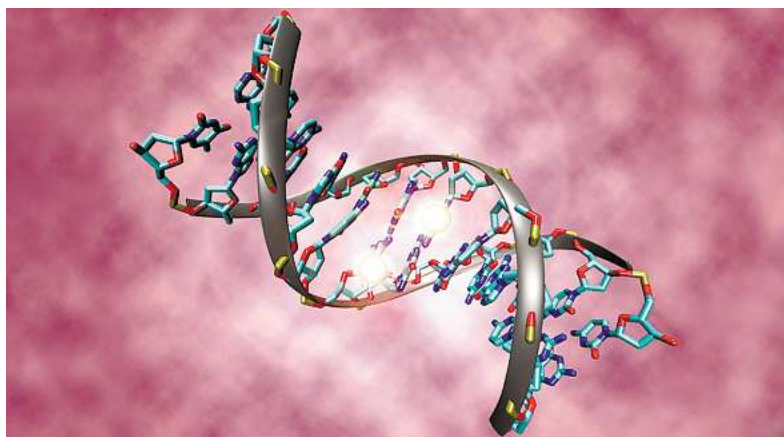
Nächste Woche: Alrise

Mit Bio-Informatik gegen Krebs

Saarbrücker Forscher entwickeln Vorhersagemodell für epigenetische Veränderungen des Erbgutes

DÜSSELDORF. Wissenschaftler des Max-Planck-Instituts für Informatik haben gemeinsam mit Genetikern der Universität des Saarlandes ein Programm entwickelt, um die Verteilung von Methylgruppen im Erbgut gesunder Zellen vorherzusagen. Aus dem Vergleich der Methylierungsmuster von gesundem Gewebe und Krebszellen sollen Konzepte für verträglichere Medikamente gegen Krebs entwickelt werden.

Veränderungen an den Bausteinen des Erbgutes, der DNA, können zur Tumorbildung führen. Diese Veränderungen sind oft erst in einem späten Stadium der Krankheit feststellbar, was die Therapie – Operation oder Chemotherapie – erschwert. Die Saarbrücker Forscher wollten deshalb einen neuen Ansatz: Epigenetik, also die Erkenntnis, dass es in der DNA vererbte Veränderungen gibt, die nicht die Abfolge der Bausteine betreffen, nämlich das Anhängen von Methylgruppen an die Bausteine.



Computermmodell eines methylierten DNA-Abschnitts. Fehlerhafte Methylierungen im menschlichen Erbgut können Krebs verursachen.

In gesunden Zellen schützen die Methylgruppen vor fremder DNA, korrigieren Fehler bei der Neubildung von DNA und steuern die Aktivität der Gene. In Krebszellen werden unpassende DNA-Bereiche methyliert. Dadurch können bestimmte Gene nicht mehr abgelesen werden.

Doch epigenetische Veränderungen sind prinzipiell umkehrbar. Deshalb sollte es möglich sein, Tumore in einen harmlosen Zustand zurückzuführen, statt sie abzutöten oder zu entfernen. Medikamente auf dieser Basis machen aber nicht nur die Veränderungen in den Tumorzellen

rückgängig, sondern beeinflussen auch die natürliche DNA-Methylierung. Deshalb haben sie bislang schwere erbliche Nebenwirkungen.

Ziel der Saarbrücker ist, DNA-Methylierungsmuster besser zu verstehen, um Medikamente zu schaffen, die geringere Nebenwirkungen haben. Christoph Bock entwickelte dazu eine Software, mit der man experimentell ermittelte DNA-Methylierungsdaten überprüfen kann.

Beim Vergleich der DNA-Methylierungsmuster gesunder Patienten mit verschiedenen Informationen über das menschliche Erbgut entdeckten sie drei Gruppen von Eigenschaften, die für eine normale DNA-Methylierung entscheidend sind: Sequenz, sich wiederholende Abschnitte und dreidimensionale Struktur der DNA. Dadurch können die Forscher die Verteilung von Methylgruppen in der DNA mit neunzigprozentiger Wahrscheinlichkeit vorherzusagen. Das hilft, Fehlmethylierungen bei Krebszellen zu untersuchen. *fk*

Zweifel an Blasenfusion

Positive Ergebnisse des Fusionsforschers Taleyarkhan von Kollegen in Frage gestellt

DÜSSELDORF. Die Hoffnungen auf eine neue, fast unbegrenzte Energiequelle werden möglicherweise enttäuscht. Kollegen des durch seine Experimente zur „Blasenfusion“ 2002 Schlagartig bekannt gewordenen Physikers Rusi Taleyarkhan ziehen dessen Resultate in Zweifel. Lefteri Tzoukalas und Tatjana Jevremovic sagten der Zeitschrift „Nature“, dass Taleyarkhan seit seiner Ankunft an der Purdue-Universität im US-Bundesstaat Indiana die Versuchsgesellschaften entfernt habe, mit denen sie seine Arbeiten wiederholen wollten. Sie hätten nie das Rohmaterial seiner als „positiv“ behaupteten Versuche gesehen. Taleyarkhan habe außerdem die Veröffentlichung ihrer „negativen“ Resultate behindert.

Zusätzliche Zweifel befördert ein Beitrag des Physikers Brian Naranjo von der University of California in Los Angeles in der Zeitschrift „Physical Review Letters“: Taleyarkhan habe, so analysiert Naranjo, wahrscheinlich bei seinem jüngsten Expe-

riment nicht – wie behauptet – eine Kernfusion festgestellt, sondern eine üblicherweise in Laboren auftretende Radioaktivität gemessen.

„Bläschen“ oder „Blasenfusion“ (auch Sonolumineszenz-Fusion/Sonofusion, „bubble fusion“) ist der Populärname für eine experimentelle, kontrollierte Kernfusion mit Hilfe einer extremen Form von durch Schallwellen ausgelöster „Kavitation“ (Bildung von Dampfblasen in Flüssigkeiten bei niedrigem Druck). Die dabei entstehenden hohen Temperaturen, Drücke, Strahlungs- und Neutronendichten könnten die Chance bieten, eine technisch nutzbare Kernfusion als Energiequelle zu erzeugen.

„Blasenfusion ist keine Spinnerei“, stellt der „Nature“-Autor Eugenie Samuel Reich klar. Es ist allgemein bekannt, dass unter bestimmten Bedingungen Schallwellen die Blasen in einer Flüssigkeit dazu bringen können, zusammenzufallen und dadurch sehr hohe Konzentrationen von Energie zu erzeugen. Die Temperatur in ein-

UNSERE THEMEN

MO ÖKONOMIE

DI ESSAY

MI GEISTESWISSENSCHAFTEN

DO NATURWISSENSCHAFTEN

FR LITERATUR

Hwangs Hund ist tatsächlich ein Klon

DÜSSELDORF. Snuppy, der vom diskreditierten Klonforscher Hwang Woo-suk präsentierte erste Klon-Hund der Welt ist offensichtlich tatsächlich eine genetisch völlig identische, im Labor erzeugte Kopie eines anderen Hundes. Zu diesem Ergebnis kommt der Untersuchungsausschuss der National-Universität in Seoul, an der Hwang geforscht hat. Damit hat sich zumindest ein Teil der Forschung des diskreditierten Wissenschaftlers doch als wahrhaftig erwiesen.

Dem südkoreanischen Veterinärmediziner und Wissenschaftler war zum Jahreswechsel 2005/06 eine der größten Fälschungen der Forschungsgeschichte nachgewiesen worden. Hwang hatte 2004 Aufsehen erregt, als er bekannt gab, erstmals mit Hilfe eines Zellkerntransfers einen geklonten menschlichen Embryo konstruiert und aus ihm Stammzellen ableiten zu wollen. Es folgten 2005 Publikationen über den geklonten Hund und elf angeblich maßgeschneiderte embryonale Stammzell-Linien mit dem Erbgut kranker Menschen. Im Dezember 2005 kam jedoch durch einen Mitarbeiter seines Labors heraus, dass die elf in der Zeitschrift „Science“ im Juni 2005 gemeldeten Stammzell-Linien eine Totalfälschung waren. Anfang Januar 2006 wurde auch die Stammzell-Publikation aus dem Jahr 2004 als Fälschung enttarnt. Hwang hatte als Hauptautor seinen Lehrstuhl zur Verfügung gestellt, die Hauptschuld für die Manipulationen jedoch Mitarbeitern zugeschrieben. Der Skandal führte zur Einsetzung eines Untersuchungsausschusses seiner Universität, um seine gesamten Ergebnisse, die zweifelhaft geworden waren, zu validieren.

Der Ausschuss meldet nun in der Zeitschrift „Nature“ das Ergebnis einer Analyse des Erbgutes, also der DNA aus Blutproben des fraglichen Hundes Snuppy, der DNA-Spenderhündin Tai und der Hündin, die Snuppy austrug. Untersucht wurde auch Lungengewebe der Hündin, die die Eizelle spendete, in die Hwang die DNA nach eigenen Angaben eingepflanzt hatte. Die Analyse zeigte, dass Snuppy tatsächlich durch das Einpflanzen der DNA der Hündin Tai in eine leere Eizelle der anderen Hündin geschaffen wurde. Dass Snuppys genetische Ähnlichkeit zu Tai nur auf Inzucht beruht, konnte ausgeschlossen werden. Eine ähnliche Untersuchung des National Human Genome Research Institute in den USA bestätigte dieses Ergebnis.

Hwang hat unterdessen kürzlich erstmals zugegeben, einen Mitarbeiter seines Labors zur Manipulation angestiftet zu haben, wie die Nachrichtenagentur Yonhap unter Berufung auf die Staatsanwaltschaft in Seoul berichtete. *fk*