

Aus den Elfenbeintürmen der Wissenschaft 3
XLAB Science Festival

Aus den Elfenbeintürmen der Wissenschaft 3

XLAB Science Festival

*Herausgegeben von
Eva-Maria Neher*



WALLSTEIN VERLAG

Inhalt

EVA-MARIA NEHER

Aus den Elfenbeintürmen der Wissenschaft – neue Wege
in der naturwissenschaftlichen Bildung 7

DIRK BROCKMANN

Wie ein Internetspiel half,
die Ausbreitung der Schweinegrippe vorherzusagen 11

STEPHAN DEUERLEIN UND DIETMAR STALKE

Die Kunst Atome sichtbar zu machen 43

ANDREAS SCHLEICHER

Anforderungen an ein zukunftsfähiges Bildungssystem
aus internationaler Sicht. 56

BERTRAM BRENIG

Ist die Rinderseuche (BSE) ausgerottet?
Früherkennung verhindert Massenschlachtungen 73

HANNS HATT

Die Macht der Düfte: Vom Molekül zur Wahrnehmung. 81

BO BARKER JØRGENSEN

Methane in the oceans: a new energy resource,
or a concern for the environment? 97

Die Autoren 107

Farbtafeln 35

Eva-Maria Neher

Aus den Elfenbeintürmen der Wissenschaft – neue Wege in der naturwissenschaftlichen Bildung

Zum dritten Göttinger Science Festival lud das XLAB im Dezember 2006 ein. Die Schülerinnen und Schüler, die mit ihren Lehrern der Einladung gefolgt sind, erlebten erfolgreiche Wissenschaftler aller naturwissenschaftlichen Disziplinen. Sie erfuhren von den Wegen und Umwegen, auf denen die präsentierten Erkenntnisse entstanden. Sie wurden Zeugen der enormen Anstrengung und der innovativen Ideen, die die Forschung verlangt. Und sie teilten die Begeisterung darüber, dass es immer wieder möglich war, drängende Probleme unserer Zeit lösen zu helfen.

Durch die Veröffentlichung der Vorträge in dem vorliegenden Band kann nun der Leser an dem vergangenen Ereignis teilnehmen. Er erfährt, nach welchen Gesetzmäßigkeiten sich moderne Seuchen – zuletzt die so genannte Schweinegrippe – ausbreiten, auch für Nicht-Mathematiker spannend dargestellt von Dirk Brockmann. Dietmar Stalke und Stephan Deuerlein beschreiben in ihrem Kapitel, wie sich Kenntnisse der Bindungslängen und -winkel in Molekülen gewinnen lassen und so maßgeschneiderte Wirkstoffe mit gewünschten Eigenschaften hergestellt werden können. Bertram Brenig diskutiert, ob die Rinderseuche BSE tatsächlich ausgerottet ist. Wie wir von Gerüchen und Düften beeinflusst werden und welche molekularen Mechanismen dazu führen, erläutert Hanns Hatt. Bo Barker Jørgensen schildert eindrucklich, welche Gefahren den Küsten und dem Klima drohen, falls es zu einer Freisetzung von Gashydrat aus dem Meeresboden kommt. Und Andreas Schleicher befasst sich mit der Frage, wie die Schule der Zukunft beschaffen sein muss, damit Schüler für den globalisierten Arbeitsmarkt gerüstet sind.

Das Science Festival 2006 liegt zum Zeitpunkt der Veröffentlichung der Vorträge drei Jahre zurück. Dafür gibt es allein eine Erklärung, nämlich die der enormen Zunahme der Aktivitäten in den Laboren des XLAB bei gleichzeitiger Erhöhung des Anspruchs an das wissenschaftliche Niveau der Experimentalkurse. Die enorme Akzeptanz unserer

Kurse bestätigt das Bildungskonzept des XLAB. Die Entwicklung aktueller Kurse betrachten wir als einen Auftrag, um den Fortschritt der wissenschaftlichen Erkenntnis möglichst zeitnah an die nächste Generation weiterzugeben. Die Grenzen des Wachstums sind erreicht. Fünf Jahre nach dem Einzug in den Neubau wird mit einer ausgeklügelten Logistik und mit großer Bereitschaft zur Flexibilität ein vielfältiges Kursangebot realisiert, und dies bei immer gleich bleibenden Qualitätsstandards.

$$\text{Erfolg} = \text{Begeisterung} \times \text{Anstrengung}^2$$

Diese inzwischen oft zitierte Formel ist in zweierlei Hinsicht zu verstehen: Der Erfolg der Institution XLAB und das Engagement seiner Mitarbeiter ist das eine. Wichtiger aber ist das Anliegen, zum Werdegang der jungen Menschen beizutragen, die ins XLAB kommen, um hier einen vertieften Einblick in die naturwissenschaftliche Arbeitsweise zu bekommen. Welche Profession auch immer sie später ergreifen: Begeisterung und Anstrengung werden unerlässlich für ihren Erfolg sein.

Was also ist das Konzept des XLAB für neue Wege in der naturwissenschaftlichen Bildung? Nichts hat Eventcharakter, nichts dient der amüsanten Unterhaltung, es gibt keine aufregenden Spektakel. Allein die Architektur des Gebäudes ist ohne Zweifel spektakulär, doch sie ist nur der Rahmen für das Tun, das auf vier Etagen in den Labor- und Seminarräumen stattfindet.

In den Laboren des XLAB wird konzentriert gearbeitet. Praxisphasen und Theorieblöcke sind eng miteinander verzahnt. Im Gegensatz zum Unterricht in der Schule, wo es vorkommen kann, dass ein Schüler bis zu acht verschiedene Unterrichtsfächer an einem Tag hat, gibt es im XLAB nur ein Thema – und das häufig nicht nur einen Tag lang, sondern bis zu einer ganzen Woche. Die konzentrierte und damit sehr intensive Auseinandersetzung mit einem Thema bietet eine oft völlig neu erlebte Möglichkeit des Verstehens. Der Schüler erfährt, dass nicht schnelles Speichern neuen und in der Regel passiv erworbenen Wissens zum Erfolg führt. Am Ende eines Labortages gibt es keinen Wissenstest und keine Note. Der Schüler wird feststellen, dass er sich sein Zeugnis selbst ausgestellt hat. Er wird nach erfolgreicher Arbeit spüren, dass sich sein Einsatz für ihn ganz persönlich gelohnt hat. Nach einem missglückten Experiment – auch das kommt vor – wird er zwar zunächst enttäuscht sein. Er wird nach erfolgter Fehleranalyse aber feststellen, dass er möglicherweise einen größeren Erkenntnisweg zurückgelegt hat

als sein Mitschüler, dessen Experiment auf Anhieb geglückt ist. Lernen bekommt einen neuen, ganz persönlichen Wert.

Die Labore und die Experimente im XLAB sind nicht vergleichbar mit den Bedingungen an den meisten Schulen. Die Experimente sind von Fachwissenschaftlern konzipiert und werden von ihnen angeleitet. Es gibt Skripte, die ausführlich in Theorie und Praxis einführen. Der Schüler experimentiert nicht gemäß einem Kochrezept, sondern er kann im Skript zum Theorieteil zurückgehen, sich selber Fragen stellen und die Antwort eigenständig erarbeiten. Er kann aber auch jede Frage an den Dozenten richten und bekommt eine Antwort oder – noch besser – eine Hilfestellung, um sich die Antwort dann selber zu geben. Der Dozent wird als Moderator erlebt, der aus einer umfangreichen experimentellen Erfahrung und einem weitaus größeren Fachwissen schöpfen kann, als zum Verständnis der aktuellen Sachverhalte notwendig ist.

Neben der fachwissenschaftlichen Professionalität kommt der Organisation der Labore eine besondere Bedeutung zu. In der Schule muss der Fachlehrer alles alleine leisten. Vom Aufbau der Experimente über die Beschaffung von Materialien bis hin zum Aufräumen hängt alles von seinem Engagement ab. Experimentieren mit Schülern ist so zeitaufwändig, dass es den Lehrer weit über den regulären Arbeitstag hinaus fordert. Im XLAB werden die Dozenten von technischen Assistenten unterstützt. Wir dürfen sie als die Seele des Labors bezeichnen. Mit großer Umsicht und den organisatorischen Fähigkeiten, die sie während ihrer Ausbildung erworben haben, bereiten sie die Experimente für die jeweils angemeldete Schülerzahl sorgsam vor. Die Schüler staunen über das erforderliche Maß an planvoller Vorbereitung: Lösungen und Nährmedien sind angesetzt und bei Bedarf sterilisiert, Versuchstiere oder -pflanzen, Organe oder mikrobielle Kulturen bereitgestellt. Für den Ablauf im Labor ist Zeitmanagement sehr wichtig. Jedes Experiment hat vorgegebene Zeitabläufe. Die Vorbereitung und die Skripte, die in ihrer Gliederung an wissenschaftliche Publikationen angelehnt sind, vermitteln, dass wissenschaftliches Arbeiten ein geplantes und wohl überlegtes Vorgehen ist und mit Ausprobieren nichts zu tun hat.

Die Schüler lernen im XLAB auch, dass die Naturwissenschaften sich schon lange nicht mehr mit der bloßen Beschreibung von Phänomenen beschäftigen. Wenn im XLAB zum Thema Radioaktivität experimentiert wird oder die kosmische, natürliche radioaktive Strahlung in der Nebelkammer sichtbar gemacht wird, so wird nicht nur über das Ticken des Zählrohrs oder die kurz sichtbare Bahn der Teilchen ge-

staunt. Vielmehr werden die Impulsraten der radioaktiven Zerfälle quantitativ in Messreihen erfasst oder die Bahnen von α -, β - und γ -Teilchen fotografisch dokumentiert und ihre Intensität bestimmt. Dieses Beispiel verdeutlicht den Anspruch aller im XLAB vertretenen Fachbereiche. So werden beim waldökologischen Kurs nicht nur Artenbestand und »Stockwerkbau« erfasst, sondern mikroklimatische Messungen und Bodenanalysen selbst durchgeführt und, ergänzt um publizierte Daten aus anderen Jahreszeiten, mit den Zeigerwerten der gefundenen Arten verglichen. Quantitative Aussagen erfordern viel Zeit und müssen reproduzierbar sein. Wie oft wundern sich die Schüler, wenn sie Messreihen mehrfach wiederholen müssen, um durch Reproduzierbarkeit die Richtigkeit ihres Befundes zu beweisen.

Wenn ich an dieser Stelle zusammenfasse, so begegnen wir im XLAB dem Schüler mit einem hohen Maß an Professionalität und setzen in ihn das Vertrauen, dass er unseren Ansprüchen gerecht werden kann. Wir fordern ein gerütteltes Maß an Konzentration, exaktes Arbeiten und sehr viel Ausdauer. Der Tag oder die Woche im XLAB sind kein Ausflug, sondern eine Studienfahrt, die in der Regel in der Schule gut vorbereitet wurde. Eine Umfrage unter 1970 Schülern und Schülerinnen der 12. Jahrgänge in den Jahren 2006 bis 2008 hat ergeben, dass 96 % mit dem Besuch im XLAB zufrieden waren und uns weiterempfehlen würden. Der Dank gilt den Lehrern, die den organisatorischen Aufwand nicht gescheut haben, ihre Schülerinnen und Schüler ins XLAB zu bringen.

Dirk Brockmann

Wie ein Internetspiel half, die Ausbreitung der Schweinegrippe vorherzusagen

Die Entstehung und geographische Ausbreitung neuer Infektionskrankheiten ist zu einem der bedeutendsten Probleme des 21. Jahrhunderts geworden. Zwar wird unser wissenschaftliches Verständnis von Infektionskrankheiten immer umfangreicher, immer effizientere Behandlungsmethoden kommen in der Medizin zum Einsatz und wirkungsvollere Medikamente werden entwickelt, doch stehen diese Fortschritte in direktem Wettbewerb mit demographischen und gesellschaftlichen Entwicklungen in einer globalisierten Welt, welche die Entstehung, Ausbreitung und Persistenz von Infektionskrankheiten fördern.

Die Hauptfaktoren in dieser Entwicklung sind zum einen die wachsende Weltbevölkerung, zum anderen ihre globale Vernetzung durch moderne Verkehrswege: Immer mehr Menschen leben weltweit in Ballungszentren mit hoher Populationsdichte, was lokale Seuchenausbreitung fördert. Die weltweite Gesamtbevölkerung hat sich im 20. Jahrhundert vervierfacht und wird voraussichtlich 2012 die Siebenmilliardengrenze überschreiten. Im Jahr 2007 lebten zum ersten Mal mehr Menschen dieser Welt in Städten als auf dem Land.

Hinzu kommt eine rasant anwachsende globale Mobilität: Jedes Jahr werden mehr als drei Milliarden Passagiere auf dem weltweiten Flugverkehrsnetz transportiert, das sind jeden Tag mehr als acht Millionen Passagiere (Abb. 1). Heutzutage ist es mit vergleichsweise geringem finanziellen und technischen Aufwand möglich, praktisch jeden Ort der Welt innerhalb von Tagen zu erreichen. Der wachsende globale Reiseverkehr fördert aber nicht nur die rapide globale Ausbreitung neuartiger Krankheitserreger. Globale Handelsnetze und Güterverkehrssysteme tragen maßgeblich zu Bioinvasionsprozessen bei. Hierbei werden durch moderne Gütertransportsysteme versehentlich Mikroorganismen oder Tierarten aus ihrem ursprünglichen Habitat in neue, weit entfernte Ökosysteme verschleppt und können sich oftmals dort ungehindert vermehren und andere Arten verdrängen. Diese vom Menschen verursachten Bioinvasionsprozesse sind eine der Hauptursachen für das globale Artensterben.



Abbildung 1: Der weltweite Flugverkehr. Dargestellt sind Flugverkehrsströme zwischen den 500 größten Flughäfen weltweit. Die Intensität (Passagiere pro Tag) ist farblich kodiert, hell entspricht dabei der höchsten Intensität. Jährlich fliegen ca. drei Milliarden Passagiere weltweit. (Farbabbildung 1, S. 35)

Es ist somit von großer Bedeutung, die Grundlagen und die Dynamik der geographischen Ausbreitung neuartiger Seuchen und verwandter Phänomene zu verstehen und zu beschreiben, um sie besser vorhersagen zu können. Hierbei helfen heutzutage komplexe Computermodelle, in denen verschiedene wichtige Mechanismen der Seuchenausbreitung detailliert simuliert werden. Wie funktioniert das? In diesen Computersimulationen werden in der Regel drei verschiedene Faktorengruppen der Seuchenausbreitung berücksichtigt: 1. krankheitsspezifische Faktoren wie z.B. die typische Infektionsdauer oder Inkubationszeit, 2. Wechselwirkungsfaktoren, welche die Übertragung von Mensch zu Mensch bestimmen, z.B. Kontaktraten und Transmissionswahrscheinlichkeiten, und schließlich 3. der zentrale Faktor Mobilität, und zwar auf allen Längenskalen. Alle diese Faktoren können wiederum von einer Vielzahl anderer Größen abhängen. So kann die Infektionsdauer vom Alter der infizierten Person abhängen oder von ihrer individuellen physischen Konstitution. Auch die Übertragungswahrscheinlichkeiten können stark zwischen Individuen variieren und hängen von individuellen Verhaltensmustern oder beispielsweise der Jahreszeit ab. Dazu unterscheiden sich selbstverständlich Mobilität und Reiseverhalten von Mensch zu Mensch.

In modernen Computersimulationen zur Seuchenausbreitung wird versucht, analog zu modernen Computerspielen die Realität immer besser abzubilden und alle potenziellen Faktoren immer detaillierter zu berücksichtigen, um ein möglichst realistisches Abbild im Computer darzustellen. Im Zuge dieser fortschreitenden Verbesserung sind mittlerweile Computersimulationen zur Seuchenausbreitung entwickelt worden, die nur auf den schnellsten derzeit existierenden Supercomputern berechnet werden können.

Um die Schwierigkeiten der Seuchenprognose zu verstehen, lohnt sich ein Vergleich mit der computergestützten Wettervorhersage. Die moderne Wettervorhersage basiert auf einem feinen Netz von Wetterstationen, die an verschiedenen Orten zahlreiche wichtige Parameter wie Luftdruck und -feuchtigkeit, Windgeschwindigkeit und -richtung zu verschiedenen Zeiten messen. Dieser enorme Datenfluss wird gesammelt und dient als Anfangsinformationen für die Wetterprognosesoftware. Kern dieser Software sind verschiedene bekannte physikalische Gesetze, die unser Wetter bestimmen. Dass die Wettervorhersage nur für eine bestimmte Zeitspanne in der Zukunft funktioniert und auch ab und zu falsche Voraussagen macht, liegt daran, dass das Netz der Wetterstationen nicht feinmaschig genug und die Information bezüglich der wichtigen Parameter ungenau ist. Fehlvorhersagen liegen nicht an einer mangelnden Kenntnis der physikalischen Gesetze, die das Wetter bestimmen.

Hier liegt der Kernunterschied im Vergleich mit der Simulation von Seuchenausbreitungsphänomenen. Momentan fehlen die quantitativen Gesetzmäßigkeiten, die – sollten sie überhaupt existieren – beispielsweise das menschliche Reiseverhalten oder soziale Kontakte innerhalb einer Population, und damit die Seuchendynamik bestimmen. Deshalb ist es von großer Bedeutung, nach Mustern im menschlichen Verhalten zu suchen, die gegebenenfalls durch mathematische Modelle beschrieben werden können. Nur dann kann, basierend auf diesen Gesetzmäßigkeiten, eine neue Generation von Computersimulationen entwickelt werden, die schon im Anfangsstadium einer neuen Epidemie Vorhersagen bezüglich des wahrscheinlichsten Verlaufs der Seuche machen kann.

Historische und moderne Pandemien

Epidemien globalen Ausmaßes, so genannte Pandemien, mit schwerwiegenden Folgen und Millionen von Opfern treten in unregelmäßigen Abständen auf. Seitdem Menschen auf dichtem Raum, in Dörfern oder Städten, siedeln, werden ansteckende Krankheiten leichter übertragen, können sich besser ausbreiten und einen substanziellen Anteil der Gesamtbevölkerung erreichen. Das prominenteste Beispiel einer historischen Pandemie ist die Pestpandemie des 14. Jahrhunderts, die den europäischen Kontinent von Süden nach Norden in einem Zeitraum von drei bis vier Jahren mit einer Durchschnittsgeschwindigkeit von etwa vier bis fünf Kilometern pro Tag überrollte (Abb. 2). Diese Pestpandemie wurde durch das Bakterium *Yersinia pestis* verursacht, der Zeitraum zwischen Infektion und Tod betrug typischerweise zwischen einem Tag und einer Woche. Der Pest sind damals etwa 20 Millionen Europäer zum Opfer gefallen, gleichbedeutend mit ca. 25 % der gesamten europäischen Bevölkerung, in den Städten waren es bis zu 50 %.

Diese Pestpandemie war allerdings kein singuläres Ereignis, in den Jahrhunderten davor und danach gab es vergleichbare schwerwiegende Pandemien. Tabelle 1 enthält eine Liste historisch belegter Pandemien. Das bis dato tragischste Ereignis war die so genannte Spanische Grippe von 1918. Diese Grippe wurde durch ein menschliches Influenza-A-Virus, Subtyp H1N1 hervorgerufen. Innerhalb eines Jahres starben weltweit bis zu 40 Millionen Menschen an dieser Grippe bzw. an bakteriellen Folgeerkrankungen. Diese Pandemie forderte also mehr Opfer als der erste Weltkrieg. Bezeichnend ist, dass die drei jüngsten Pandemien des letzten Jahrhunderts Grippepandemien waren, also durch Influenza-A-Viren hervorgerufen wurden. Das erklärt, weshalb gerade die Vogelgrippe (H5N1) und ihre weltweite Ausbreitung in Geflügelpopulationen und die jüngste Schweinegrippepandemie (ebenfalls ein Influenza-A-Virus, Subtyp H1N1) im Frühjahr 2009 die Aufmerksamkeit der Gesundheitsbehörden und der Medien erregten.

Trotz des rasanten medizinischen Fortschritts und der besseren medizinischen Versorgung sind emergente, d. h. neuartige Infektionskrankheiten ein ernst zu nehmendes Problem. In das öffentliche Bewusstsein ist diese Problematik gerückt, als sich im Frühjahr 2003 die Lungenkrankheit SARS (*severe acute respiratory syndrome*) weltweit ausbreitete und der Begriff Pandemie nicht mehr nur ein Fachbegriff



Abbildung 2: Die Ausbreitung der Pest in den Jahren 1347-1350. Mit einer Geschwindigkeit von ca. 4-5 km pro Tag breitete sich diese Pandemie von Süden nach Norden in einer Wellenfront aus und forderte ca. 20 Millionen Opfer.

unter Epidemiologen war. Die Krankheit SARS wurde durch eine neue Form eines so genannten Coronavirus hervorgerufen und führte bei etwa 10 % der Infizierten zum Tode. SARS hatte seinen Ursprung in China und hat sich über Hongkong, ein Drehkreuz des weltweiten Flugverkehrssystems, rasant in viele Länder der Erde ausgebreitet, konnte aber glücklicherweise durch verschiedene Eindämmungsstrategien unter Kontrolle gebracht werden. Weltweit wurden ca. 10.000 Menschen infiziert und etwas weniger als 1000 Menschen starben innerhalb einiger Monate. Nur zwei Jahre später wurde das öffentliche Interesse durch die Ausbreitung der Vogelgrippe geweckt und die Behörden waren nicht ohne Grund in Alarmbereitschaft. Das neue Virus H5N1, das sich in Geflügelpopulationen zunächst in Südostasien ausbreitete, konnte auch Menschen infizieren und führte in ca. 60 % der Fälle zum Tod. Obwohl dieses Virus nicht von Mensch zu Mensch übertragbar ist und eine grassierende Pandemie in der Bevölkerung un-

<i>Zeit</i>	<i>Name</i>	<i>Erreger</i>	<i>Gebiet</i>	
430 v. Chr.	–	unbekannt	Griechenland	25 % der Bevölkerung sterben in 4 Jahren
165-180	antoninische Pest	möglicherweise Pocken	Italien, Griechenland, Ägypten	5 Mio. Tote, zeitweise 5000 Opfer pro Tag in Rom
541	justiniani-sche Pest	Beulenpest	Mittelmeer-raum	erste nachgewiesene Beulenpestpandemie
1347-1350	Pest – »der schwarze Tod«	Beulenpest	ganz Europa	ca. 20 Mio. Opfer, 20 % der europäischen Bevölkerung
1816-1966	–	Cholera	Indien, China, Europa, Russland	6 Pandemien, hauptsächlich in Russland
1918-1919	Spanische Grippe	Influenza A (H1N1)	weltweit	verheerendste Pandemie aller Zeiten, 25-40 Mio. Opfer innerhalb eines Jahres
1957-1958	Asiatische Grippe	Influenza A (H2N2)	weltweit	Entstehung: Durchmischung genetischen Materials mit Vogelgrippeerreger
1968-1969	Hongkong-Grippe	Influenza A (H3N2)	weltweit	Entstehung: Durchmischung genetischen Materials mit Vogelgrippeerreger
2005	Vogelgrippe	Influenza A (H5N1)	weltweit	Verbreitung unter Geflügel, keine Mensch-zu-Mensch Übertragung
2009	Schweinegrippe	Influenza A (H1N1)	weltweit	Neuartiger Grippeerreger, glücklicherweise mit relativ schwacher Symptomatik

Tabelle 1: Eine Liste historisch belegter Pandemien. Die schwerwiegendste Pandemie war die Spanische Grippe von 1918. Die letzten größeren Pandemien waren ausnahmslos Grippepandemien, die jüngste die so genannte Schweinegrippe, die sich Anfang 2009 von Mexiko aus rapide weltweit ausbreitete.

mittelbar nicht bevorstand, barg H5N1 die Gefahr der Entstehung eines neuen Supervirus. Neue Grippeviren können nämlich dann entstehen, wenn ein menschlicher Wirt sowohl mit menschlichen Grippeviren als auch mit beispielsweise einem H5N1-Virus infiziert wird. Durch die Vermischung des genetischen Materials beider Virenstämme ist es prinzipiell möglich, dass ein Virus entsteht, das sowohl die hohe Fatalitätsrate des H5N1-Virus als auch eine hohe Transmissionswahrscheinlichkeit zwischen Personen aufweist. Experten sind der Meinung, dass genau auf diese Weise das Influenzavirus entstanden ist, das zu der jüngsten Schweinegrippepandemie führte, die sich im Frühjahr 2009 von Mexiko aus weltweit ausgebreitet hat, glücklicherweise aber keine schwerwiegende Symptomatik aufwies.

Auch HIV (*human immunodeficiency virus*)/Aids muss an dieser Stelle erwähnt werden. Obwohl das HI-Virus nun schon mehrere Jahrzehnte endemisch in der Bevölkerung ist und dadurch nicht mehr im Fokus des öffentlichen Interesses liegt, ist HIV/Aids als die Pest des 21. Jahrhunderts anzusehen. Zum einen gibt es keine Heilung für Aids-infizierte, zum anderen ist ein substantieller Anteil von Menschen gerade in den Entwicklungsländern Afrikas HIV-positiv. Zum Vergleich: Die Gesamtanzahl von Opfern, die SARS 2003 forderte, sterben weltweit alle zwei Stunden an HIV/Aids.

Das erste mathematische Modell

Neben medizinischem Fortschritt, neuen Therapie- und Diagnostiktechniken und Fortschritten in der biologischen Epidemiologie haben sich insbesondere in den letzten Jahren mathematische Modelle und Computersimulationen im Bereich der Seuchenausbreitung und -dynamik als wichtiger Forschungszweig etabliert. Mit Hilfe von Computermodellen lassen sich nicht nur die Schlüsselmechanismen der Ausbreitung einer Krankheit verstehen und beschreiben. Das Ziel der Entwicklung komplexer mathematischer Modelle ist letztendlich auch in naher Zukunft, die Ausbreitungswege neuartiger Seuchen kurz nach ihrem ersten Auftreten besser und genauer vorherzusagen zu können.

Obwohl die systematische Entwicklung detaillierter Computersimulationen zur Seuchenausbreitung ein relativ junges wissenschaftliches Gebiet ist, geht die mathematische Modellierung von Epidemien auf eine Arbeit des großen Mathematikers Daniel Bernoulli aus dem

Jahr 1766 zurück. Im 18. Jahrhundert waren die Pocken eine der verheerendsten Infektionskrankheiten. Pocken sind eine Viruserkrankung, die durch den Erreger *Variola Major* verursacht wird und eine Sterblichkeit von bis zu 90 % hat. Zu Lebzeiten Bernoullis war allerdings noch unbekannt, dass Infektionskrankheiten überhaupt durch übertragbare Keime verursacht werden. Diese Entdeckung durch Louis Pasteur sollte noch ca. 100 Jahre auf sich warten lassen und die moderne Infektionsepidemiologie begründen.

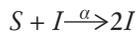
Im 18. Jahrhundert war man der Meinung, dass grassierende Seuchen wie die Pocken oder die Pest durch giftige Dämpfe, das so genannte Miasma, hervorgerufen wurden. Obwohl die mikrobiologischen Mechanismen von Infektionskrankheiten noch nicht verstanden waren, wurde Ende des 18. Jahrhunderts der Prozess der Impfung durch Lady Mary Wortley Montagu, Gattin des damaligen britischen Botschafters im Osmanischen Reich, nach Europa importiert. Lady Montagu konnte in Konstantinopel praktizierende Ärzte dabei beobachten, wie diese gesunde Menschen mit Pockenmaterial erfolgreich impften, ein Prinzip, das schon mehrere Jahrhunderte zuvor in Indien und China systematisch praktiziert wurde. Lady Montagu war davon so beeindruckt, dass sie für die Verbreitung dieser »neuen Behandlungsmethode« in Westeuropa sorgte. Diese neue medizinische Methode wurde allerdings unter Wissenschaftlern in Westeuropa heftig diskutiert und polarisierte stark, da man ihre Mechanismen nicht verstand und auch sehr häufig »geimpfte« Personen an Pocken erkrankten und starben.

Daniel Bernoulli versuchte, durch seine mathematische Analyse und sein epidemiologisches Modell etwas Objektivität in die hitzige Diskussion zu bringen, und konnte mit Hilfe der Mathematik eindeutig zeigen, dass eine Impfung gegen Pocken zu befürworten war. Besonders bemerkenswert ist, dass die Entdeckung der Differentialgleichungssysteme zu dieser Zeit noch sehr jung war und Bernoulli erstmals Methoden dieser neuen mathematischen Technik verwendete. Bernoullis Modell besaß schon alle Eigenschaften, die auch moderne quantitative Modelle auszeichnen: Er berücksichtigte die wesentlichen Faktoren in seinem Modell, er schätzte die unbekannt Parameter seines Modells durch Vergleich mit empirischen Daten und er konnte mit Hilfe seiner Gleichungen Vorhersagen machen.

Ein einfaches mathematisches Modell zur Dynamik einer Epidemie

Es sollten mehr als 150 Jahre vergehen, bis durch eine Reihe von Arbeiten von Kermack und McKendrick 1927 die moderne mathematische Epidemiologie ins Leben gerufen wurde. Kermack und McKendrick stellten in diesen Arbeiten das so genannte SIR-Modell vor, das auch den meisten modernen Computersimulationsmodellen zugrunde liegt. Anfang des 20. Jahrhunderts war bekannt, dass sich typische Epidemieverläufe durch einen rapiden Zuwachs der Zahl der Infizierten und ein darauf folgendes stetiges Abklingen der Epidemie auszeichnen. Das Ziel von Kermack und McKendrick war es, diesen Verlauf der Anzahl der Infizierten als Funktion der Zeit, kurz die Funktion $I(t)$, beschreiben zu können. Von besonderem Interesse war beispielsweise die Berechnung der Gesamtzahl von Infizierten, das Maximum der Kurve $I(t)$ und die Identifizierung der Faktoren, die diese Größen bestimmen. Das von Kermack und McKendrick eingeführte SIR-Modell konnte die Dynamik einer Epidemie innerhalb einer Population in Abhängigkeit von nur zwei Parametern beschreiben.

Im SIR-Modell wird angenommen, dass die Individuen einer Population in drei verschiedenen Zuständen sein können: noch gesund (S, engl. *susceptible*), infiziert (I) und immun (R, engl. *recovered*). Jede Person kann diese drei Zustände in der Reihenfolge S, I und R durchlaufen. Die Dynamik einer Seuche wird durch nur zwei Mechanismen bestimmt. Der erste ist die Ansteckung. Hierbei kommt ein gesunder Mensch (S) mit einem Infizierten (I) zusammen und mit einer bestimmten Wahrscheinlichkeit α ist die gesunde Person nach dieser Reaktion ebenfalls infiziert. Symbolisch notiert man dies in einer Reaktionsgleichung:



Die zweite Reaktion bestimmt, mit welcher Rate infizierte Personen entweder immun werden oder sterben, wobei hierbei nur eine Rolle spielt, dass Personen der R-Klasse eine Infektion nicht mehr übertragen können:



Der Parameter T ist die typische Infektionsdauer. Der Schlüsselparameter, der bestimmt, ob durch einige wenige Infizierte I eine Epidemie ausbricht oder nicht, ist die so genannte Basisreproduktionszahl R_0 , das Produkt aus den Parametern α und T :

$$R_0 = \alpha \times T$$

Die Basisreproduktionszahl gibt an, wie viele Personen im Mittel durch eine infizierte Person angesteckt werden, wenn diese nur von gesunden Individuen umgeben ist. Ist die Basisreproduktionszahl größer als 1, z.B. $R_0 = 3$, dann steckt eine Person im Mittel drei weitere an, diese wiederum stecken jeweils ca. drei weitere Personen an usw. Diese Kettenreaktion führt zu einem schnellen, exponentiellen Wachstum der Anzahl der Infizierten, eine Epidemie bricht aus. Im Lauf der Zeit sind allerdings durch den zweiten Mechanismus $I \rightarrow R$ nicht mehr genügend Infizierte vorhanden, um die Epidemie aufrecht zu erhalten, und die Seuche klingt ab. Wie aber berechnet man nun aus den beiden schematischen Reaktionsmechanismen die Kurve $I(t)$? Hierzu werden im SIR-Modell folgende Annahmen gemacht:

- Die Population besteht aus einer festen Anzahl N von Personen, die entweder im Zustand S, I oder R sind (Es finden keine Geburten oder Todesfälle statt).
- Alle Personen sind identisch in ihren Verhaltensweisen, somit ist die Wechselwirkungswahrscheinlichkeit und damit die Transmissionswahrscheinlichkeit einer Krankheit zwischen Individuen gleich groß und
- die Dauer einer Infektion ist dieselbe für alle Personen.

Aus diesen stark vereinfachenden Annahmen lassen sich einfache dynamische Gleichungen herleiten, mit Hilfe derer ein Seuchenverlauf innerhalb einer Population berechnet werden kann. Der zeitliche Verlauf hängt dann nur von den Parametern des Systems ab. Im Fall des einfachen SIR-Modells sind diese Parameter die Transmissionsrate α und die mittlere Infektionsdauer T bzw. die Basisreproduktionszahl R_0 . Mit Hilfe des Modells kann man dann genau berechnen, welcher Anteil der Population durch eine Epidemie betroffen sein wird und wie diese Größe von der Basisreproduktionszahl abhängt. In Abbildung 3 ist der Verlauf einer Masern-Epidemie in einem englischen Internat als Beispiel dargestellt. Die Beschreibung des zeitlichen Verlaufs durch ein einfaches SIR-Modell funktioniert in diesem Fall sehr gut.

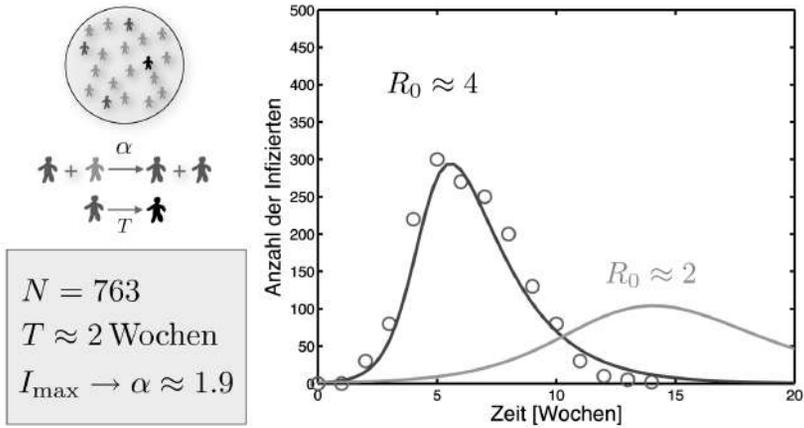


Abbildung 3: Dynamik einer Masern-Epidemie und deren Beschreibung durch das SIR-Modell. Die Kreise symbolisieren die Anzahl infizierter Schüler eines englischen Internats als Funktion der Zeit. Die dunkle Linie ist die Lösung des SIR-Modells mit den Modellparametern $R_0 = 4$ und $T = 2$ Wochen. Die helle Kurve zeigt den vergleichsweise milderen Verlauf, wenn die Basisreproduktionszahl auf den Wert 2 reduziert wird, z.B. durch Eindämmungsstrategien. (Farbabbildung 2, S. 36)

Modellierung der Ausbreitung von Ort zu Ort

Das SIR-Modell und verwandte Modelle können den typischen Verlauf einer Epidemie in einer Population oftmals gut beschreiben und sind nützliche Werkzeuge zur Bestimmung seuchenspezifischer Parameter wie der Basisreproduktionszahl. Sie müssen allerdings erweitert werden, wenn man die geographische Ausbreitung von Epidemien beschreiben möchte. Intuitiv ist klar, dass die geographische Ausbreitung durch Reisebewegungen infizierter Personen stattfindet.

Am einfachsten lässt sich ein typisches geographisches Ausbreitungsmuster in einem idealisierten System verstehen. In diesem System sind einzelne Populationen in einem regelmäßigen, ebenen Gitter angeordnet und in jeder einzelnen Population wird die Dynamik der Epidemie durch das gewöhnliche SIR-Modell beschrieben. Zu den Infektionsreaktionen kommt hinzu, dass Menschen zwischen benachbarten Populationen hin und her reisen können. Man kann sich vorstellen, dass ein

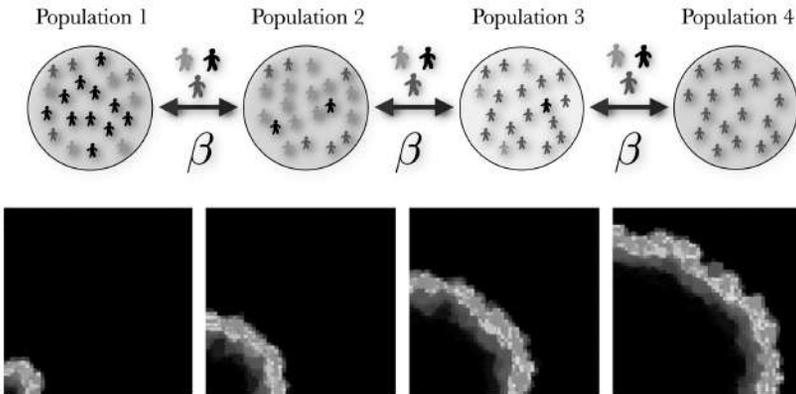


Abbildung 4: Ein Modell zur geographischen Ausbreitung von Infektionskrankheiten: Das einfache SIR-Modell für eine Population kann erweitert werden, indem die Reisebewegungen einzelner Individuen zwischen verschiedenen Populationen explizit in das Modell integriert werden. Im einfachsten Fall betrachtet man regelmäßig angeordnete Einzelpopulationen und beschreibt die Bewegung der Personen durch einen Reiseparameter β . Dieser Parameter bestimmt die Anzahl der Personen, die im Mittel zwischen zwei Populationen hin- und herreisen. Im oberen Schema verläuft die Epidemie von links nach rechts. Während in Population 1 schon der überwiegende Anteil der Personen immun ist, ist Population 4 von der Epidemie noch völlig unberührt. Die meisten Infizierten befinden sich in Population 2. Auf einer größeren Skala (unten), in der jedes Bildpixel einer Population entspricht, bildet sich eine Wellenfront, die ähnlich bei der Ausbreitung der Pest in Europa beobachtet wurde. Essenziell für diese Art der Ausbreitung ist ein auf Nachbarpopulationen beschränktes Reiseverhalten. (Farbbildung 3, S. 37)

solches Modell beispielsweise die Ausbreitung der Pest im 14. Jahrhundert qualitativ gut beschreiben kann. In diesem System waren die einzelnen Populationen Dörfer bzw. kleine Städte und Reisen fanden vorwiegend zwischen benachbarten Siedlungen statt (Abb. 4). Diese Art von lokaler Mobilität lässt sich einfach in das SIR-Modell integrieren und man kann mit Hilfe des Computers die dazugehörigen dynamischen Gleichungen lösen. Ganz typisch für diese Modelle ist eine charakteristische räumliche Ausbreitung in Form von Wellenfronten, die mit konstanter Geschwindigkeit fortschreiten, wie ebenfalls in Abbildung 4 dargestellt. Die Ausbreitungsgeschwindigkeit lässt sich in diesen Modellen direkt aus den Modellparametern berechnen. Diese Art von

räumlicher Ausbreitung war insbesondere typisch für historische Pandemien und das erweiterte SIR-Modell eine gute Beschreibung in diesem Kontext.

Das erste quantitative Modell für die Ausbreitung von Seuchen im 21. Jahrhundert und die Eigenschaften des weltweiten Flugverkehrsnetzwerkes

Die räumliche Ausbreitung von Epidemien in Form von Wellenfronten ist Folge des lokal beschränkten Reiseverhaltens infizierter Personen zwischen benachbarten Orten. Diese Annahme mag plausibel für das 14. Jahrhundert sein, aber schon ein Blick auf das weltweite Flugverkehrssystem (Abb. 1) zeigt, dass die Mobilität des 21. Jahrhunderts völlig andere Eigenschaften besitzt. Reisen finden heutzutage auf allen Längenskalen statt, von einigen bis einigen tausend Kilometern. Außerdem ist dieses Netzwerk der globalen Mobilität ungeheuer komplex. Es stellt sich daher die Frage, inwiefern diese Komplexität es überhaupt erlaubt, die Epidemieausbreitungen heutzutage systematisch zu erforschen, mathematisch zu beschreiben und Vorhersagen zu berechnen. Dass neuartige Seuchen sich in der Tat nicht mehr wie im Mittelalter ausbreiten, zeigte 2003 die schon erwähnte Lungenkrankheit SARS. Mit ihrem Ausgangspunkt in Guandong/China erreichte die Seuche 2003 Hongkong und verbreitete sich rapide über das weltweite Flugverkehrsnetz. Das Ausbreitungsmuster von SARS hat zu keiner Zeit einer gleichförmigen Wellenfront entsprochen.

Kurz nach der Ausbreitung und erfolgreichen Eindämmung von SARS haben die Göttinger Physiker Lars Hufnagel und Dirk Brockmann sich die Frage gestellt, ob sich die Ausbreitungsmuster moderner Seuchen nicht ebenso gut wie die Ausbreitungsmuster historischer Pandemien beschreiben lassen, wenn man das weltweite Flugverkehrssystem als zentralen Baustein eines Computersimulationsmodells verwendet. Die Fragen dieses Forschungsprojekts waren denkbar einfach:

- Kann man mit Hilfe des Flugnetzes die globale Ausbreitung von Krankheiten in strukturell einfachen Modellen beschreiben?
- Wie zuverlässig sind Vorhersagen?
- Welche Rolle spielen Fluktuationen bzw. zufällige Ereignisse?
- Welche Eigenschaften des Flugnetzes fördern die Ausbreitung?

- Welche Eigenschaften ermöglichen eine Vorhersage?
- Wie kann man durch gezielte Einschränkung des Flugverkehrs die Ausbreitung einer Seuche stoppen oder zumindest verlangsamen?

Die Forscher entwickelten ein Modell, in dem die lokale Seuchendynamik durch das gewöhnliche SIR-Modell beschrieben wird, und kombinierten dieses lokale Modell mit dem weltweiten Flugverkehrsnetz. Das Netzwerk bestimmte, wie häufig und zahlreich Personen zwischen den verschiedenen Orten reisen. Trotz der Komplexität dieses Netzwerkes war es möglich, das Ausbreitungsmuster von SARS 2003 mit sehr hoher Genauigkeit in der entwickelten Computersimulation zu reproduzieren. Die Daten der WHO (*world health organisation*) deckten sich mit der Vorhersage des Modells überraschend genau. Diese Studie gab also Hoffnung, dass sich mit der genauen Kenntnis menschlicher Mobilität quantitative Prognosemodelle entwickeln lassen würden, mit deren Hilfe man schon vor der Ausbreitung einer neuen Seuche Aussagen über ihren Verlauf würde machen können.

Mit Hilfe des Modells zur Ausbreitung von SARS war man nun in der Lage, verschiedene Eindämmungsstrategien im Computer zu testen. So stellte sich heraus, dass beispielsweise nur eine kleine Anzahl von Flughäfen für die rapide weltweite Ausbreitung verantwortlich ist. Erstaunlicherweise gehören nicht etwa die größten Flughäfen wie z. B. Los Angeles, Atlanta, Chicago, New York und London dazu. Es sind die am stärksten vernetzten Flughäfen, unter anderem Frankfurt und Amsterdam. Überraschend war allerdings für die Wissenschaftler, dass trotz der vielen zufälligen Einflüsse und trotz der Komplexität des weltweiten Flugverkehrssystems die globale Ausbreitung von SARS weitgehend vorhersagbar war. Aufschluss über diesen hohen Grad an Vorhersagbarkeit hat eine genaue statistische Analyse des Flugnetzwerkes ergeben. Es stellte sich heraus, dass die enorme Heterogenität des Netzwerkes hier eine Rolle spielt. Das bedeutet, dass verschiedene statistische Größen des Netzwerkes sehr breit verteilt sind, ähnlich wie beispielsweise das Einkommen verschiedener Personen sich um Größenordnungen unterscheiden kann. Diese Heterogenität ist in Abbildung 5 veranschaulicht. In der Abbildung sind die verschiedenen statistischen Größen dargestellt. Um diese Größen zu verstehen, muss man zunächst das Flugnetz mathematisch definieren: Formal besteht das Netzwerk aus Knoten (den Flughäfen) und so genannten Links, also den Verbindungen zwischen den Knoten. Nummeriert man jeden Kno-

MODELLE ZUR SEUCHENAUSBREITUNG

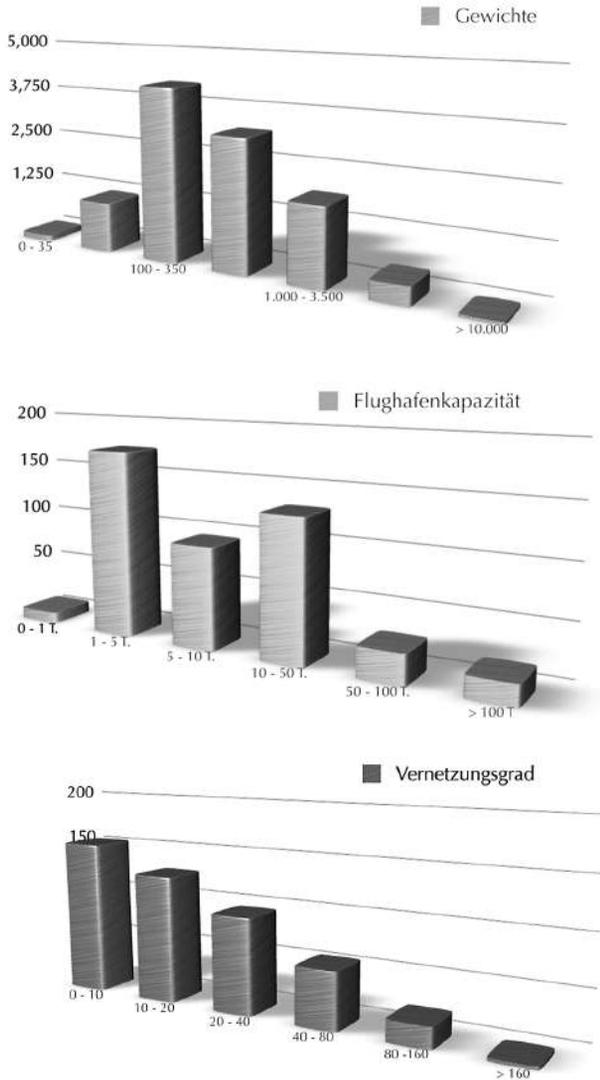


Abbildung 5: Die statistischen Eigenschaften des weltweiten Flugverkehrsnetzwerkes. Oben: Die Gewichte (Passagiere pro Tag) zwischen einzelnen Flughäfen liegen typischerweise bei ca. 200 pro Tag, es gibt aber auch eine Verbindung mit mehr als 10.000 Reisenden pro Tag. Mitte: Die Kapazität der Flughäfen variiert zwischen einigen tausend und einigen hunderttausend abgefertigten Passagieren pro Flughafen und Tag. Unten: Der Vernetzungsgrad variiert ebenso stark. Die am stärksten verknüpften Flughäfen haben Verbindungen zu einigen hundert anderen Flughäfen.

ten mit $j = 1, \dots, N$, wobei N die Anzahl aller Knoten ist, und bezeichnet man die Anzahl der Passagiere, die von i nach j reisen, mit W_{ji} , so ist das Gesamtnetzwerk durch die Matrix dieser Elemente definiert. Diese Elemente werden auch Gewichte genannt. Die Verteilung der Matrixelemente variiert zwischen ein paar hundert Passagieren pro Jahr zwischen kleinen Flughäfen und mehr als 20.000 Passagieren pro Tag zwischen New York und Chicago. Ebenso stark variieren die Kapazitäten der Flughäfen, wobei die Kapazität die Anzahl der abgefertigten Passagiere eines Flughafens bezeichnet. Die dritte wichtige Größe ist der Vernetzungsgrad eines Flughafens. Das ist die Anzahl der mit einem Flughafen verknüpften Flughäfen. Alle drei statistischen Größen, die Gewichte, die Kapazitäten und der Vernetzungsgrad, variieren über mehrere Größenordnungen, erkennbar in den Balkendiagrammen in Abbildung 5. Es ist diese Heterogenität, die eine Vorhersage von globalen Seuchenausbreitungen ermöglicht.

Auf den Spuren des Geldes

Das Modell zur Ausbreitung von neuen Infektionskrankheiten mit Hilfe des weltweiten Flugverkehrsnetzwerkes eignet sich, um Vorhersagen auf großen Längenskalen zu machen. Was aber, wenn man die Ausbreitung innerhalb eines Landes wie z. B. Deutschland beschreiben möchte, und zwar mit einer hohen geographischen Auflösung von einigen Kilometern? Für die Ausbreitung auf mittleren Längenskalen von einigen hundert Kilometern spielt das Flugverkehrsnetz nur eine kleine Rolle, da der meiste Verkehr auf anderen Wegen stattfindet. So ist innerhalb Deutschlands der Gesamtverkehrsfluss auf den Autobahnen, Landstraßen und den Schienen der Bahn deutlich größer als der Flugverkehr. Ein Transportnetzwerk, das alle Längenskalen berücksichtigt und den Reiseverkehr zwischen allen Landkreisen in Deutschland abdeckt, ist in Abbildung 6 dargestellt. Die Abbildung veranschaulicht, dass der größte Anteil aller Reisen Kurzreisen sind und nicht per Flugzeug geschehen. Basierte ein Modell also ausschließlich auf dem Transport via Flugverkehr, würde dieses Modell zwangsläufig systematisch falsche Vorhersagen machen.

Analog zum Modell zur weltweiten Ausbreitung von SARS müsste man auf mittleren Längenskalen alle möglichen Verkehrsdaten aller relevanten Verkehrsmittel sammeln, in einer zentralen Datenbank ver-

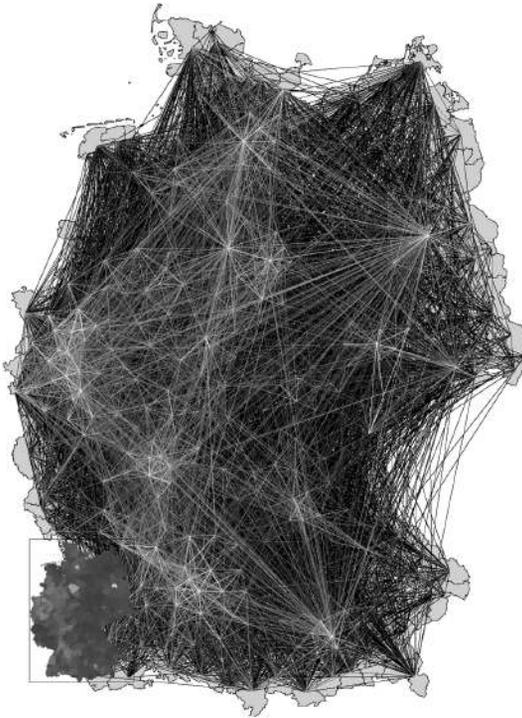


Abbildung 6: Reiseflussnetzwerk in Deutschland zwischen den Landkreisen. Jede Linie symbolisiert Verkehrsfluss. Die Helligkeit der Linien steht für die Anzahl der Reisenden. Die Abbildung verdeutlicht, dass Reisen kurzer Distanz am häufigsten auftreten.

walten und aus diesen verschiedenen Datenquellen ein Gesamtverkehrsflussnetzwerk extrahieren, das auf allen Längenskalen alle Bewegungsdaten vereint, von Flügen großer Reichweite zwischen Metropolen bis zu den täglichen Berufsverkehrsströmen vom Land in die Stadt. Dieses Projekt müsste man dann in Europa in verschiedenen Ländern durchführen, alle Datenbanken zu einem gesamteuropäischen Netzwerk zusammenfügen und dessen statistische Eigenschaften auf Gesetzmäßigkeiten untersuchen. Ein solches Projekt scheint organisatorisch und technisch kaum realisierbar, wenn nicht unmöglich.

Mit einem Trick haben Brockmann und Hufnagel 2006 dieses Problem auf indirektem Wege gelöst. Statt die Reisebewegungen von Menschen direkt zu messen, kamen die Wissenschaftler auf die Idee, die



Abbildung 7: Reisebewegungen einzelner Dollarnoten in den USA. Jede Linie symbolisiert die Bewegung eines einzelnen Scheins, jeder Schein war weniger als eine Woche unterwegs. Obwohl die meisten Geldscheine in der Nähe ihres Ursprungsorts wieder auftauchen, bewegt sich ein kleiner, aber substantzieller Anteil über weite Entfernungen. (Farbabbildung 4, S. 38)

geographischen Bewegungen von Geldscheinen zu untersuchen und somit etwas über die Bewegung von Menschen zu erfahren, da es ja Menschen sind, die Geldscheine von einem Ort zum nächsten transportieren. Durch Zufall sind die Wissenschaftler auf eine Internetseite gestoßen, die sie auf diese Idee brachte: *www.wheresgeorge.com*. Auf dieser Internetseite werden die Bewegungen einzelner Dollarscheine in den USA verwaltet und verfolgt. *Wheresgeorge* ist ein Internetspiel, das 1998 von Hank Eskin ohne jeglichen wissenschaftlichen Hintergrund ins Leben gerufen wurde. Die Idee des Spiels ist denkbar einfach: Jeder Mitspieler oder Interessierte kann einzelne Dollarnoten markieren und auf der Internetseite registrieren. Nachdem eine solche Geldnote wieder in Umlauf gebracht wurde, kann eine andere Person den Fund des Geldscheins auf der Seite eintragen, indem Seriennummer, Ort und Zeit notiert werden. Danach geht der Schein wieder in den Umlauf und kann wieder gefunden werden usw. Auf der Website kann man dann genau die geographische Bewegung eines Geldscheins nachschlagen (Abb. 7).

Mittlerweile erfreut sich dieses Spiel großer Popularität, mehr als 100 Millionen markierte Geldscheine sind im Umlauf, von denen etwa 10 % von anderen Personen wiedergefunden wurden. Diese enorme Datenfülle, so die Göttinger Wissenschaftler, könnte eine hervorragende Datenquelle darstellen, um die Gesetzmäßigkeiten des menschlichen Reiseverhaltens zu entschlüsseln, und zwar völlig unabhängig von den zugrunde liegenden Transportmitteln und mit einer Genauigkeit von einigen bis einigen Tausend Kilometern.

Mathematische Gesetze des menschlichen Reiseverhaltens

Für die Entwicklung von Computersimulationen zur Ausbreitung von Krankheiten wie SARS oder Schweingrippe muss der Computer mit Daten, also Zahlen, gefüttert werden. So muss man beispielsweise festlegen, wie häufig eine Reise der Entfernung von 100 km typischerweise auftritt im Vergleich mit einer Reise von 10 oder 1000 km. Intuitiv ist klar, dass man Reisen kurzer Distanz viel häufiger unternimmt als Langstreckenreisen. Aber wie viel häufiger, und wie hängt diese Häufigkeit mit der Distanz zusammen? Eine Computersimulation kann nur funktionieren, wenn man diese Zusammenhänge festlegt, und hat man keine Daten, so muss man mit plausiblen Hypothesen arbeiten, deren Richtigkeit nicht garantiert ist. Die wichtigste Entdeckung in der Analyse der Geldscheinbewegungen war, dass das menschliche Reiseverhalten unerwartet einfachen mathematischen Gesetzmäßigkeiten folgt. Mit der Kenntnis dieser mathematischen Regeln konnte man das menschliche Reiseverhalten quantifizieren und war in der Computersimulation der Pandemien nicht mehr auf Annahmen angewiesen. Eine der Entdeckungen in diesem Kontext war, dass die Häufigkeit $p(r)$ einer Reisedistanz r einem so genannten Potenzgesetz folgt, das in vielen anderen Zusammenhängen in der Natur auftritt:

$$p(r) = \frac{1}{r^{1+\mu}}$$

Der Exponent $\mu = 0,6$ ist ein Parameter, der das Gesetz genau festlegt. Die Entdeckung dieses Gesetzes des Reisens ist umso erstaunlicher, als nach ganz ähnlichen Gesetzen so verschiedene Dinge wie das Einkommen von Personen, die zufälligen Wertzuwächse von Aktien, die Gewichtsverteilung von Scherben eines zu Boden gefallenem Glases und

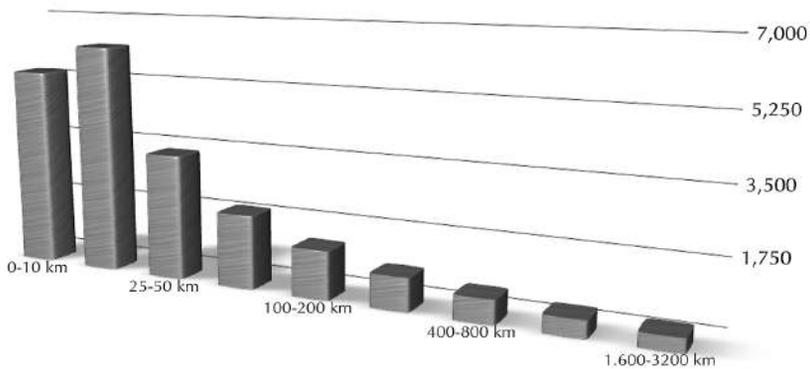


Abbildung 8: Die Häufigkeit der Entfernungen in den geographischen Bewegungen einzelner Dollarscheine, gewonnen aus den Billtracking-Daten der Website *wheresgeorge.com*. Auffällig ist die gleichmäßige Verringerung der Häufigkeit mit der Entfernung, exakt beschrieben durch ein Potenzgesetz.

die Reisedistanzen von Albatrossen auf der Futtersuche beschrieben werden können (Abb. 8).

Dass die Entfernungshäufigkeit einem Potenzgesetz und nicht irgendeiner anderen mathematischen Gesetzmäßigkeit folgt, hat wichtige Konsequenzen. Eine ganz wichtige Konsequenz ist, dass es in der Bewegung der Geldscheine und somit auch im menschlichen Reiseverhalten keine natürliche Längenskala gibt. Was bedeutet das? Ein Vergleich mit einem anderen System kann dies erklären. So hat beispielsweise die Körperlänge erwachsener Menschen eine natürliche Skala. Obwohl alle Menschen unterschiedlich groß sind, ist es sinnvoll, eine bestimmte typische Länge anzugeben, von ca. 150-190 cm. Es gibt keine Menschen, die 10 cm oder 100 m groß sind. Anders verhält es sich mit dem Jahreseinkommen. Hier kann es vorkommen, dass einige wenige Menschen das Hundertfache anderer Menschen verdienen. Ähnlich verhält es sich mit den Reiseentfernungen. Obwohl die allermeisten Reisen auf kurzen Entfernungen stattfinden, existiert ein kleiner, aber substanzieller Anteil von Reisen vielfach größerer Entfernungen.

Wenn wir annehmen, dass die Geldscheine sich im wesentlichen zufällig in den USA bewegen, aber mit einer Potenzgesetzhäufigkeit in den Entfernungen, so kann man diese Bewegung mathematisch als so genannte Lévy Flights beschreiben, eine Zufallsbewegung, deren

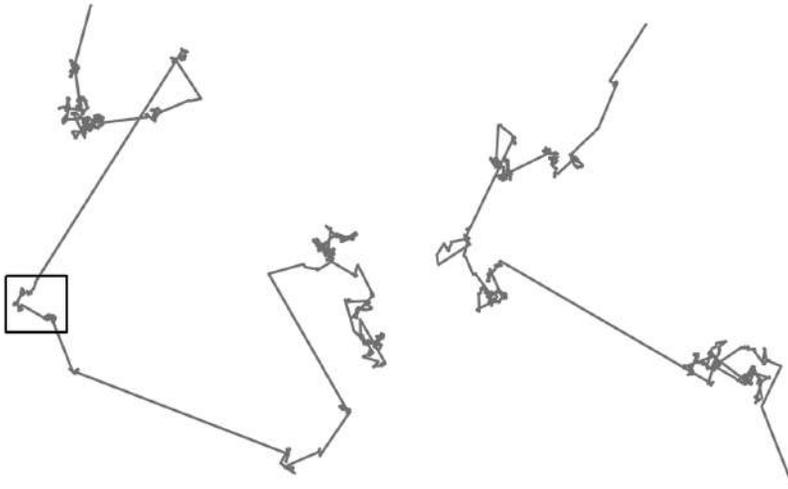


Abbildung 9: Die Bewegung von Dollarnoten in den USA ähnelt einer fraktalen Zufallsbewegung, den Lévy Flights. Charakteristisches Merkmal dieser Prozesse ist ihre Selbstähnlichkeit. Einzelne Teile haben die statistischen Eigenschaften des Ganzen. Das rechte Bild entspricht dem Teilausschnitt (Kasten) des linken.

Eigenschaften der Mathematiker Paul Lévy erstmals erforscht hat. Eine solche Zufallsbewegung ist in Abbildung 9 dargestellt. Eine charakteristische Eigenschaft dieser Lévy Flights ist ihre Skaleninvarianz oder Selbstähnlichkeit. Vergrößert man kleine Regionen der Bewegung, so haben sie dieselben statistischen Eigenschaften wie die gesamte Bewegung. Diese Selbstähnlichkeit gilt auf allen Längenskalen, die Bewegung ist fraktal.

Von Scheinen und Schweinen – die ersten Prognosen

Seit der Entdeckung der Skalengesetze in der Bewegung von Geldscheinen haben Wissenschaftler an der *Northwestern University* in den USA einen weitaus größeren Datensatz der Geldscheinbewegung untersuchen können und sind noch einen Schritt weiter gegangen. Statt die Bewegung einzelner Geldscheine genau zu untersuchen, haben die Forscher aus den Daten ein Geldflussnetzwerk konstruiert (Abb. 10). In

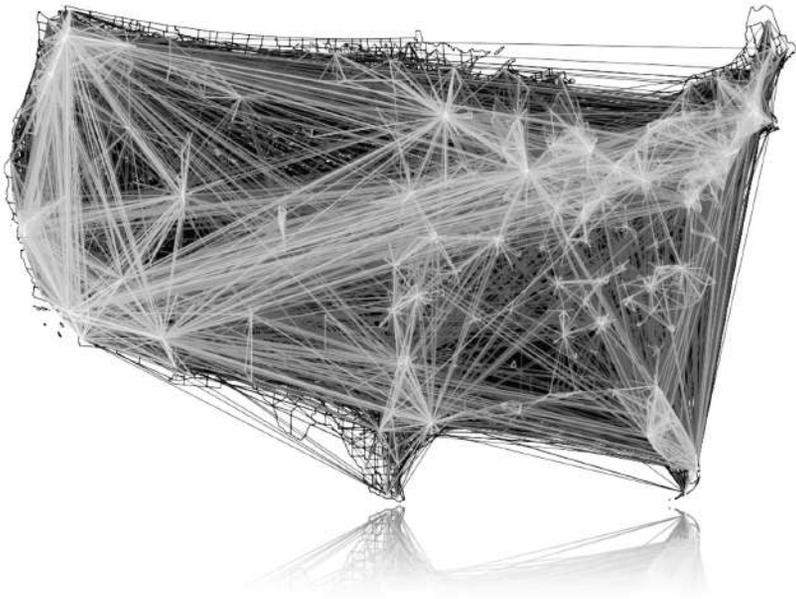


Abbildung 10: Der Fluss von Geldscheinen zwischen den 3109 counties der USA. Die Helligkeit der Linien quantifiziert die Anzahl der Geldscheine, die reisen, wobei helle Linien einen starken und dunkle einen schwächeren Geldfluss symbolisieren.

diesem Netzwerk entspricht jeder Knoten einem der 3109 *Counties* (Landkreise) in den USA und die gewichteten Links zwischen den Knoten entsprechen dem Fluss der Geldscheine pro Zeit. Nimmt man an, dass der Geldscheinfluss proportional zum Reisefluss von Personen ist, repräsentiert dieses Netzwerk bis auf einen Proportionalitätsfaktor das Gesamtreisennetzwerk in den USA. Die Forscher konnten nun eine Computersimulation entwickeln, deren Kern dieses Reisenetzwerk ist und die nicht wie zuvor nur auf dem Flugverkehr großer Reichweite beruht. Als im Frühjahr 2009 in Mexiko ein neues Influenza-A-Virus H1N1, die so genannte Schweingrippe, auftrat und sich rapide in Mexiko auszubreiten begann, haben die Forscher erstmals ihre Computersimulation verwendet, um schon vor dem Ausbruch der Seuche in einer Region die genaue Ausbreitung in den USA vorherzusagen. Anfang Mai 2009 wurden auf den Internetseiten der Arbeitsgruppe an der *Northwestern University* die ersten Prognosen des Verlaufs bis Ende

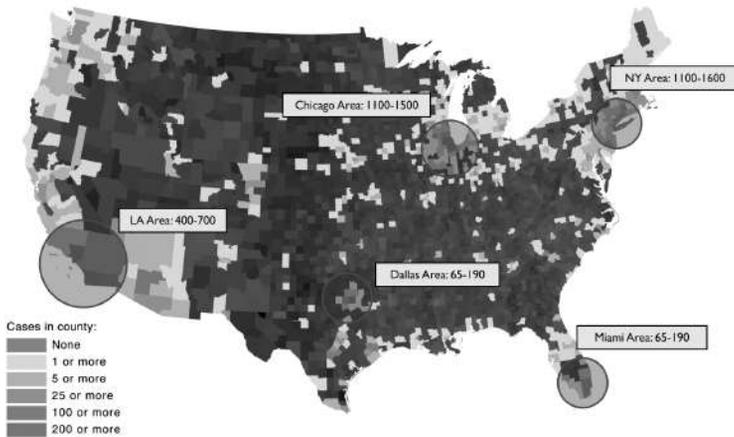


Abbildung 11: Die Ausbreitung eines neuen Influenza-A-Virus, Subtyp H1N1 (Schweinegrippe) in den USA. Die Abbildung zeigt eine Computerprognose vom 2. Mai 2009 für den 17. Mai. Die Computersimulation basiert auf der geographischen Zirkulation von Geldscheinen und deckte sich sehr genau mit der tatsächlichen Ausbreitung von H1N1 Ende Mai 2009. (Farbabbildung 5, S. 38)

Mai publiziert (Abb. 11). Bis zu diesem Zeitpunkt hatten Wissenschaftler mit Hilfe von Computermodellen ausschließlich Pandemien der Vergangenheit zu reproduzieren versucht. Mit dem Versuch einer echten Vorhersage im Fall der Schweinegrippe betrat man also Neuland und es war der erste Test, wie erfolgreich diese Modelle in Wirklichkeit sein würden. Erstaunlicherweise deckte sich gerade in den ersten Wochen die Ausbreitung in den USA mit den Prognosen, die das Modell berechnet hatte. Somit konnte das Internetspiel *wheresgeorge.com* einen wichtigen Beitrag zum Verständnis und zur Vorhersage von menschlichen Infektionskrankheiten in den USA leisten.

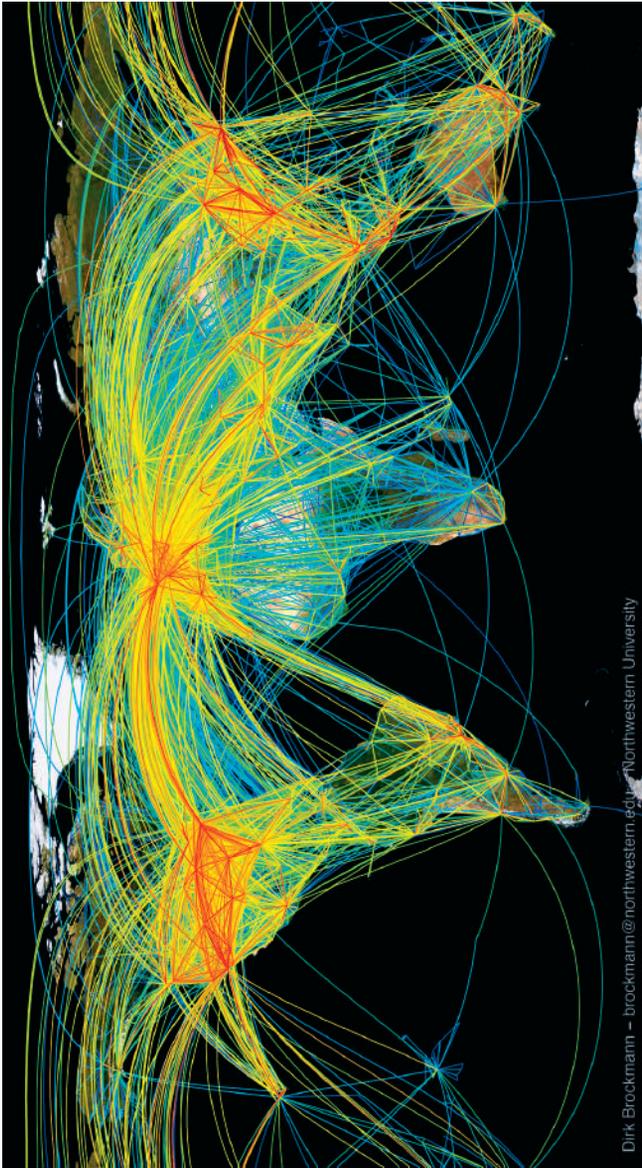
Fazit

Die Entdeckung verschiedener Skalengesetze in der Bewegung der Geldscheine und damit im menschlichen Reiseverhalten ist nur der erste Schritt eines ganz neuen Forschungsgebiets. Die Verwendung neuer Datenquellen, die moderne Technologien wie z.B. satellitengestützte Positionsmessung (GPS) oder die so genannten »Social Networks« wie

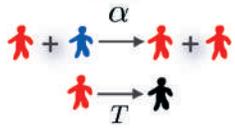
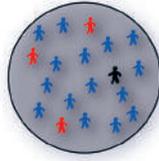
Facebook, *MySpace* und *studiVZ* zur Verfügungen stellen, sind wichtige Elemente in der Entwicklung von Computersimulationen zur Prognose der geographischen Ausbreitung von Seuchen. Ist es das Ziel, Prognosen sowohl lokal, z. B. auf Landkreisebene, als auch global zu berechnen, sind sowohl hochauflösende Daten über das menschliche Reiseverhalten als auch damit einhergehende quantitative Theorien zur Erklärung dieser Daten wichtige konzeptionelle Pfeiler. Obwohl durch die rasant wachsende Erdbevölkerung und das Wachstum von Handels- und Personenverkehrsnetzwerken die Bedrohung durch Pandemien neuartiger Infektionskrankheiten gewachsen ist, kann dieser Gefahr durch immer bessere und mittlerweile erfolgreich prognostizierende Modelle zur Ausbreitung dieser Seuchen entgegen gewirkt werden. Es bleibt zu hoffen, dass schon in den nächsten Jahren durch noch schnellere Computersysteme und genauere Daten sehr früh nach dem Auftreten einer neuen Epidemie genau vorhergesagt werden kann, wann und wo mit welcher Fallzahl gerechnet werden muss, sodass man lokal und effektiv Gegenmaßnahmen ergreifen kann.

Literatur

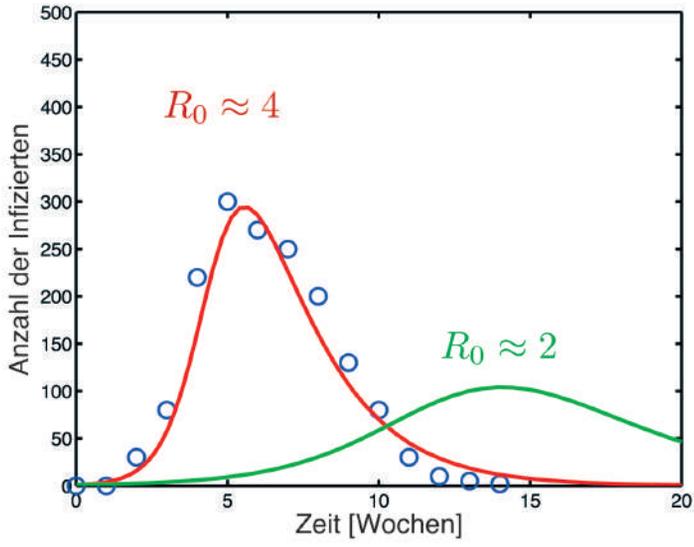
- Anderson R.M. und May R.M. (1979) Population biology of Infectious diseases 1. *Nature* 280 (5721), S. 361-367.
- Brockmann D., Hufnagel L. und Geisel T. (2006) The scaling laws of human travel. *Nature* Bd. 439 (7075), S. 462-465.
- Brockmann D. und Theis F.J. (2008) Money Circulation, Trackable Items, and the Emergence of Universal Human Mobility Patterns. *IEEE Pervasive Computing* 7 (4), S. 28-35.
- Hufnagel L., Brockmann D. und Geisel T. (2004) Forecast and control of epidemics in a globalized world. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 101 (42), S. 15124-15129.
- Kermack W.O. und McKendrick A.G. (1927) A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A* 115, S. 700-721.
- May R.M. und Anderson R.M. (1979) Population biology of Infectious diseases 2. *Nature* 280 (5722) S. 455-461.



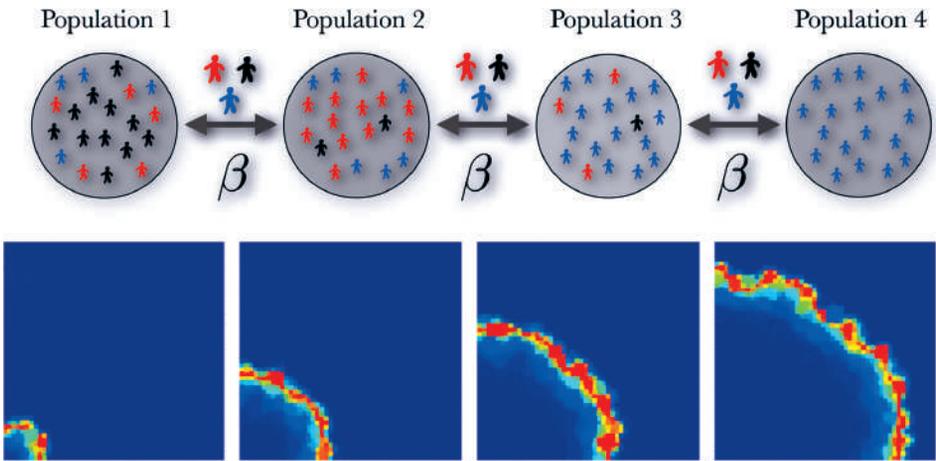
Farbabbildung 1: Der weltweite Flugverkehr. Dargestellt sind Flugverkehrsströme zwischen den 500 größten Flughäfen weltweit. Die Intensität (Passagiere pro Tag) ist farblich kodiert, rot entspricht dabei der höchsten Intensität. Jährlich fliegen ca. drei Milliarden Passagiere weltweit. (Modelle zur Seuchenausbreitung, S. 12)



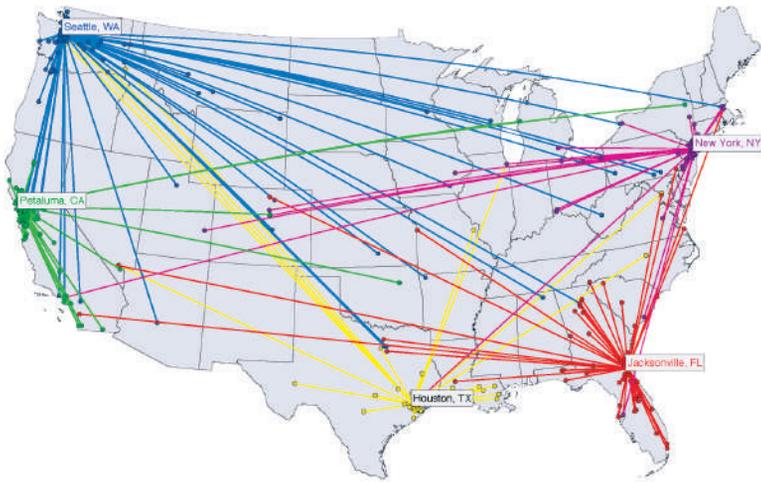
$N = 763$
 $T \approx 2 \text{ Wochen}$
 $I_{\max} \rightarrow \alpha \approx 1.9$



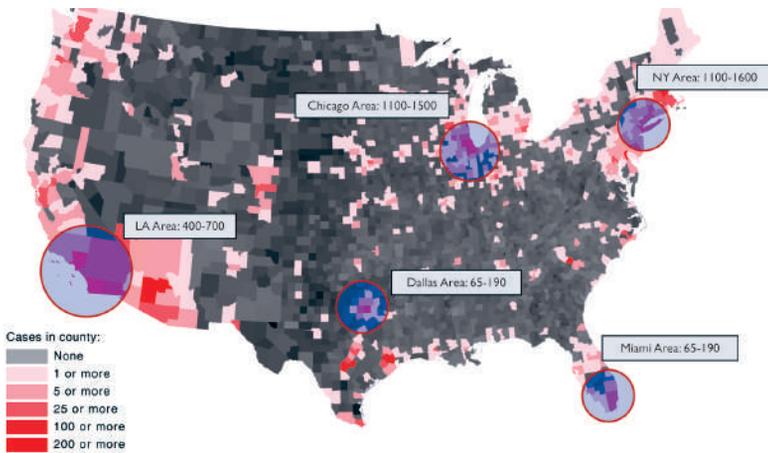
Farabbildung 2: Dynamik einer Masern-Epidemie und deren Beschreibung durch das SIR-Modell. Die blauen Punkte symbolisieren die Anzahl infizierter Schüler eines englischen Internats als Funktion der Zeit. Die rote Linie ist die Lösung des SIR-Modells mit den Modellparametern $R_0 = 4$ und $T = 2$ Wochen. Die grüne Kurve zeigt den vergleichsweise milderen Verlauf, wenn die Basisreproduktionszahl auf den Wert 2 reduziert wird, z. B. durch Eindämmungsstrategien. (Modelle zur Seuchenausbreitung, S. 21)



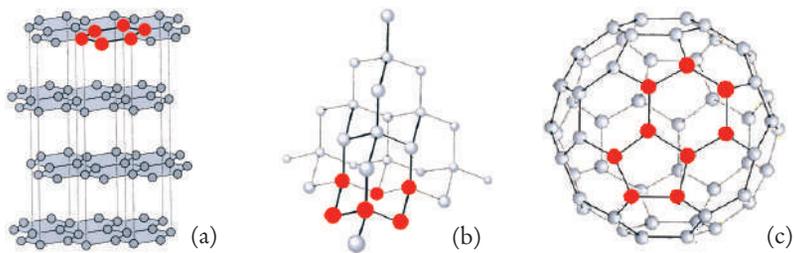
Farbabbildung 3: Ein Modell zur geographischen Ausbreitung von Infektionskrankheiten: Das einfache SIR-Modell für eine Population kann erweitert werden, indem die Reisebewegungen einzelner Individuen zwischen verschiedenen Populationen explizit in das Modell integriert werden. Im einfachsten Fall betrachtet man regelmäßig angeordnete Einzelpopulationen und beschreibt die Bewegung der Personen durch einen Reiseparameter β . Dieser Parameter bestimmt die Anzahl der Personen, die im Mittel zwischen zwei Populationen hin- und herreisen. Im oberen Schema verläuft die Epidemie von links nach rechts. Während in Population 1 schon der überwiegende Anteil der Personen immun ist, ist Population 4 von der Epidemie noch völlig unberührt. Die meisten Infizierten befinden sich in Population 2. Auf einer größeren Skala (unten), in der jedes Bildpixel einer Population entspricht, bildet sich eine Wellenfront, die ähnlich bei der Ausbreitung der Pest in Europa beobachtet wurde. Essenziell für diese Art der Ausbreitung ist ein auf Nachbarpopulationen beschränktes Reiseverhalten. (Modelle zur Seuchenausbreitung, S. 22)



Farbabbildung 4: Reisebewegungen einzelner Dollarnoten in den USA. Jede Linie symbolisiert die Bewegung eines einzelnen Scheins, jeder Schein war weniger als eine Woche unterwegs. Obwohl die meisten Geldscheine in der Nähe ihres Ursprungsorts wieder auftauchen, bewegt sich ein kleiner, aber substanziieller Anteil über weite Entfernungen. (Modelle zur Seuchenausbreitung, S. 28)



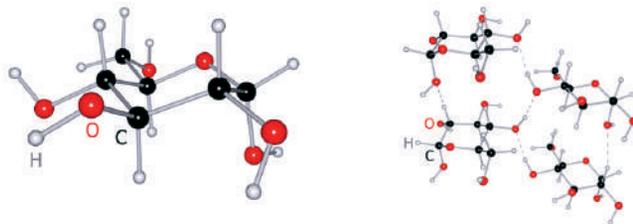
Farbabbildung 5: Die Ausbreitung eines neuen Influenza-A-Virus, Subtyp H1N1 (Schweinegrippe) in den USA. Die Abbildung zeigt eine Computerprognose vom 2. Mai 2009 für den 17. Mai. Die Computersimulation basiert auf der geographischen Zirkulation von Geldscheinen und deckte sich sehr genau mit der tatsächlichen Ausbreitung von H1N1 Ende Mai 2009. (Modelle zur Seuchenausbreitung, S. 33)



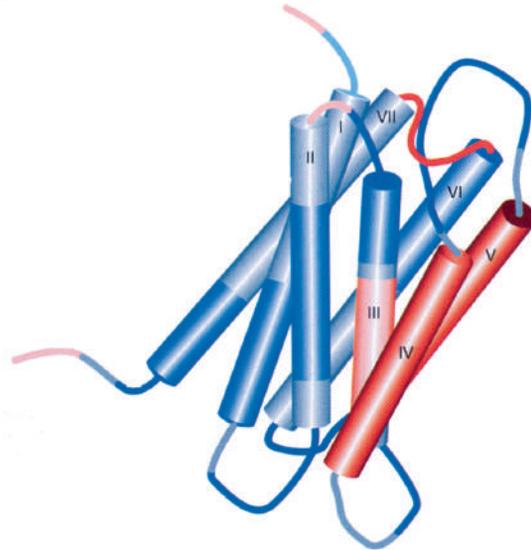
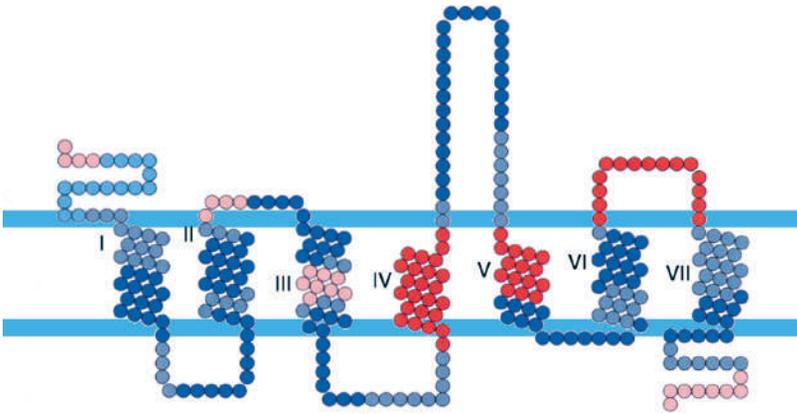
Farbabbildung 6: Atomarer Aufbau der Graphitschichten (a), des Diamants (b) und eines C₆₀-Fulleren-Moleküls (c). (Die Kunst Atome sichtbar zu machen, S. 48)



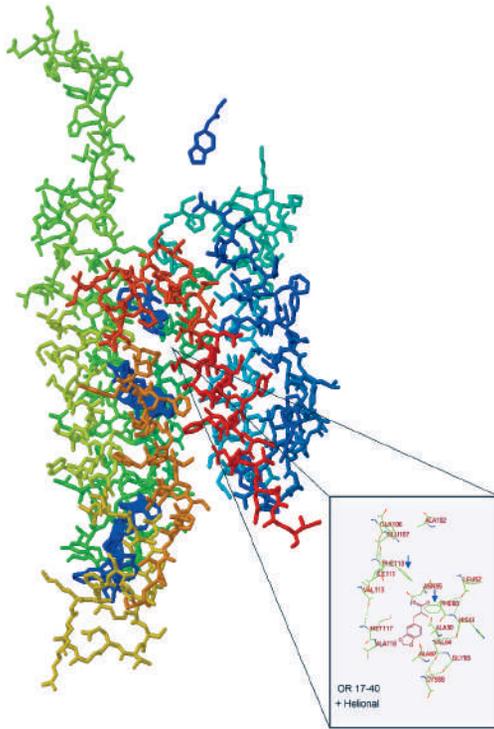
Farbabbildung 7: Rasterelektronenmikroskop-Aufnahme von Graphit (a), Fullereene in Lösung (b), Nano-Transporter aus über Kohlenwasserstoffeinheiten verknüpften Fulleren-Einheiten (c). (Die Kunst Atome sichtbar zu machen, S. 49)



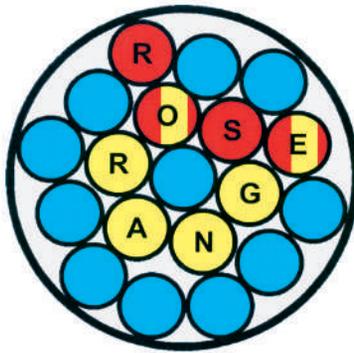
Farbabbildung 8: Links: Röntgenstrukturanalytisch ermittelte Struktur von α -D-Glucopyranose (Ringform des Speisezuckers, H: Wasserstoffatome, O: Sauerstoffatome, C: Kohlenstoffatome). Rechts: Wechselwirkung der Moleküle über Wasserstoffbrückenbindungen (gestrichelte Linien). (Die Kunst Atome sichtbar zu machen, S. 52)



Farbabbildung 9: Struktur eines menschlichen Riechrezeptors.
 (Die Macht der Düfte, S. 86)



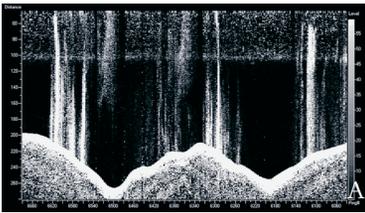
Farbabbildung 10: Hypothetisches Computermodell der Bindestelle am menschlichen Riechrezeptor OR 17-40 (entwickelt mit Prof. C. Anselmi, Universität Siena/Italien). (Die Macht der Düfte, S. 93)



Farbabbildung 11: Modell der Unterscheidung des Rosen- und Orangenduftes im Bulbus olfactorius durch kombinatorische Aktivierung von Glomeruli («Gestalterkennung»). (Die Macht der Düfte, S. 94)



Farbabbildung 12: Gas hydrate from the seabed in the eastern Pacific Ocean off the coast of Oregon. (Source: IfM-GEOMAR). (Methane in the oceans, S. 99)



Farbabbildung 13: A Echogram recorded by a ship sailing across the outer shelf of the northwestern Black Sea at a water depth of 300 m. The white hills on the bottom show the wavy seafloor topography. White vertical »flares« in the water column show multiple ascending methane gas bubbles. B Underwater photo of the sea floor taken from a submersible (JAGO). Streams of methane gas bubbles are seen rising from three small outlets in the sea floor. C A 60-cm high column consisting of an inner carbonate structure and coated by a 5-cm thick biofilm of methane oxidizing microorganisms. D Close-up photo of the top of the column showing dark-gray spheres inside of which the most intensive methane oxidation takes place. (Source: METROL project). (Methane in the oceans, S. 105)

Stephan Deuerlein und Dietmar Stalke

Die Kunst Atome sichtbar zu machen

Seit Jahrtausenden versucht der Mensch, hinter die Dinge zu sehen und zu verstehen, welche Kräfte die Welt und insbesondere seine direkte Umgebung zusammenhalten und lenken. Bei diesen Überlegungen spielte die Frage eine zentrale Rolle, ob Stoffe sich bis ins Unendliche weiter zerlegen lassen oder ob man an einem gewissen Punkt zu unteilbar kleinen Einheiten gelangt. Aufgrund der fehlenden Möglichkeiten, diese Frage wissenschaftlich zu klären, blieben die ersten Ansätze und Überlegungen Gegenstand von naturphilosophischen Disputationen. So waren es ca. 450 v. Chr. der griechische Naturgelehrte *Demokrit* und sein Mentor *Leukipp*, die die Meinung vertraten, dass die Welt aus so genannten Atomen (*ἄτομος/átomos*, griech. unteilbar) aufgebaut ist. Zwischen diesen Atomen gibt es nur leeren Raum. Die Eigenschaften der makroskopischen, also sichtbaren und greifbaren Substanzen sollten dieser Lehre nach von dem Mengenverhältnis der Atome und ihren Wechselwirkungen bestimmt sein. Da diese Theorie nicht bewiesen werden konnte und dem damaligen Blick auf die Welt als gottgeschaffenes Ganzes widersprach, wurde sie von den Zeitgenossen *Demokrits* verworfen und geriet in Vergessenheit. Allerdings konnte sich *Empedokles* mit einem recht ähnlichen Ansatz, nämlich dass alle Stoffe aus den vier göttlichen, nicht fassbaren Elementen Feuer (*Zeus*), Luft (*Hera*), Erde (*Hades/Pluto*) und Wasser (*Persephone*) bestehen, durchsetzen.

Die Vier-Elemente-Lehre dominierte bis in das 17. Jahrhundert hinein die Gedankenwelt der Naturlehre. Ließen sich beispielsweise in der Alchemie Stoffe nicht auf eines dieser Elemente reduzieren, so wurde dies dem Phlogiston zugeschrieben. Erst *Sir Isaac Newton* besann sich zurück auf die Atomtheorie und versuchte, diese zu etablieren. *John Dalton*, einem englischen Chemiker, gelang dies 1803 mit seiner Beobachtung, dass bei allen chemischen Reaktionen das Mengenverhältnis der zugrunde liegenden Stoffe (Elemente) konstant bleibt. Um 1900 konnte der theoretische Physiker *Ludwig Boltzmann* zeigen, dass sich einige Eigenschaften von Gasen und Kristallen mit der Existenz von Atomen erklären lassen. Ein wirklicher experimenteller Beweis der

Atomtheorie gelang erst 1906 *Ernest Rutherford*. Er beschoss eine extrem dünne Goldfolie mit α -Teilchen/Strahlen und konnte aus der Tatsache, dass einige Teilchen die Folie unbeeinflusst durchdrangen und andere abgelenkt wurden, die Existenz der Atome ableiten.

Die gerade etablierte Theorie der Atome als kleinste, nicht weiter teilbare Teilchen musste allerdings sehr bald revidiert werden, da man herausfand, dass sie sich weiter in Neutronen, Protonen und Elektronen zerlegen lassen. Trotzdem wurde die Bezeichnung Atome beibehalten, da eine Spaltung in kleinere Bruchstücke nicht chemisch, sondern nur physikalisch möglich ist. Inzwischen geht man davon aus, dass man in der Physik mit den Leptonen, Bosonen und Quarks im Standardmodell der Elementarteilchen die fundamentalen Bausteine der Materie gefunden hat.

Seit der Formulierung der Atomtheorie durch *Boltzmann* konnten die Eigenschaften von Substanzen durch die Kenntnis der atomaren Zusammensetzung, der Atomanordnung und der Art ihrer Verknüpfung erklärt und teilweise vorhergesagt werden. In dem Maß, in dem dabei das Wissen über die genannten Faktoren zunahm, verbesserten sich auch die getroffenen Aussagen und wurden allgemeingültiger.

Die Kenntnis und Vorhersage von chemischen und physikalischen Eigenschaften ist in der gesamten Chemie von großer Bedeutung. Chemiker versuchen, eine Verbindung oder ein Produkt bestimmten Anforderungen entsprechend zu entwickeln. Erst wenn bekannt ist, welche Atomanordnung notwendig ist, um eine Eigenschaft hervorzurufen, kann man gezielt Moleküle modifizieren oder neue gestalten. Besonders in der pharmazeutischen Industrie sind diese Aspekte wichtig, da Wirkstoffe genau auf die gewünschten Bindungsstellen (Rezeptoren) im Organismus abgestimmt werden müssen, um keine unerwünschten Nebenwirkungen zu zeigen. Aber auch bei der Herstellung von Werkstoffen, Materialien und Katalysatoren ist diese Kenntnis unabdingbar.

Im folgenden Kapitel wird anhand der verschiedenen Erscheinungsformen des Kohlenstoffs aufgezeigt, wie der atomare Aufbau mit den mikroskopischen und makroskopischen Eigenschaften zusammenhängt. Im dritten Kapitel wird beschrieben, wie eine Aufklärung der Struktur von Materie auf atomarer Ebene möglich ist und welche Methoden dafür heutzutage angewendet werden.

Erscheinungsformen des Kohlenstoffs

Substanzen ein und derselben Zusammensetzung weisen dennoch unterschiedliche Eigenschaften auf, wenn sich die Verknüpfungen und Anordnungen der Atome unterscheiden. Reiner Kohlenstoff bietet sich hierfür als Beispiel besonders an, da keine Wechselwirkungen mit anderen Atomsorten betrachtet werden müssen und somit die Unterschiede allein auf den geometrischen Aufbau und die Bindungssituation zurückgeführt werden können. Kohlenstoff steht erst an der 17. Stelle der natürlichen Häufigkeit und ist ein sehr vielseitiges Element. Er wird häufig als Element des Lebens bezeichnet. Dies liegt an der früheren Annahme, dass nur lebende Systeme (Pflanzen und Tiere) mittels einer *vis vitalis* (Lebenskraft) kohlenstoffhaltige Verbindungen synthetisieren können. Daher wird die Chemie der Kohlenstoffverbindungen auch als organische Chemie bezeichnet. Erst *Friedrich Wöhler* gelang es 1828 aus dem anorganischen Ammoniumcyanat die organische Verbindung Harnstoff herzustellen und damit diese These zu widerlegen. Seitdem wurden unzählig viele organische Verbindungen mit sehr unterschiedlichen Eigenschaften dargestellt.

Kohlenstoff tritt in drei verschiedenen Erscheinungsformen auf, die als Modifikationen bezeichnet werden. Zwei dieser Modifikationen, der Graphit und der Diamant, sind allgemein bekannt. Die dritte Modifikation, das Fulleren, ist erst 1985 entdeckt worden.

Der Feststoff Graphit ist die am weitesten verbreitete Kohlenstoffmodifikation. Der Name Graphit kommt vom griechischen Wort für schreiben *γραφειν/graphhein*. Dies zeigt gleichzeitig die wohl bekannteste Anwendung: Trotz ihres Namens besteht eine Bleistiftmine nämlich hauptsächlich aus Graphit. Diese Kohlenstoff-Modifikation weist zudem äußerst gute Eigenschaften als Schmierstoff auf und leitet elektrischen Strom. In organischen Lösungsmitteln ist Graphit nicht löslich. Aus diesen drei Gründen wird er auch als Dauerschmiermittel im Maschinenbau und als Elektrodenmaterial (z. B. Kohlebürste in elektrischen Motoren, Graphitelektrode für elektrochemische Anlagen) eingesetzt.

Die diamantene Modifikation des Kohlenstoffs ist in der Natur sehr selten, da sie nur unter extremen Druck- und Temperaturverhältnissen ($p > 60.000$ bar und $T > 1500$ °C) entsteht. Auf natürlichem Weg bildet sich Diamant in ca. 150 km Tiefe unter der Erdoberfläche. Die Diamanten gelangen dann durch Vulkanschlote an die Erdoberfläche. Mit einer

Mohs-Härte von 10 sind Diamanten die härtesten bekannten Stoffe. Mit ihnen lässt sich also jedes beliebige Material ritzen. Aus diesem Grund werden künstlich hergestellte Diamanten häufig als Schleifmittel eingesetzt, da sie die 140fache Schleifhärte von Al_2O_3 (Korund) aufweisen. Wie Graphit sind Diamanten in organischen Lösungsmitteln unlöslich. Im Gegensatz zu diesem erweisen sie sich aber als Isolatoren, leiten den elektrischen Strom also nicht. Der wohl erste jemals gefundene Diamant wird als *Koh-i-Noor* bezeichnet und wurde einer Legende nach ca. 3000 v. Chr. in Indien entdeckt. Im Urzustand wog er 186 Karat/37,2 g, wurde aber auf 109 Karat/21,8 g zurechtgeschliffen. Er befindet sich heute im Besitz der englischen Krone und ist im Tower of London als Teil der britischen Kronjuwelen (Bestandteil der Krone von Königin Elizabeth) ausgestellt. Der größte jemals entdeckte Rohdiamant ist der *Cullinan*. Er wog 3.106 Karat/621,2 g und wurde aufgrund des enormen Gewichts in 105 Teile gespalten. Die neun größten Stücke sind ebenfalls Teil der britischen Kronjuwelen. *Cullinan I* (*Großer Stern von Afrika*, 530 Karat/106 g) wurde in das Zepter von *Edward VII.* eingearbeitet. Er kann aus dem Zepter entnommen und als Anhänger getragen werden. *Cullinan II* (*Kleiner Stern von Afrika*, 317 Karat/63,4 g) ist auf der Stirnplatte der *Imperial State Crown* (britische Königskrone) angebracht.

Fullerene, die dritte Kohlenstoffmodifikation, haben eine verschwindend geringe natürliche Häufigkeit. Sie wurden deshalb auch nicht in der Natur, sondern 1985 im Labor bei einem Lichtbogenexperiment entdeckt. *Robert Curl*, *Harold Kroto* und *Richard Smalley* erhielten für diese Entdeckung 1996 den Nobelpreis. Erst nachdem diese Modifikation bekannt war, konnten Fullerene auch außerhalb der Laboratorien nachgewiesen werden. So enthält beispielsweise Ruß geringe Spuren von Fullerenen. Die Fulleren-Modifikation des Kohlenstoffs besteht allerdings nicht wie Graphit und Diamant aus einer einheitlichen Struktur, sondern kommt in vielen verschiedenen Varianten vor. Fullerene sind Feststoffe, die sich im Gegensatz zu den bisher genannten Kohlenstoff-Modifikationen gut in organischen Lösungsmitteln lösen lassen. Sie leiten wie Diamant keinen Strom. Allerdings liegt ihr Sublimationspunkt mit ca. 400 °C deutlich unterhalb der Sublimationspunkte für Graphit und Diamant (3825 °C und 3547 °C). Fullerene sind in Reinform violett (Graphit: schwarz, Diamant: farblos), in Lösung variiert die Farbe von orange bis violett.

<i>Modifikation</i>	<i>Farbe</i>	<i>Festigkeit</i>	<i>Sublimationspunkt</i>	<i>elektrische Leitfähigkeit</i>
Graphit	schwarz	Schmiermittel	3825 °C	guter Leiter
Diamant	farblos	härtestes bekanntes Material	3547 °C	Isolator
Fullerene	violett	Schmiermittel	≈ 400 °C	Isolator

Tabelle 1: Eigenschaften der verschiedenen Modifikationen des Kohlenstoffs.

Beziehung zwischen Atomstruktur und Eigenschaften

Vergleicht man die drei Kohlenstoff-Modifikationen miteinander (Tabelle 1), so wird klar, dass die physikalischen Eigenschaften eines Stoffes nicht nur von den chemischen Inhaltsstoffen bestimmt sind, sondern dass sich die makroskopischen Eigenschaften einer Substanz durch den atomaren Aufbau erklären lassen. Unter diesem Gesichtspunkt werden im Folgenden die atomaren Strukturen der Kohlenstoffmodifikationen miteinander verglichen.

Graphit ist mikroskopisch aus vielen gestapelten Schichten aufgebaut. Dies lässt sich bei der Vergrößerung eines Rasterelektronenmikroskops gut erkennen (Abb. 2a). Auch auf atomarer Ebene findet man diesen Aufbau wieder. Die Kohlenstoffatome sind im Graphit zu planaren Sechs-Ringen verbunden, die sich nach Art der Bienenwaben zu zweidimensionalen Ebenen verknüpfen (Abb. 1a). Der Aufbau aus Sechsecken wird in der hexagonalen Kristallform des Graphits widergespiegelt. Die Planarität der sechsgliedrigen Ringe liegt in der sp^2 -Hybridisierung aller Kohlenstoffatome begründet. Auf diese Weise wird innerhalb der Ebenen ein komplett delokalisiertes π -Elektronensystem ausgebildet. Die damit verbundene Beweglichkeit der Elektronen führt zur fast metallischen Leitfähigkeit des Graphits entlang der Schichtebenen. Da zwischen den Ebenen fast keine Kräfte wirken, lassen sich diese leicht gegeneinander verschieben, was die Schmierfähigkeit dieser Kohlenstoff-Modifikation erklärt.

Im Diamant sind die Kohlenstoffatome nicht nur zwei- sondern dreidimensional untereinander verknüpft. Die sechsgliedrigen Ringe weisen hierbei eine Winkelung auf (Sesselkonfiguration, Abb. 1b), da

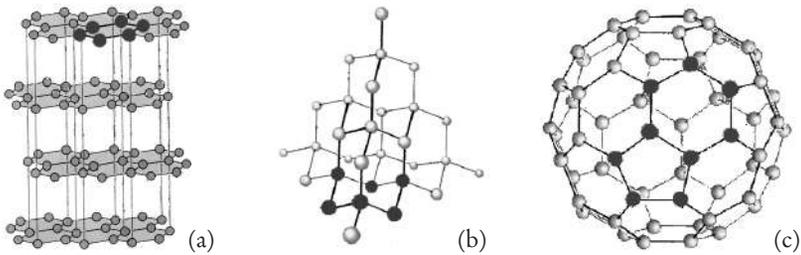


Abbildung 1: Atomarer Aufbau der Graphitschichten (a), des Diamants (b) und eines C₆₀-Fulleren-Moleküls (c). (Farbabbildung 6, S. 39)

die Atome sp^3 -hybridisiert sind. Eine Verschiebung einzelner Atome ist ohne Bindungsbruch nicht möglich, deshalb muss sehr viel Energie aufgewendet werden, um einen Diamanten zu verformen. Aus diesem Grund sind Diamanten so harte Werkstoffe. Diamanten sind Nichtleiter, da alle Elektronen in Bindungen lokalisiert sind.

Fullerene sind nicht aus unendlichen zwei- oder dreidimensionalen Netzen aufgebaut, sondern bestehen aus abgeschlossenen molekularen Einheiten. Das bekannteste und zuerst entdeckte Fulleren besteht aus 60 Kohlenstoffatomen, die zu einer Kugel zusammengeschlossen sind. Da diese Kugeln wie die von *Buckminster Fuller* gebaute geodätische Kuppel (amerikanischer Pavillon bei der Expo 1967 in Montreal) aussehen, bezeichnete man sie als Fullerene. C₆₀ wird daher häufig auch als *Bucky Ball* bezeichnet. Der Aufbau von C₆₀ gleicht dem Muster eines klassischen Fußballs. Um die Kugelgestalt zu formen, sind hierbei die Kohlenstoff-Sechs-Ringe mit Fünf-Ringen so verknüpft, dass sich die Fünf-Ringe nicht berühren (Abb. 1d). Neben C₆₀ sind inzwischen viele weitere Fullerene bekannt, deren Stabilität geringer ist, wenn das Sechs-zu-Fünf-Ring-Verhältnis verändert wird. Die kleinste, allerdings instabile Form ist das C₂₀-Molekül (ein Dodekaeder). Da die π -Elektronensysteme der sechsgliedrigen Ringe nicht miteinander kommunizieren, also kein Gesamtsystem aufbauen, sind Fullerene nichtleitend. Der Aufbau aus diskreten Molekülen erklärt auch die beiden hauptsächlichen Unterschiede zu Graphit und Diamant, die Löslichkeit und den Sublimationspunkt. Da die Fulleren-Moleküle abgeschlossene Einheiten darstellen, zwischen denen nur sehr geringe Kräfte wirken, lassen sie sich leicht von Lösungsmittelmolekülen umgeben und voneinander trennen (Abb. 2b). Im gleichen Sinn reicht eine

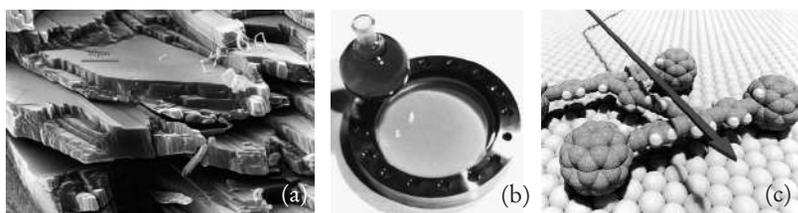


Abbildung 2: Rasterelektronenmikroskop-Aufnahme von Graphit (a), Fullereene in Lösung (b) Nano-Transporter aus über Kohlenwasserstoffeinheiten verknüpften Fulleren-Einheiten (c). (Farbabbildung 7, S. 39)

geringe Energiezufuhr, die dem Aufheizen auf 400 °C entspricht, aus, um einzelne Moleküle aus dem Festkörper herauszulösen und in die Gasphase zu bringen. Bei Graphit oder Diamant hingegen müssen immer Bindungen gebrochen werden, wenn Kohlenstoffatome dem Verband entnommen werden sollen.

Eine veränderte atomare Struktur eines Reinstoffs wie Kohlenstoff kann zu einem stark modifizierten Eigenschaftsprofil (Löslichkeit, Härte, Leitfähigkeit usw.) führen. Weiterhin lassen sich die beobachteten Veränderungen mit Kenntnis des atomaren Aufbaus erklären. Dies ist in der klassischen Chemie von großem Interesse, da sich so bestimmte Reaktionspartner maßschneidern lassen. Noch entscheidender ist diese Kenntnis im Bereich der Biochemie, da sich hier die Strukturinformation und Bindungssituation direkt in verbesserte Wirkstoffe überführen lassen. Die Kenntnis der atomaren Struktur ermöglichte außerdem, die oben beschriebenen Fullereene probeweise als Nano-Transporter einzusetzen. Hierzu wurden einzelne Fulleren-Moleküle über Kohlenwasserstoff-Einheiten miteinander verknüpft, sodass das Chassis eines Nano-Fahrzeugs entstand (Abb. 8). Dieses Gefährt bewegt sich auf einer Goldoberfläche selbsttätig ab einer Temperatur von 170 °C. Wird ein Alken zur Verbindung der »Fulleren-Räder« verwendet, so lässt sich das Fahrzeug auch gezielt durch gepulste Laserbestrahlung unter Ausnutzung der Isomerisierung der Doppelbindung antreiben.

Im Folgenden soll noch ein Beispiel erläutert werden, das zeigt, welche Folgen die fehlende Kenntnis der genauen atomaren Struktur und damit auch des Eigenschaftsprofils in der Pharmakologie haben kann. 1957 brachte *Grünenthal* das Schlafmittel Thalidomid unter dem Na-

men *Contergan* auf den Markt. Bei den klinischen Tests wurde allerdings nicht beachtet, welche unterschiedlichen Wirkungen die beiden Formen (R- und S-Enantiomer) des Wirkstoffs haben. Enantiomere verhalten sich zueinander wie Bild und Spiegelbild oder wie die rechte zur linken Hand. Während das R-Enantiomer wie gewünscht als nebenwirkungsarmes Schlafmittel fungiert, wirkt das S-Enantiomer stark fruchtschädigend bei schwangeren Frauen. So wurden zwischen 1957 und 1961 ca. 20.000 geschädigte Kinder geboren, bis der Zusammenhang erkannt und das Medikament vom Markt genommen wurde. Bereits die Einnahme einer Tablette in den ersten drei Schwangerschaftsmonaten genügt, um massive Missbildungen der Extremitäten hervorzurufen. Eine genaue Kenntnis der Rezeptorbeschaffheiten im Körper bzw. eine getrennte Untersuchung der beiden Formen hätte eine Vorhersage der Wirkung möglich gemacht und die *Contergan*-Tragödie möglicherweise verhindert.

Bestimmung der atomaren Struktur durch Röntgenbeugung

Warum die Kenntnis des atomaren Aufbaus einer Substanz unerlässlich ist, wurde im vorangehenden Kapitel dargestellt, jedoch wurden die Probleme bei der Bestimmung der atomaren Struktur zunächst ausgeklammert. Das größte Problem ist die enorm geringe Größe der Atome. Sie sind nur ca. $1 \cdot 10^{-10}$ m ($= 1 \text{ \AA}/0.1 \text{ nm}$) groß, während ihr Kern sogar nur ca. $1 \cdot 10^{-15}$ m ($= 1 \text{ fm}$) misst. Dies ist so klein, dass wenn man ein Atom auf die Größe eines Tennisballs vergrößern würde, dieser im selben Maßstab vergrößert auf die Größe der Sonne anwachsen würde. Daraus ergibt sich, dass Atome mit bloßem Auge nicht zu erkennen sind. Eine ca. 10^{10} -fache Vergrößerung genügt aber nicht, um sie für uns sichtbar zu machen. Aufgrund der geringen Größe wechselwirken Atome nämlich nicht mit sichtbarem Licht, bleiben also selbst bei extremer Vergrößerung für unsere Augen unsichtbar. Um Atome sehen zu können, muss man also Strahlung einer Wellenlänge verwenden, die eine ähnliche Größenordnung wie die Atome selbst hat. Hierfür bietet sich die Röntgenstrahlung mit einer Wellenlänge von 10^{-8} - 10^{-12} m an.

Die Röntgenstrahlung wurde 1895 von *Wilhelm Conrad Röntgen* an der Universität Würzburg entdeckt. Röntgen selbst nannte sie X-Strahlen und erst nach seinem Tod kam zu seinen Ehren die Bezeichnung

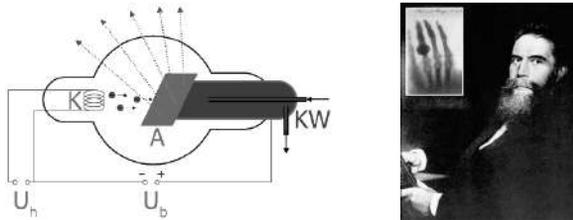


Abbildung 3: Schematischer Aufbau einer Röntgenröhre (K: Glühkathode, A: Anode, U_h : Heizspannung, U_b : Beschleunigungsspannung, KW: Kühlwasser) und W. C. Röntgen mit Röntgenaufnahme seiner Hand, am Ringfinger der Ehering.

Röntgenstrahlen auf. Beschleunigt man in einer Kathodenstrahlröhre (*Braunsche Röhre*, Fernsehrohr) die von einer Glühkathode ausgesandten Elektronen hin zur Anode, wird beim Eintreten der Elektronen in das Anodenmaterial Röntgenstrahlung frei (Abb. 3a). Diese setzt sich aus einem breiten Spektrum von Bremsstrahlung und der materialabhängigen charakteristischen Röntgenstrahlung zusammen.

Würde man mit ausreichend intensiver Röntgenstrahlung ein Objekt durchleuchten, das Bild dann mittels eines Mikroskops genügend vergrößern und anschließend mit einem Röntgenshirm sichtbar machen, so könnte man Moleküle und Atome direkt sehen. Dies scheidet allerdings daran, dass erstens keine genügend intensive Röntgenquelle zur Verfügung steht und es zweitens kein dem Lichtmikroskop entsprechendes Linsensystem für Röntgenlicht gibt. Röntgenstrahlung lässt sich weder mit Glaslinsen (Lichtmikroskop) noch mit Magneten (Elektronenmikroskop) beugen. Daher muss auf eine indirekte Methode zur Darstellung zurückgegriffen werden. Man macht sich zunutze, dass die Atome in einem Kristall sehr regelmäßig und systematisch angeordnet sind. Die grundlegenden Einheiten wiederholen sich stetig, sodass ein Gitter entsteht. Dabei lagern sich die Einheiten so zusammen, dass eine möglichst perfekte Ausfüllung des Raums folgt.

Röntgenstrahlung wechselwirkt mit dem Kristallgitter, wie dies von einem Spaltexperiment mit Wasserwellen oder Laserstrahlen aus der Physik bekannt ist. Hinter dem Spalt/Gitter entsteht ein so genanntes Beugungsmuster, bei dem es Stellen im Raum gibt, die von der Strahlung intensiv ausgeleuchtet werden, während an anderen Stellen keine Strahlung auftrifft (Abb. 4). Dieses Interferenzmuster lässt sich vorher-

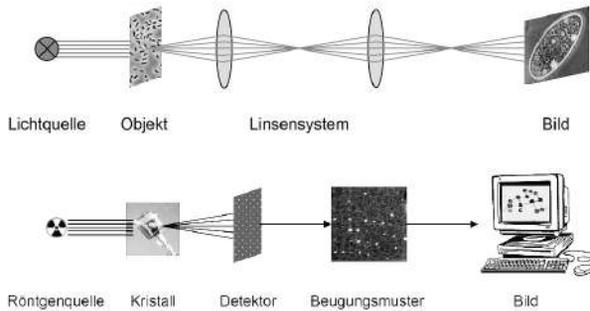


Abbildung 4: Schematischer Ablauf einer Bildgebung mittels Lichtmikroskop (oben) und mittels Röntgenkristallographie (unten).

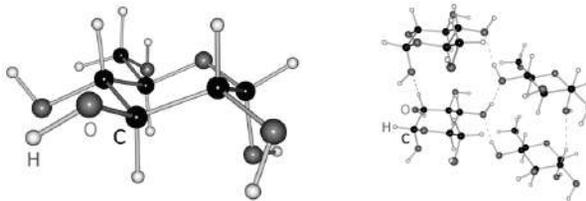


Abbildung 5: Links: Röntgenstrukturanalytisch ermittelte Struktur von α -D-Glucopyranose (Ringform des Speisenzuckers, H: Wasserstoffatome, O: Sauerstoffatome, C: Kohlenstoffatome). Rechts: Wechselwirkung der Moleküle über Wasserstoffbrückenbindungen (gestrichelte Linien). (Farbabbildung 8, S. 39)

sagen, wenn man den atomaren Aufbau im Kristall kennt. Das experimentell erhaltene Interferenzmuster vergleicht man also mit dem für eine angenommene Struktur berechneten und kann so das Modell des Kristallinhalts immer weiter verbessern, bis man ein zutreffendes Bild der realen Struktur erhält. Diesem Bild können dann direkt die Anordnung der Atome, ihre Bindungslängen und -winkel entnommen werden.

Ein röntgenstrukturanalytisches Bild des atomaren Aufbaus von α -D-Glucopyranose, der Ringform des Speisenzuckers, zeigt Abbildung 5. Es wird deutlich, dass Zucker aus Kohlenstoff-, Sauerstoff- und Wasserstoffatomen aufgebaut ist. Dabei sind sechs Atome (fünf Kohlenstoffatome, ein Sauerstoffatom) zu einem Ring verknüpft. An alle bis auf ein Ringkohlenstoffatom ist hierbei eine OH-Gruppe gebun-

<i>Methode</i>	<i>Elemente</i>	<i>Atomabfolge</i>	<i>funktionelle Gruppen</i>	<i>Bindungstypen</i>	<i>Bindungslängen</i>	<i>Bindungswinkel</i>	<i>Wechselwirkung zwischen den Molekülen</i>
Elementaranalyse	⊗	—	—	—	—	—	—
IR-Spektrometrie	∅	—	⊗	—	—	—	—
NMR-Spektrometrie	∅	⊗	⊗	⊗	—	—	—
Massenspektrometrie	⊗	∅	∅	—	—	—	—
Röntgenbeugung	⊗	⊗	⊗	⊗	⊗	⊗	⊗

Tabelle 2: Analysemethoden für den atomaren Aufbau einer Substanz und durch sie zugängliche Informationen (⊗ zugänglich, ∅ teilweise zugänglich, — nicht zugänglich).

den. Die Abfolge der Hydroxyl-Gruppen relativ zum Ring ist unten-unten-oben-unten (Abb. 5a). Aus diesem Bild können also direkt die Stereoinformationen entnommen werden. In Abbildung 5b lässt sich eine Wechselwirkung zwischen den Molekülen auf Basis von Wasserstoffbrückenbindungen erkennen.

Weitere Methoden der Strukturbestimmung

Neben der Röntgenstrukturanalyse gibt es noch weitere Methoden, um die Struktur einer chemischen Verbindung aufzuklären. Allerdings beschränken sich diese jeweils auf Teilaspekte und bieten keine vollständige Aussage über die Position der Atome, die Bindungslängen (und damit zumindest grob die Bindungsstärke) und die Bindungswinkel. Die gängigsten Methoden und die mit ihnen zugänglichen Informationen sind in Tabelle 2 aufgeführt.

Um ein noch genaueres Bild der Kräfte, die eine Substanz prägen, zu erhalten, lassen sich inzwischen zwei weitere Methoden heranziehen.

Einerseits ermöglicht die Neutronenbeugung eine noch genauere Bestimmung der Kernpositionen. Dabei wird ausgenutzt, dass Neutronen bei der Wechselwirkung mit Kristallen nicht wie Röntgenstrahlen von der Elektronenhülle des Atoms abgelenkt werden, sondern ausschließlich mit den Atomkernen wechselwirken. Andererseits ist es durch genauere und aufwändigere röntgenstrukturanalytische Verfahren möglich, nicht nur die atomare Struktur zu bestimmen, sondern direkt die Wechselwirkung der Elektronen in den Bindungen zu detektieren. Somit lässt sich genau beobachten, welche Arten von Bindungen in den Molekülen vorliegen und welche Wechselwirkungen zu den physikalischen Eigenschaften führen. Mit diesen Informationen kann man dann noch genauere Aussagen über Reaktionsverhalten und Wirkungsweise von Substanzen machen. Damit lassen sich Wirkstoffe nicht nur nach dem Schlüssel-Schloss-Prinzip maßschneidern, sondern können sogar der elektronischen Situation (Polarität, nukleophiler/elektrophiler Charakter) der Bindungsstelle angepasst werden.

Zusammengefasst lässt sich sagen, dass der Mensch 2500 Jahre nach der ersten Formulierung des Atombegriffs durch *Demokrit* und *Leukipp* in der Lage ist, Atome sichtbar zu machen. Zur Erforschung der atomaren Verknüpfung stehen viele Methoden (IR-, NMR- und Massen-Spektrometrie, Elementaranalyse) zur Verfügung. Allerdings liefern diese jeweils nur Teile der gewünschten Informationen und geben keine Auskunft über den genauen geometrischen Aufbau (Bindungslängen und -winkel). Als Ausweg bietet sich die Röntgenstrukturanalyse an, bei der man die Tatsache nutzt, dass die kurzwellige Röntgenstrahlung mit den im Kristallgitter regelmäßig angeordneten Atomen wechselwirkt. Aus dem entstandenen Beugungsbild lässt sich dann indirekt auf den atomaren Aufbau des Kristalls schließen. Man erhält so ein sehr exaktes Bild von der Verknüpfung und Anordnung der Atome und kann Aussagen über die vorliegenden Bindungsverhältnisse treffen. Mit den so gewonnenen Erkenntnissen lassen sich gezielt Stoffe mit bestimmten Eigenschaften und so z. B. Wirkstoffe mit weniger Nebenwirkungen entwickeln.

Die Autoren danken der Deutschen Forschungsgemeinschaft für die kontinuierliche Unterstützung ihrer Forschung.

Literatur

- Berger R. (2006) Ein molekularer LKW. Nachrichten aus der Chemie 54, S. 98.
- Borchardt-Ott W.: Kristallographie. Berlin (Springer) 2002.
- Hesse M., Meier H., Zeeh B.: Spektroskopische Methoden in der organischen Chemie. Stuttgart (Thieme) 2005.
- Huheey J.E., Keiter E.A., Keiter R.L.: Anorganische Chemie – Prinzipien von Struktur und Reaktivität. Berlin (Walter de Gruyter) 2003.
- Janiak C., Klapötke T.M., Meyer H.J.: Moderne anorganische Chemie. (Hrsg.: E. Riedel), Berlin (Walter de Gruyter) 2003.
- Kroto H.W. (1992) C₆₀: Buckminsterfulleren. Die Himmelskugel, die zur Erde fiel. Angewandte Chemie 104, S. 113-152.
- Kroto H.W. (1997) Symmetrie, Weltall, Sterne und C₆₀ (Nobel-Vortrag), Angewandte Chemie 109, S. 1648-1664.
- Lossau N.: Röntgen – eine Entdeckung verändert unser Leben. Neustadt/Weinstraße (Umschau Buchverlag) 1995.
- Massa W.: Crystal Structure Determination. Berlin (Springer) 2004.
- Riedel, E.: Anorganische Chemie. Berlin (Walter de Gruyter) 2004.
- Smalley R.E. (1997) Das Entdecken der Fullerene (Nobel-Vortrag). Angewandte Chemie 109, S. 1666-1673.

Andreas Schleicher

Anforderungen an ein zukunftsfähiges Bildungssystem aus internationaler Sicht

Bei der Gestaltung von Bildungsreformen müssen wir den Blick über die vielen zu lösenden Alltagsprobleme hinweg 15 bis 20 Jahre nach vorne richten und strategische Perspektiven für Bildungsreformen schaffen. Die Welt hat sich grundlegend verändert. Noch vor 50 Jahren waren Märkte stabil, der Wettbewerb national ausgerichtet und Organisationsformen hierarchisch. Heute sind Märkte dynamisch, der Wettbewerb global und Organisationsformen vernetzt. Früher basierten Wachstumsimpulse auf Mechanisierung und Wettbewerbsvorteile auf »economies of scale«. Heute kommen Wachstumsimpulse aus Digitalisierung und Miniaturisierung, Wettbewerbsvorteile beruhen auf Innovation und Zeitnähe. Früher war das Firmenmodell der Einzelbetrieb, heute sind es flexible Allianzen von Mitbewerbern. Früher war Vollbeschäftigung das politische Ziel, heute ist es »employability«, Menschen dazu zu befähigen ihren eigenen Horizont in einer sich verändernden Arbeitswelt ständig zu erweitern. Früher hatten Berufsprofile eine klare Identität und formale Qualifikationen waren der Schlüssel zum Erfolg. Heute sind Konkurrenz, Transformation und lebensbegleitendes Lernen die Schlüssel.

Die Wissensgesellschaft hat eine globale Plattform geschaffen, die es Menschen überall auf der Welt ermöglicht, mit anderen Menschen zu kommunizieren, zu arbeiten oder zu konkurrieren. Drei Milliarden Menschen in Ländern wie China, Indien, Russland und Osteuropa oder Brasilien, die bis vor kurzem noch von der globalen Gemeinschaft ausgeschlossen waren, weil sie in hierarchischen und vertikalen politischen und wirtschaftlichen Strukturen lebten, können sich heute dank technologischer Möglichkeiten aktiv in die vernetzte Welt einbringen – und tun das zunehmend. Als Folge steigen die Chancen für diejenigen, die gut gebildet sind, während die Risiken für diejenigen ohne gute Ausbildung ebenfalls zunehmen. Das ist die Wirklichkeit, auf die Schulen junge Menschen vorbereiten müssen und die das Arbeitsumfeld der Lehrer gestalten muss.

Daraus ergeben sich hohe Anforderungen für zukünftige Bildungsreformen. Die Erfahrungen vieler Staaten – aber auch vieler erfolgrei-

cher deutscher Schulen – zeigen, dass eine hohe Qualität von Bildungsleistungen sowie eine ausgewogene Verteilung von Bildungschancen durchaus erreicht werden können. Schulen, die im internationalen Vergleich sehr erfolgreich arbeiten, unterscheiden sich natürlich voneinander, haben aber auch vieles gemeinsam.

Fünf Kernelemente erfolgreicher Bildungsanstrengungen in den Schulen stehen dabei im Vordergrund.

1. Individuelle Fähigkeiten diagnostizieren und im Rahmen objektivierbarer Standards fördern

Das am weitesten verbreitete Missverständnis des Konzeptes guter individueller Förderung ist, es so zu interpretieren, dass jeder Schüler nach eigenem Gusto vor sich hin lernen soll, dass man nationale Bildungsziele aufgibt oder dass man Schüler frühzeitig »begabungsgerecht« auf verschiedene Bildungswege festlegt.

Ein individuelles Lernangebot erfordert zuerst, dass wir die Stärken und Schwächen eines Schülers wirklich kennen. Fortlaufende Diagnostik – im angelsächsischen Sprachgebrauch »assessment for learning« – und der ständige Dialog zwischen Schüler und Lehrer sind die Grundvoraussetzung, um Schülern strukturierte Rückmeldungen zu geben sowie individuelle Lernpfade festzulegen und um Unterrichtsplanung auf die individuellen Anforderungen der Schüler auszurichten.

Richtig verstanden, bezieht sich Individualisierung also nicht auf die Bildungsziele für die Schüler, sondern darauf, wie wir unterschiedliche Lernwege und Lernmethoden einsetzen können, die jeden Schüler im Rahmen objektivierbarer universeller Standards bestmöglich fördern, und wie wir dazu geeignete Praxis institutionalisieren, um sie für alle Schüler in verlässlicher Weise zu realisieren.

Die erfolgreichen Bildungssysteme in den OECD-Staaten (vgl. Bildung auf einen Blick 2006) haben dazu ausnahmslos klare und universell verbindliche Bildungsziele und Bildungsstandards. In den erfolgreichen Bildungssystemen nutzt man diese Bildungsstandards, um Maßstäbe für den Erfolg von Bildung zu schaffen, Transparenz durch neutrale und regelmäßige Berichterstattung zu fördern sowie um positive Signale für Schüler und Eltern zu setzen und Wege aufzuzeigen, wie Schüler ihre eigenen Stärken und Schwächen erkennen können und besser verstehen, auf welche Fähigkeiten es ankommt. Es geht auch

darum, Lehrern ein Referenzsystem für professionelles Handeln zu bieten, d. h. Instrumente zu schaffen, um mit Heterogenität von Lernprozessen und Lernergebnissen konstruktiv umzugehen und Lernpfade individuell, aber objektivierbar zu begleiten.

Viele OECD-Staaten sind noch einen Schritt weiter gegangen, sie definieren Ziele nicht allein auf einer hohen Abstraktionsebene durch die Festlegung allgemeiner Wertvorstellungen, sondern sie benennen Kompetenzen innerhalb der verschiedenen Lernbereiche, welche die Schulen ihren Schülern vermitteln müssen, damit zentrale Bildungsziele erreicht werden. Diese Anforderungen werden dann systematisch in Kompetenzmodellen geordnet, die Aspekte, Abstufungen und Entwicklungsverläufe von Kompetenzen darstellen und die verschiedenen Sichtweisen aus Pädagogik, Psychologie und Fachdidaktik integrieren. Gute Bildungsstandards können dazu beitragen, dass solche Festlegungen nicht willkürlich, sondern transparent sind und nach wissenschaftlichen und professionellen Maßstäben überprüft werden können.

Schließlich definieren einige OECD-Staaten Bildungsstandards nicht lediglich als Maßstäbe für Bildungserfolg sondern legen außerdem »performance benchmarks« fest, die Schüler an bestimmten Abschnitten ihres Bildungsweges erreicht haben müssen. Wie man das am besten macht, darüber gibt es unterschiedliche Ansichten. England beispielsweise legt die Leistung am Ende jedes »key stage« fest. Finnland definiert sowohl Standards für Spitzenleistungen als auch Mindeststandards, die jeder Schüler erreicht haben sollte. Frankreich verwendet Standards weitgehend als Regelstandards, d. h. die Leistung der Schüler wird an der durchschnittlichen Leistung aller Schüler gemessen. Letzteres ist dabei die ungünstigere der Möglichkeiten, da damit ein defizitärer Ansatz verfolgt wird, ein Ansatz, der Schüler primär daran misst, was sie im Vergleich mit der vorab festgelegten Norm des Durchschnittsschülers nicht können. Die für die Stützung leistungsschwächerer Schüler entscheidende Frage, was diese wissen und können müssen, um erfolgreich zu sein, lässt sich mit solchen Regelstandards nicht beantworten.

Ebenso wenig wünschenswert ist eine Reduktion von Bildungsstandards auf Mindeststandards. Derartige Mindeststandards wirken sich regressiv aus. Sie bieten weder Anreize für gute Schüler und Schulen, besser zu werden, noch sprechen sie leistungsschwächere Schüler und Schulen an.

Ein entscheidendes Merkmal guter Bildungsstandards ist dagegen, dass sie Maßstäbe für Bildungserfolg bieten, die jeden Schüler dort ab-

holen, wo er ist, und die zur individuellen Förderung genutzt werden – mit aufeinander aufbauenden Kompetenzstufen, die auf kumulatives, systematisch vernetztes Lernen abzielen, Lernentwicklungen verstehbar machen und weitere Abstufungen und Profilbildungen ermöglichen.

Wichtig ist, dass es bei richtig verstandenen Bildungsstandards nicht um die Normierung von Schülerleistungen geht, sondern darum, Maßstäbe für den Erfolg von Bildung zu schaffen. Richtig verstandene Bildungsstandards bedeuten auch nicht Gleichmacherei, sondern sind geradezu Voraussetzung für den individuellen Umgang mit Vielfalt. Als Deutsche denken wir bei der Bewertung von Lernfortschritten oft unmittelbar an Klassenarbeiten und Zensuren, die wir meist zur Kontrolle einsetzen, etwa um Leistungen zu zertifizieren und den Zugang zu weiterer Bildung zu rationieren. Was die erfolgreichen Bildungssysteme aber auszeichnet, sind motivierende Leistungsrückmeldungen, die Vertrauen in Lernergebnisse schaffen, mit denen Lernpfade und Lernstrategien individuell entwickelt und begleitet werden können. In Schweden beispielsweise bekommt der Schüler am Ende des Schuljahres nicht einfach eine Zeugnisnote, sondern der Lehrer setzt sich mit dem Schüler und seinen Eltern zusammen, um anhand objektiver Leistungsergebnisse zu überlegen, wie weitere Verbesserungen individuell erzielt werden können. Dabei gilt eine Grundregel: Es beklagt sich bei diesen Gesprächen niemand über die Arbeit des anderen, sondern Schüler, Eltern und Lehrer sind gefordert, ihren eigenen Beitrag zur Verbesserung der Bildungsleistungen darzulegen. Die daraus resultierende verbindliche Vereinbarung ist dann das Zeugnis.

Die große Herausforderung hierbei ist natürlich immer, wie man Flexibilität in den Lernwegen mit Verantwortung auf der Seite der Bildungsanbieter verbinden kann. Flexibilität ohne Verantwortung führt ganz schnell zur Herabsetzung der Leistungsanforderungen. David Milliband, der ehemalige Bildungsminister Englands, hat hierfür das Wort »intelligent accountability« geprägt, ein Konzept das Verbesserung fördert und gleichzeitig intolerant gegenüber Fehlleistungen ist. Damit ist die Bildungspolitik auch gefordert, für die fragmentierte Stimme aller Bildungsteilnehmer zu sprechen und diese Fragmentierung nicht zu akzeptieren. Um nur ein Beispiel zu nennen: Schüler mit Migrationshintergrund landen fast automatisch in Schulen und Schulformen mit geringeren Leistungsanforderungen. Ebenso ist die Bildungspolitik gefordert, durch verlässliche Informationen das Vertrauen

der Lehrer und Eltern zu stärken, Freiräume für Schulen zu schaffen, um Bildungsziele kreativ umzusetzen, gleichzeitig aber auch dort gezielt zu unterstützen, wo der Erfolg noch ausbleibt.

2. Gewöhnliche Schüler haben außergewöhnliche Fähigkeiten

Der zweite Punkt bezieht sich auf die Förderung der Fähigkeit und Motivation jedes einzelnen Schülers, den eigenen Horizont beständig auszubauen durch Lehr- und Lernformen, die nicht defizitär angelegt sind und den Schüler damit ständig vor Misserfolge stellen, sondern die wirklich auf den einzelnen Schüler zugeschnitten sind.

Das erfordert zunächst Unterrichtsstrategien, die an die Schüler hohe Erwartungen stellen, die die Schüler in Lernprozesse einbinden, die Lehrer und anderes Personal kreativ und flexibel einsetzen und die neue Technologien besser nutzen, um verschiedene Lernwege und Lernstile individuell zu unterstützen. PISA zeigt uns klar, dass Schüler und Schulen, die in einem Umfeld positiver Leistungserwartung arbeiten und deren Schulklima von Lernfreude und Anstrengungsbereitschaft gekennzeichnet ist, bessere Leistungen erreichen. Es geht dabei nicht darum, standardisierte »Lerntypen« festzulegen, sondern darum, das von Howard Gardner so faszinierend beschriebene Konzept der Multiplen Intelligenzen (vgl. Gardner 2005) durch ein breites Repertoire an Unterrichtsstrategien und Unterrichtsmethoden wirksam zu nutzen.

Hierzu gehört selbstverständlich, Sorge dafür zu tragen, dass wir das Potenzial von Schülern aus sozial schwierigerem Umfeld zur Geltung bringen. Dazu reicht es nicht, überall gleichförmige Lernbedingungen zu schaffen, sondern es gilt umgekehrt sicherzustellen, dass Lernbedingungen so flexibilisiert werden, dass Lernerfolg nicht länger vom sozialen Kontext abhängt. Der größte Fehler, den wir hier machen, ist zu glauben, dass gewöhnliche Schüler keine außergewöhnlichen Fähigkeiten haben können. Genau hier muss auch die Förderung in sozial benachteiligten Gruppen ansetzen, denn es ist ja nicht das Potenzial junger Menschen an den sozialen Hintergrund gekoppelt, sondern die Unterstützung und Rahmenbedingungen, die Schüler aus benachteiligten Schichten in Deutschland vorfinden, um ihr Potenzial zu nutzen, egal ob in der Schule oder zu Hause. Ebenso gilt es natürlich, das ty-

pisch deutsche Phänomen zu überwinden, dass den Schülern außergewöhnlicher Erfolg in der Schule peinlich ist und dass dieser Erfolg nicht entsprechend anerkannt und gefördert wird, weil er eben aus dem Rahmen fällt.

3. Von einem Lehrplan für alle zu einem Lehrplan für jeden

Beim dritten Punkt geht es um die individuelle Gestaltung von Lehrplänen in einer Weise, die jeden Schüler einbezieht und respektiert. Hier geht es darum, dass jeder Schüler den für ihn oder sie relevanten Zugang zu Lerninhalten und Lernmethoden bekommt, um universelle Bildungsziele zu erreichen.

Schauen wir hier auf einige Parallelen zwischen der modernen Arbeits- und Schulwelt. Die fortlaufende Automatisierung von Routinearbeit hat dazu geführt, dass Arbeit, die man vorwiegend als geleistete Arbeitsstunden misst, abnimmt, während Arbeit, die durch Inhalte, Zielvorgaben und Deadlines definiert wird, an Bedeutung gewinnt. Das Kopenhagener Institut für Zukunftsforschung hat hierfür den Ausdruck »hard fun« geprägt. Arbeit macht heute mehr Spaß, weil die Aufgaben interessanter werden. Aber sie stellt auch höhere Anforderungen, weil Zielvorgaben und Deadlines zu Stress führen und weil es keine natürlichen Limits mehr gibt – außer den Deadlines natürlich –, denn man kann ja immer alles noch besser machen. Außerdem ist der Einzelne zunehmend verantwortlich für das Ergebnis sowie für das Zeitmanagement.

Genau das müssten Schüler auch im täglichen Unterrichtsgeschehen erleben, aber wir arbeiten hier noch oft mit dem Denkschema der Industriegesellschaft: Wir messen die Arbeit in der Schule in Form von Unterrichtsstunden, Altersjahrgängen, Stundentafeln, Klassengrößen und Abschlüssen. Unser Schulsystem wurde im 19. Jahrhundert konzipiert, und seitdem hat sich die Welt grundlegend verändert. Sie ist heute eine globale Plattform, die es Menschen überall auf der Welt ermöglicht, Wissen auszutauschen, mit anderen Menschen zu kommunizieren, zu arbeiten oder zu konkurrieren. Als Folge wird jede Arbeit und jede Dienstleistung, die irgendwie zerlegt und digitalisiert werden kann, heute vom besten und effizientesten Anbieter durchgeführt, wo immer auf der Welt er sich befindet.

Wenn dies so ist, dann muss man im Umkehrschluss fragen, welche Arbeit für die heutigen Schüler morgen bleiben wird, das heißt, welche Arbeit man nicht ohne weiteres digitalisieren, automatisieren oder »outsourcen« kann, und schließlich, welche Kompetenzen Voraussetzung derartiger Tätigkeiten sind. Das sind dann die Kompetenzen, die junge Menschen in einer globalen Wirtschaft weniger verwundbar machen und an der sich die Schule messen lassen muss. Traditionell lernen Schüler im Rahmen von Lehrplänen, die Bildungsinhalte detailliert festschreiben. Maßstab für Erfolg ist dann die Akkumulation von Fachwissen, nicht die Verankerung von anschlussfähigem Wissen und die Vermittlung von effektiven Lernstrategien. Auf die Reproduktion von Routinewissen und Algorithmen, die man Schülern leicht im Gleichschritt vermitteln kann, kommt es in der modernen Wissensgesellschaft jedoch immer weniger an. Klar ist, dass Dinge, die man leicht in handliche Bausteine zerlegen und algorithmisieren kann, sich auch leicht unterrichten und testen lassen. Nur entwickeln wir damit zumeist Kompetenzen, die sich heute digitalisieren, automatisieren und »outsourcen« lassen und jungen Menschen damit immer weniger helfen, die globale Wissensgesellschaft mitzugestalten.

Notwendig ist deshalb ein grundlegender Diskurs über die für die Zukunft entscheidenden Kompetenzen, ihre Definition, Operationalisierung und schließlich ihre systematische Bewertung – wobei kognitive Fähigkeiten sicher eine zentrale Dimension bilden, es aber ebenso um Einstellungen, Motivation und Werte geht. Es geht auch um Transversalität und die Anschlussfähigkeit von Wissen sowie um die Förderung reflektiver Denk- und Handlungsprozesse. In der OECD gehen wir in diesem Zusammenhang von drei Kategorien von Schlüsselkompetenzen aus, denen wir für die Zukunft zentrale Bedeutung beimessen:

1. Menschen treten mit der Welt durch kognitive, soziokulturelle und physische Medien und Mittel in Verbindung. Die Art dieser Interaktion bestimmt, wie sie die Welt deuten und Kompetenzen darin erwerben. Die interaktive Anwendung dieser Medien und Mittel eröffnet neue Möglichkeiten, die Welt wahrzunehmen und mit ihr in Beziehung zu treten. Die Fähigkeit, diese Instrumente zu nutzen, um Wissen zu erwerben, interaktiv zu verarbeiten, zu integrieren, zu bewerten und zu reflektieren, stand deswegen auch bei PISA an erster Stelle.

2. Das allein reicht aber für den Erfolg junger Menschen nicht aus. Die Globalisierung ist heute nicht mehr primär eine Frage der Inter-

aktion von Staaten wie in den vergangenen Jahrhunderten oder eine Frage der Interaktion multinationaler Unternehmen wie in den letzten Jahrzehnten, sondern sie wird zunehmend eine Frage, wie sich der Einzelne konstruktiv in die Wissensgesellschaft einbringen kann. Voraussetzung dazu sind Kompetenzen, die es Menschen ermöglichen, sich in einer sich ständig verändernden Welt immer wieder neu zu positionieren, eigenständig und verantwortungsbewusst zu handeln, aktiv an verschiedenen Lebensbereichen teilzunehmen und diese mitzugestalten, sind Kompetenzen, mit denen junge Menschen ihre eigenen Pläne und Projekte in größere Zusammenhänge stellen können, Rechte, Interessen, Grenzen und Bedürfnisse erkennen und verantwortlich wahrnehmen.

3. Menschen müssen in der Lage sein, gute und tragfähige Beziehungen aufzubauen, zu kooperieren und in Teams zu arbeiten, mit Konflikten umzugehen und sie zu lösen, sich in multikulturellen und pluralistischen Gesellschaften konstruktiv einzubringen. Die zunehmende Heterogenität ist schließlich nicht das Problem, sondern das Potenzial der Wissensgesellschaft.

Natürlich müssen sich derartige normative Festlegungen an ihren vielfältigen Implikationen in der Wirklichkeit messen. Die Betrachtung hier sei dazu vereinfachend auf Implikationen in der modernen Arbeitswelt beschränkt:

Im Bereich der ersten der drei oben genannten Kompetenzklassen legen Schulen traditionell großes Gewicht auf analytische Fähigkeiten, mit denen fachliche Probleme zerlegt und dann gelöst werden. Auf der anderen Seite wird immer deutlicher, dass die großen Durchbrüche und Paradigmenwechsel heute meist dann entstehen, wenn es gelingt, verschiedene Aspekte oder Wissensgebiete, zwischen denen Beziehungen zunächst nicht offensichtlich sind, zusammenzubringen. Beispiele hierfür sind der Sozialarbeiter in der Schule oder der Computerspezialist, der das menschliche Genom systematisiert und die gewonnenen Erkenntnisse gemeinsam mit Pharmaunternehmen in neue Medikamente umsetzt. Die Fähigkeit zur Synthese verschiedener Gebiete wird an Bedeutung gewinnen, da sie sich nicht ohne weiteres digitalisieren oder automatisieren lässt. Je komplexer unsere Arbeitswelt wird und je mehr der Umfang kodifizierten Wissens zunimmt, umso mehr werden außerdem Menschen an Bedeutung gewinnen, die die Komplexität nicht nur verstehen, sondern sie gleichzeitig in die Sprache anderer Fachgebiete übersetzen und damit für andere Fachrichtungen und im lokalen

Kontext verständlich machen können. Dazu gehört wesentlich auch die Fähigkeit, Informationen sinnvoll zu filtern und relevante und weniger relevante Informationen zu unterscheiden.

Im Bereich der zweiten Kompetenzklasse kann man beobachten, dass in unserer Gesellschaft nicht mehr Generalisten oder Spezialisten die entscheidende Rolle spielen werden, sondern Menschen, die zwischen diesen beiden Ebenen vermitteln können. Natürlich behalten Generalisten, die einen weiten Wissensbereich überschauen und entsprechend transversal agieren können, ihre Bedeutung. Auch Spezialisten, die vertieftes Wissen über einen begrenzten Bereich besitzen, werden innerhalb ihrer Profession weiterhin Anerkennung finden. In einer komplexen, sich verändernden Welt kommt es jedoch zunehmend auf die Fähigkeit an, sich vertieftes Fachwissen in neuen Zusammenhängen zu erwerben, den eigenen Horizont durch lebenslanges Lernen beständig zu erweitern, neue Rollen einzunehmen und sich ständig neu zu positionieren.

Vor diesem Hintergrund muss auch der Erfolg der deutschen Berufsausbildung neu bewertet werden. Die duale Berufsausbildung als Alternative zur akademischen Ausbildung genießt international hohe Anerkennung für die wirksame Integration junger Menschen in den Arbeitsmarkt. Jedoch steht dem Erfolg des dualen Systems zu Beginn des Arbeitslebens ein stetig wachsendes Arbeitslosigkeitsrisiko in späteren Lebensjahren gegenüber. Offenbar gelingt es den Absolventen dieses Bildungsweges weniger, sich später den rasch wandelnden Anforderungen der Arbeitswelt anzupassen. Das ist im Übrigen auch nahe liegend: Das Gehalt, das Sie von Ihrem Arbeitgeber bekommen, spiegelt sowohl Ihre transversalen wie auch arbeitsplatzspezifischen Fähigkeiten wider. Wenn Sie Ihren Arbeitsplatz wechseln, zum Beispiel weil Ihr Arbeitsplatz nach Osteuropa wandert, dann finden Sie schnell heraus, was Ihre transversalen und spezifischen Fähigkeiten wert sind: Ihr neuer Arbeitgeber wird Ihnen nämlich nur Ihre transversalen Fähigkeiten vergüten, während spezielle Fähigkeiten, die Sie mitbringen, die aber an Ihrem neuen Arbeitsplatz nicht mehr zur Geltung kommen, in Ihrem neuen Gehalt auch keinen Niederschlag finden.

Es wäre unverantwortlich, einem Schüler heute eine Arbeit auf Lebenszeit in Aussicht zu stellen. Je mehr die Menschen heute Eigenverantwortung für ihre Karriereplanung sowie wirtschaftliche und soziale Absicherung übernehmen müssen, umso mehr müssen wir von modernen Bildungseinrichtungen erwarten, dass sie die Fähigkeit zur Ver-

änderung stärken und als Grundlage dafür das Lernen lehren. Daran müssen wir die Leistungen von Schülern und Schulen messen.

4. Radikales Umdenken in der Organisation von Schule

Gute Förderung erfordert radikales Umdenken in der Organisation von Schule in einer Art und Weise, die den individuellen Lernfortschritt in den Mittelpunkt stellt. Das bedeutet, den Übergang von einem lehrer- und schulzentrierten Bildungssystem zu einem Bildungssystem zu finden, wo Lehrer und andere Professionen gemeinsam arbeiten, um Schüler in heterogenen Lerngruppen individuell zu fördern. Das heißt, dass das gesamte Schulgeschehen auf die Bedürfnisse der Schüler zugeschnitten ist, dass Lehrer die Zeit und die organisatorischen Möglichkeiten haben, herauszufinden, wo die Stärken, Schwächen und Interessen der einzelnen Schüler liegen, und dass die Sichtweise der Schüler wirksam eingesetzt wird, um Unterrichtsqualität und die Lernumgebung in Schulen zu verbessern.

Eine systematisch verankerte, tief greifende Verbesserung der Qualität des Unterrichts wird man nicht durch neue Konzepte oder mehr Vorgaben erreichen, sondern nur durch die Schaffung von wirksamen Anreiz- und Unterstützungssystemen, die Lehrern und Schulen helfen, voneinander und miteinander zu lernen, die Schülern, Lehrern und Schulen Perspektiven für Entwicklung bieten und in denen auf Vielfalt nicht mit institutioneller Fragmentierung geantwortet wird, sondern durch einen konstruktiven Umgang mit Vielfalt.

Im deutschen Schulsystem wird genau festgelegt, was, wann, wo und wie zu unterrichten ist. In Finnland dagegen reichen 100 Seiten aus, um festzulegen, was Schüler können müssen. Ein Unterschied ist dabei wichtig: Dort wird nicht festgelegt, was Schulen tun müssen, sondern was das Ergebnis ihrer Anstrengungen sein soll, und dieses Ergebnis wird dann anhand vielfältiger Evaluationsmaßnahmen regelmäßig bewertet. Es wird immer deutlicher, dass angesichts der wachsenden Komplexität moderner Bildungssysteme auch die beste Bildungsministerin nicht die Probleme von zigtausenden Schülern und Lehrern lösen kann. Wohl aber können zigtausende Schüler und Lehrer die Probleme des einen Bildungssystems lösen, wenn sie vernetzt an der Lösung der Probleme arbeiten. Genau das ist es ja, was die Wissensgesellschaft ausmacht, und dafür müssen moderne Bildungssysteme die Grundlagen schaffen.

Dazu gehört auch, über die Nutzung von Ressourcen in den Schulen neu nachzudenken: Wir sehen beispielsweise, dass in vielen erfolgreichen Bildungssystemen die Schule für die Lehrer nicht nur der Ort zum Unterrichten ist, der anschließend möglichst schnell verlassen wird, sondern dass die Lehrer in diesen Ländern den Großteil ihrer Arbeitszeit in der Schule verbringen und Planungs- und Korrekturarbeiten im engen Austausch mit ihren Kollegen verrichten. Wir müssen uns auch fragen, ob eine Deutschklasse wirklich immer genauso groß sein muss wie eine Mathematikklasse oder ob wir neue Technologien nicht intelligenter integrieren können, und zwar indem wir sie nicht nur nutzen, um den normalen Unterricht durchzuführen, sondern als Instrument, um das pädagogische Repertoire zu erweitern und wirklich individualisierte Lernformen zu fördern. Es geht hier ja nicht primär um die Nutzung von Hardware, sondern darum, dass junge Menschen lernen, komplexe Informationsstrukturen zu verstehen, an Informationsnetzwerken wirksam teilzunehmen und Probleme dynamisch zu lösen. Neue Technologien können uns völlig neue Perspektiven eröffnen: Sie schaffen authentische Kontexte, die viel spannender sind als unsere langweiligen Schulbücher und wecken damit das Interesse der Schüler. Sie können virtuelle Gemeinschaften innerhalb aber auch zwischen Schulen schaffen, nicht nur für Schüler, sondern auch für Lehrer und anderes Personal. Sie bieten eine Plattform, auf der Schüler mit verschiedenen Interessen und Fähigkeiten ihre Perspektiven austauschen können, und sie ermöglichen »peer support« und »benchmarking«. Schließlich erlauben sie uns, neue Fähigkeiten zu entwickeln und Lehrmaterialien »just in time« ins Unterrichtsgeschehen zu integrieren.

Natürlich bleibt auch hier viel zu tun, noch immer ist das Angebot an guten digitalen Lernmedien begrenzt, auch an pädagogischer und technischer Unterstützung mangelt es vielerorts, aber wir dürfen unter all diesen Problemen, mit denen wir uns täglich herumschlagen, die längerfristigen Perspektiven nicht vergessen. Auch hier gilt: Andere Bereiche unserer Gesellschaft haben neue Technologien schneller und konstruktiver aufgenommen, als das im Bildungssektor der Fall war. In der Zeit, in der die Schulpflicht eingeführt wurde, war die Schule in der Regel der erste Ort, wo die Kinder ein Buch in die Hand bekamen. Da muss es doch verwundern, dass in der heutigen Zeit die Schule nicht der zentrale Ort ist, an dem junge Menschen lernen, mit neuen Technologien umzugehen. Natürlich gilt das genauso für die Lehrer: Je mehr Rou-

tinearbeit neue Technologien hier übernehmen, umso mehr werden die interessanten Aspekte der Lehrerarbeit dominieren und wird sich mehr Effizienz auch in besserer Bezahlung niederschlagen.

Neue Technologien sind natürlich nur ein Aspekt des notwendigen radikalen Umdenkens. Es gibt eine Reihe weiterer Themen, mit denen man sich auseinandersetzen muss: Für den Schüler in Deutschland, der Bildungsziele verfehlt, sind die Konsequenzen meist klar: der bleibt sitzen. Und es gibt wenige Länder, in denen der Anteil der Klassenwiederholer größer ist als in Deutschland. Dagegen gibt es nichts in der Art einer übergreifenden »Produkthaftung« der Schule oder des Bildungssystems für seine Leistungen insgesamt. Im Gegenteil, gegenwärtig wird die Schule sogar noch für die Wiederholer bezahlt, anstatt die Gelder für individuelle Fördermaßnahmen zu bekommen. Das kommt die Gesellschaft teuer zu stehen. Volkswirtschaftlich gerechnet, kostet ein Jahr Sitzenbleiben für einen Schüler die Gesellschaft zwischen 15.000 und 18.000 Euro und noch weit mehr, wenn man die indirekten Kosten einbezieht, beispielsweise dass dieser Schüler ein Jahr weniger Steuern zahlen wird. Das entscheidende aber ist, dass Sitzenbleiben für den einzelnen Schüler keinen Leistungsgewinn bringt, sondern die Probleme nur um ein Jahr verschiebt.

Dass dies so nicht sein muss, zeigen die leistungsstärkeren PISA-Staaten, in denen es Aufgabe der Schule ist, konstruktiv und individuell mit Leistungsunterschieden umzugehen, das heißt sowohl Schwächen und Benachteiligungen auszugleichen als auch Talente zu finden und zu fördern, und zwar ohne dass die Möglichkeit bestünde, die Verantwortung allein auf die Lernenden zu schieben, d.h. Schüler den Jahrgang wiederholen zu lassen oder sie in Bildungsgänge bzw. Schulformen mit geringeren Leistungsanforderungen zu transferieren. Lassen Sie mich in diesem Zusammenhang klarstellen: Wer daraus schließt, dass erst die Schulstruktur geändert werden muss, bevor es besseren Unterricht geben kann, der hat die OECD-Studien falsch verstanden. Wer die Ergebnisse unserer Arbeit aber so interpretiert, dass das gegliederte Schulsystem wesentlich mitverantwortlich für viele der aufgezeigten Probleme ist, indem es insbesondere Chancengerechtigkeit im Bildungssystem tendenziell verstärkt, und wer daraus schließt das sich eine nachhaltige Verbesserung von Bildungsqualität und Chancengerechtigkeit langfristig nur im Einklang mit einer Reform der Bildungsstrukturen erreichen lässt, der hat die Arbeit der OECD richtig verstanden. Individuelle Förderung und Sitzenbleiben, individuelle Förderung und das Ver-

schieben von Verantwortung zwischen den Schulformen des gegliederten Systems lassen sich schwer vereinbaren.

Auch die Sicht nach außen spielt eine wichtige Rolle und hier als zentrales Instrument der Vergleich: Wenn wir über Schulleistungsvergleiche reden, denken wir immer gleich an Rankings und nehmen dann oft eine ablehnende Haltung ein. Aber die in dem Vergleich liegenden Chancen sind um so vieles größer. Vergleiche schaffen uns die Möglichkeit, über die Optimierung des eigenen Unterrichts, der eigenen Schule hinauszudenken und auf Alternativen zu schauen, die außerhalb unseres Erfahrungshorizontes liegen. Fragen wir uns doch einmal, was wir als Eltern wirklich darüber wissen, was und wie unsere Kinder lernen? Wie profitiert ein Lehrer im Klassenzimmer von den Erfahrungen des Lehrers im Nachbarklassenzimmer? Was weiß die Schule von dem, wie es die Nachbarschule macht und wie sie mit vielleicht ähnlichen Problemen umgeht? Und wo könnten wir heute stehen, wenn eine Stadt wie Essen wirklich wüsste, was ihre Bildungseinrichtungen wissen, seien es die Schulen, Kindergärten, Einrichtungen der Jugendhilfe usw. Das heißt, wenn wir das Kapital in den Köpfen der Menschen, die mit Bildung befasst sind, wirksam vernetzen und optimal nutzen könnten. Davon sind wir oft noch weit entfernt. Oft ist der Kindergarten oder die Schule für Eltern eine »black box«. Wir reden von aktiver Mitarbeit der Eltern, schaffen dafür aber wenig Raum. Oft stehen die Lehrer als Einzelkämpfer vor den Problemen im Klassenzimmer. Oft bekommen die Schulen wenig Unterstützung und wenig Informationen über die Wirkungen ihres Handelns.

Überspitzt formuliert, wir gehen mit Schulen wie mit einem Futter-silo um: Jedes Jahr packen wir oben ein paar neue Reformideen darauf; dazwischen liegen dann, Schicht für Schicht übereinander, alle angefangenen und unvollendeten Reformen der letzten zehn bis 15 Jahre, solange wie wir eben brauchen, um von didaktischen Vorgaben in der Lehrerausbildung bis zur Umsetzung in den Schulen zu kommen. Unten werden dann die Schüler, Lehrer und Schulen mit einem Sammel-surium von Maßnahmen und Bestimmungen konfrontiert, die letztlich keiner einordnen und überschauen kann und für die sich letztlich auch niemand verantwortlich fühlt. Bildungsreformen werden nur dann Erfolg haben, wenn sie in eine langfristige strategische Perspektive eingebettet sind. Nur wenn wir wissen, wo wir im Jahre 2020 stehen wollen, können wir sinnvoll entscheiden, was wir heute, morgen und in einigen Jahren tun können.

Die Zukunft liegt darin, eine »wissensreiche« Lernumgebung zu schaffen. Aber die Frage, die ich stellen möchte, ist, wie weit wir Wissen selbst als primäre Ressource, als Motor für Entwicklung und Innovation im Bildungssystem einsetzen, so wie das in vielen anderen Bereichen unserer Gesellschaft und der Wirtschaft selbstverständlich ist. Es stellt sich die Frage, wie wirkungsvoll wir in der Schule zum Beispiel Lehrpläne, Standards, Rückmelde- und Unterstützungssysteme verknüpfen und wie weit die Lehrenden in den Prozess der Entwicklung eingebunden und über die Wirkungen ihres Handelns informiert sind. Dieses Arbeitsumfeld können wir kurzfristig mit der klaren Gestaltung von Bildungszielen und längerfristig durch eine Professionalisierung der Einrichtungen gestalten.

Es gibt kaum ein Unternehmen, das einen so hohen Anteil hoch qualifizierter Menschen beschäftigt wie das Bildungssystem. Aber oft nutzen wir das Potenzial, das in qualifizierten und motivierten Lehrern steckt, bloß zur Vermittlung von Wissen, nicht aber als zentrale gestaltende Kraft im Bildungssystem. Und nur dann lässt sich individuelle Förderung realisieren. Stellen Sie sich einen Chirurgen und einen Lehrer aus den 60er Jahren vor, die eine Zeitreise in unsere Gesellschaft machen. Der Chirurg, der zu seiner Zeit mit dem im Studium erarbeiteten Wissen und einem Koffer mit Instrumenten als Einzelperson erfolgreich sein konnte, ist im Jahr 2006 in eine sich dynamisch entwickelnde Profession eingebettet, mit der er im ständigen Austausch steht und die ihm mehr bedeutet als das Krankenhaus, in dem er arbeitet. Er wird konfrontiert mit einem hoch technisierten Arbeitsplatz, an dem er seine Arbeit nur als Teil eines komplexen Teams bewältigen kann. Der Chirurg wird schnell zu der Erkenntnis kommen, dass ein Zeitsprung von einem halben Jahrhundert ihn völlig abgehängt hat. Und der Lehrer? Er findet sich vielleicht noch heute zurecht, weil sich seine Arbeitsumgebung nicht grundlegend geändert hat.

5. Schulen unterstützen und Synergien nutzen

Schließlich geht es darum, dass das Umfeld der Schule, ob das jetzt Kindergärten, die Jugendhilfe oder sonstige kommunale Einrichtungen sind, die Schule in ihren Anstrengungen unterstützt, anstatt konkurrierende Angebote zu schaffen.

Finnland ist auch hier ein spannendes Beispiel. In den 60er Jahren sah das finnische Schulsystem ganz ähnlich wie das deutsche aus. Es gab verschiedene kommunale Einrichtungen, die sich mit Bildung beschäftigten. Das Schulsystem war streng gegliedert. Es gab Sonderschulen, eine Schulaufsicht usw. Und die Schülerleistungen waren im internationalen Vergleich Mittelmaß. In der Praxis hieß es, dass es einfach war, Verantwortung abzuwälzen. Der Lehrer im Gymnasium konnte sich sagen, ich mache den richtigen Unterricht, habe aber die falschen Schüler, die eigentlich in die Hauptschule gehören. Die Schule konnte sagen, wir können hier nicht die Probleme der Gesellschaft lösen, und an die Jugendhilfe verweisen usw. Ein zentraler Gesichtspunkt der Reformen in den 70er und 80er Jahren in Finnland war, schrittweise die Verantwortung für den Lernerfolg auf den Lehrer und die Schule zu verlagern, diese bei ihrer Arbeit aber dann auch entsprechend zu unterstützen. Man hat dazu die Kindergärten in die Schulen eingebunden und die verschiedenen Schulformen abgeschafft.

Schluss

Natürlich stellt die Umsetzung dieser fünf Punkte hohe Ansprüche an alle Beteiligten. Klar ist auch, dass Schulen dabei oft vor Widersprüchen stehen:

1. Wir erwarten von ihnen Innovation und Flexibilität und verschaffen ihnen dazu auch wachsende Freiräume für die Gestaltung der Lernumgebung. Auf der anderen Seite aber erwarten wir Verlässlichkeit in den Ergebnissen, wollen jeden Schritt evaluieren und wollen als Eltern für unsere eigenen Kinder keine Risiken eingehen.

2. Wir machen große Anstrengungen, um Lernen durch neue Unterrichtsformen und vielfältigere Bildungswege zu individualisieren. Auf der anderen Seite müssen sich moderne Bildungseinrichtungen aber als vernetzte Lernorganisationen entwickeln und Chancengerechtigkeit sichern.

3. Wir betonen die Rolle interpersoneller Kompetenzen. Was aber in den Zeugnissen auftaucht, ist in der Regel nur die Zertifizierung der Einzelleistungen von Schülern.

4. Wir bewerten die Ergebnisse von Bildungsprozessen zunehmend anhand kognitiver Leistungen. Auf der anderen Seite haben Eltern heute

wachsende Erwartungen an Schulen, die weit über kognitives Lernen hinausgehen.

Das Entscheidende ist jedoch, dass der internationale Vergleich uns zeigt, dass die Probleme lösbar sind und Schulen diesen Herausforderungen gerecht werden können. Das Beeindruckende an Finnland oder Kanada ist ja nicht nur die Gesamtleistung, sondern dass dort fast alle Schüler und Schulen gute Leistungen bringen.

Völlig unangebracht ist hier das Argument, dies alles ginge mit den heutigen Lehrern nicht und man müsse erst einmal die Lehrerausbildung ändern, bevor sich irgendetwas in den Schulen ändere. In den 1970er Jahren stellte die Mobiltelefonfirma Nokia im PISA-Siegerstaat Finnland noch Gummistiefel her. Wo würde Nokia heute stehen, wenn man sich dort damals gesagt hätte, man würde gerne im Bereich Hochtechnologie arbeiten, aber die Ingenieure seien dazu nicht in der Lage? Man müsse deshalb erst einmal warten, bis die Ingenieure in den Ruhestand getreten seien, dann müsse man neue Ingenieure ausbilden, und wenn die dann irgendwann einmal im Unternehmen aktiv würden, dann werde man etwas Neues entwickeln. Genauso wird jedoch oft im Bildungssystem argumentiert.

Es gibt hier viele hoch motivierte Menschen, die ein Arbeitsumfeld brauchen, das Perspektiven für Entwicklung und Kreativität bietet. Ein Arbeitsumfeld, in dem die Schule Lernorganisation wird, mit einem professionellen Management, das sich durch interne Kooperation und Kommunikation, etwa in den Feldern strategische Planung, Qualitätsmanagement, Selbstevaluation und Weiterbildung auszeichnet, aber auch durch Dialog nach außen mit den verschiedenen Interessengruppen, vor allem mit den Eltern. Ein Arbeitsumfeld, dessen Attraktivität und Ansehen nicht allein auf dem Beamtenstatus beruht, sondern auf Kreativität, Innovation und Verantwortung, ein Arbeitsumfeld, das sich durch mehr Differenzierung im Aufgabenbereich, bessere Karriereaussichten, eine Stärkung der Verbindungen zu anderen Berufsfeldern, mehr Verantwortung für Lernergebnisse und bessere Unterstützungssysteme auszeichnet.

Vieles an Reformen ist auf den Weg gebracht, darauf können weitere Anstrengungen aufbauen. Aber um international den Anschluss zu finden, muss man den Mut aufbringen, über die Binnenoptimierung des bestehenden Bildungssystems hinaus und über die langfristige Transformation der dem bestehenden Bildungssystem zugrunde liegenden Paradigmen nachzudenken.

Literatur

- Bildung auf einen Blick 2006. OECD-Indikatoren. Organisation für wirtschaftliche Zusammenarbeit und Entwicklung (OECD) (Hg.). Bielefeld (W. Bertelsmann Verlag) 2006.
- Gardner, H.: Abschied vom IQ. Die Rahmentheorie der vielfachen Intelligenzen. Stuttgart (Klett-Cotta) ⁴2005.

Bertram Brenig

Ist die Rinderseuche (BSE) ausgerottet? Früherkennung verhindert Massenschlachtungen

Im Jahre 1975 erkrankten in Großbritannien etwa 100.000 Schafe an Scrapie. Die britische Regierung beschloss, die Kadaver zu Tiermehl zu verarbeiten, was u. a. als Kraftfutter Rindern zugefüttert wurde. Am 11. Februar 1985 verendete in Großbritannien die erste Kuh an Boviner Spongiformer Enzephalopathie (BSE) und in den folgenden Jahren kam es zu einem dramatischen Anstieg der BSE, der 1992 mit ca. 37.000 Fällen einen absoluten Höhepunkt erreichte. Trotz umfangreicher Maßnahmen zur Unterbindung der potenziellen Infektionswege wurden auch im Jahr 2002 immer noch ca. 1100 Fälle von BSE in England registriert. In Deutschland wurde offiziell am 26.11.2000 der erste BSE-Fall in Schleswig-Holstein bestätigt. Bis dahin hatte es in Deutschland lediglich BSE-Fälle gegeben, die auf Importe zurückzuführen waren. Seither wurden hierzulande insgesamt 409 BSE-Fälle offiziell bestätigt (Stand: 18.07.2007). Insgesamt ist jedoch die Anzahl neuer BSE-Fälle in Deutschland und Europa seit einer konsequenten seuchenhygienischen Überwachung deutlich zurückgegangen (Abb. 1). Trotz dieses positiven Verlaufs hat sich der Rinderbestand in Deutschland in den letzten Jahren von ungefähr 15,2 Millionen auf 12,7 Millionen reduziert (Abb. 2). Dies bedeutet nicht nur einen erheblichen volkswirtschaftlichen Verlust, sondern es gehen auch wichtige genetische Reserven verloren.

Herkömmliche histopathologische Diagnostik

Nachteilig für die konsequente Tilgung der BSE ist vor allem die lange Inkubationszeit, die beim Rind im Durchschnitt fünf bis sechs Jahre beträgt. Die gebräuchlichen diagnostischen Verfahren erlauben erst zu einem relativ späten Zeitpunkt der Infektion einen sicheren Nachweis von infektiösen Prionen.

Beim Auftreten der typischen klinischen Symptome (Verhaltensstörungen, Bewegungsstörungen, Sensibilitätsstörungen) lässt sich zumin-

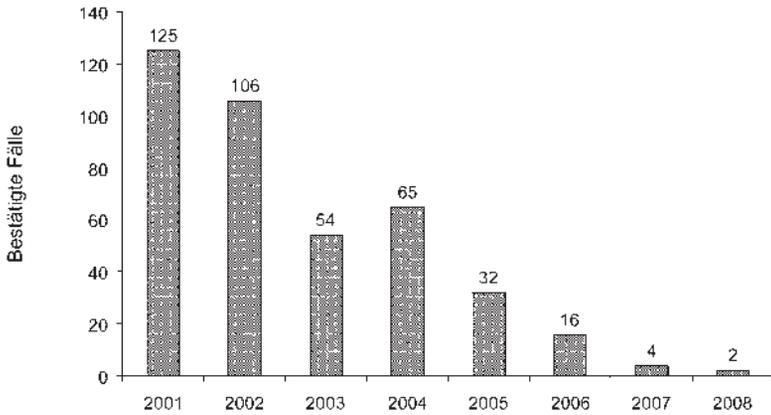


Abbildung 1: Anzahl der bestätigten BSE-Fälle in Deutschland
(Quelle: BMELV, Stand: 20.8.2009).

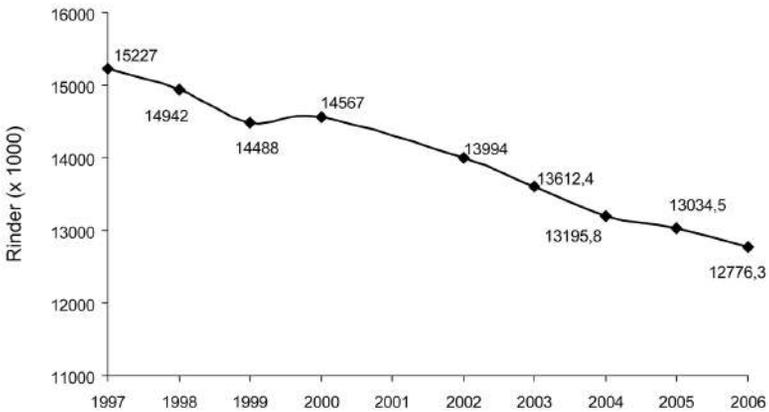


Abbildung 2: Entwicklung des Rinderbestands in Deutschland
(Quelle: Statistisches Bundesamt, Stand: 29.09.2006).

dest ein BSE-Verdacht äußern, so dass die nötigen seuchenhygienischen Maßnahmen eingeleitet werden können. Grundsätzlich gilt für alle durch Prionen übertragbaren Erkrankungen (Transmissible Spongiforme Encephalopathien, TSE), dass eine sichere Diagnose am lebenden Organismus nicht möglich ist. Zwar kann durch die Kombination einer Reihe von klinischen Untersuchungen ein Verdacht begründet und erhärtet werden, absolute Klarheit liefert jedoch erst eine histopathologische Untersuchung des Zentralen Nervensystems. Die zur Zeit zur Verfügung stehenden diagnostischen Verfahren basieren auf dem Nachweis der erhöhten Protease-Resistenz infektiöser Prionen (PrP^{Sc}) im Vergleich mit zellulären Prionen (PrP^c). Infektiöse Prionen können beim Rind ausschließlich *post mortem* an Präparaten der Obex-Region mittels ELISA (*Enzyme Linked Immunosorbent Assay*) oder Western-Blot nachgewiesen werden. Für eine effiziente zukünftige Kontrolle der BSE ist jedoch die Etablierung neuer diagnostischer Verfahren, die auch *in vivo* und zu einem frühen Zeitpunkt der Infektion eingesetzt werden können, von entscheidender Bedeutung (Abb. 3). Erst durch die Untersuchung am lebenden Tier kann sichergestellt werden, dass sich keine infizierten Tiere mehr in der Population befinden.

Zirkulierende Nukleinsäuren als neue Biomarker

Unter zirkulierenden Nukleinsäuren (CNA) wird RNA und/oder DNA verstanden, die in zellfreien biologischen Flüssigkeiten, beispielsweise Serum, vorkommt (Anker et al. 2001, Anker und Stroun 2002, Taback und Hoon 2004, Tsui et al. 2003). Es konnte gezeigt werden, dass CNA zur Diagnose verschiedener chronischer Erkrankungen eingesetzt werden kann. Die meisten dieser Verfahren basieren auf der Amplifikation von »Single-copy«-Genen (Gessoni et al. 2004). Während viele der bisher beschriebenen CNA-Tests auf dem Nachweis funktioneller Gene exogener oder viraler DNA beruhen, konnte in einigen Studien auch das Vorkommen endogener repetitiver Sequenzen (*small interspersed nuclear elements*, SINE) gezeigt werden (Alves et al. 2000, Taback et al. 2004, Urnovitz et al. 1999).

Die Bovine Spongiforme Encephalopathie (BSE) gehört zu der Gruppe chronischer Erkrankungen, die sehr detailliert beschrieben sind. Aufgrund der Bedeutung der BSE als Zoonose und der unbefriedigenden diagnostischen Situation wurde in unserer Arbeitsgruppe un-

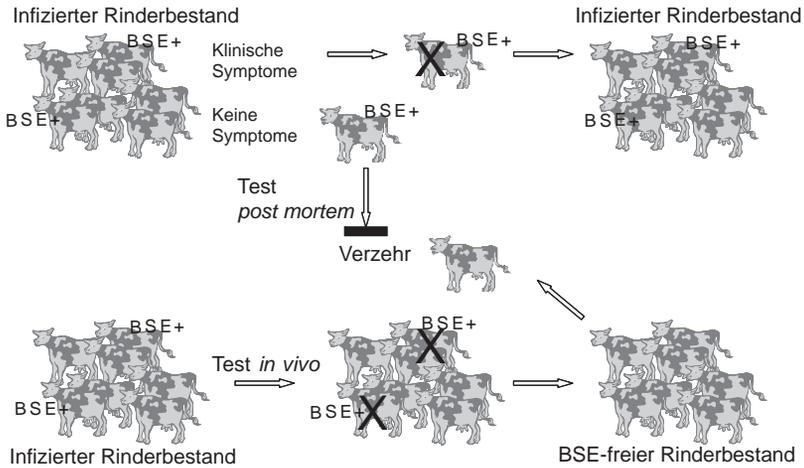


Abbildung 3: Vorteile eines BSE-Lebendtests zur Erkennung BSE-infizierter Tiere in Rinderherden.

tersucht, ob SINE-assoziierte CNA als Marker für den Nachweis einer BSE-Exposition *in vivo* geeignet ist.

Bereits seit vielen Jahren ist bekannt, dass beim Menschen im Blut zirkulierende Nukleinsäuren (CNA) einen hohen Anteil an repetitiver DNA enthalten. Um beim Rind derartige mit Zellstress assoziierte Nukleinsäuren zu identifizieren, wurde DNA aus Seren BSE-positiver Rinder isoliert und mit denen gesunder Rinder verglichen.

CNA wurde isoliert, kloniert und sequenziert. Dabei konnten CNA-Fragmente identifiziert werden, die nur im Serum von BSE-positiven Rindern vorkamen. 150 der 163 vergleichend analysierten CNA-Fragmente wiesen eine ähnliche Struktur auf, bestehend aus einem Fragment der 3'-Region boviner SINEs (Bov-tA) von ca. 80 bp Länge, gefolgt von DNA-Fragmenten aus nicht redundanten Genomregionen des Rindes von 11 bis 83 bp Länge. Auf den DNA-Sequenzanalysen basierend, wurde ein PCR-Protokoll entwickelt, das spezifisch SINE-assoziierte CNA im Serum BSE-exponierter Rinder nachweist. In einer umfangreichen Studie mit vier bestätigten BSE-Fällen, 137 BSE-Kohortentieren von acht BSE-Fällen und 845 gesunden Rindern konnte gezeigt werden, dass alle BSE-positiven Seren wiederholt zu 100 % erkannt wurden. BSE-Kohortentiere wiesen eine

100fach höhere Inzidenz reaktiver Tiere (durchschnittlich 63 %) im Vergleich mit den gesunden Kontrolltieren (durchschnittlich 0,6 %) auf ($p < 0,001$). Die Untersuchungen zeigen, dass BSE-positive und BSE-exponierte Tiere ein spezifisches SINE-assoziiertes Muster von CNA aufweisen und dieses als Marker für eine BSE-Exposition verwendet werden kann.

Das pathophysiologische Konzept des Testverfahrens beruht darauf, dass ein Körper mit einer Veränderung von kleinen Nukleinsäuren, die nicht kodierende, sondern vermutlich regulierende oder immunologische Funktionen haben, auf den Kontakt mit einem Krankheitserreger reagiert. Das Prinzip dieses Testverfahrens konnte hier für Rinder, die Kontakt mit dem BSE-Erreger hatten, gezeigt werden. Daraus ergeben sich völlig neue Möglichkeiten für BSE-Lebendtests und zur Erzeugung BSE-freier Rinderbestände. Der Hauptunterschied zu den bestehenden Testverfahren ist, dass mit den herkömmlichen BSE-Schnelltests Tiere gefunden werden, die nach einer jahrelangen Inkubationsphase erkranken oder kurz vor der Erkrankung stehen, mit dem neuen Testverfahren aber die Tiere identifiziert werden können, die erkranken könnten, weil ihr Körper mit dem BSE-Erreger in Kontakt gekommen ist und darauf reagiert hat.

Bedeutung des neuen Testverfahrens

Von offizieller Stelle wird das Auftreten von BSE-Krankheitsfällen in Kohorten als »Einzeltiererkrankung« bezeichnet und ein erhöhtes Risiko von Kohortentieren ausgeschlossen. Nun soll das neue Testverfahren nicht nur die schon erkrankten Tiere finden, sondern alle, die BSE in sich tragen. Selbst nach der offiziellen Statistik des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) haben BSE-Kohortentiere ein über 100fach erhöhtes Risiko, tatsächlich an BSE zu erkranken, verglichen mit gesunden Kontrolltieren. Im Rahmen der vorliegenden Studie wurden Berechnungen aus den vom BMELV veröffentlichten BSE-Statistiken für 2001 bis 2003 vorgenommen. Schließt man nun auch 2004 ein, kommt man zu einem relativen Risiko von 105,7 (Konfidenzintervall: 55,6 bis 200,8). Die sich ergebende Wahrscheinlichkeit, dass kein Unterschied bei Kohorten, verglichen mit Schlachtrindern, besteht (»Einzelfallerkrankung«), lässt sich mit $< 0,000001$ berechnen.

Aufgrund der langen Inkubationszeit der BSE im Körper des später erkrankenden Tieres wäre der Grad der Durchseuchung einer Herde derzeit nur dann ermittelbar, wenn man die Tiere ausaltern, also bis zum 8. Lebensjahr leben lassen würde. Tatsächlich liegt das durchschnittliche Schlachalter von Bullen bei unter 24 Monaten und von Milchkühen bei unter 60 Monaten. Damit wird erkennbar, dass bei Kohortentieren das Risiko, eine BSE zu entwickeln, um ein Vielfaches höher liegt, als derzeit erkannt wird. Darüber hinaus sind in Großbritannien bei den Kohortenuntersuchungen 2005, also sehr lange nach dem absoluten Verfütterungsverbot von tierischem Material, vier von 2642 Kohortentieren bestätigt BSE-positiv, also genau die Rate, die wir auch in Deutschland finden. Die Zahlen aus den Vorjahren lassen sich statistisch nach den Vorgaben der EU nicht verwenden (*Updated opinion on sourcing of ruminant materials from GBR I countries for medical devices* des *Scientific Steering Committee* SSC, 29-30.11.2001).

Auch die Biorisiko-Expertengruppe der EU (ESFA) stellte kürzlich auf Anfrage der EU-Kommission ein klar erhöhtes Risiko in Kohorten fest – sogar unter Einschluss aller BSE-Fälle im Vergleich –, verbunden mit entsprechenden Empfehlungen zur Kohortentötung, d. h. Massenschlachtung: »*In the absence of better data and more sensitive tests that could be carried out in vivo, there is not enough additional argument to modify the former opinion* [Keulung der Kohorten, Anm. d. Autors]« (ESFA-Q-2003-0098, 2004: 57, 1-8).

In Deutschland werden nur ca. 56 % der Schlachtrinder getestet, da nur diese die Altersgrenze erreichen (Quelle: Statistiken des BMELV). Insgesamt können also nur ca. 1-15 % der BSE-Infektionen mit dem heutigen System als solche erkannt werden. Wenn also offiziell von einer BSE-Infektion gesprochen wird, sind wissenschaftlich korrekt nur die entdeckten Fälle gemeint. Eine Infektion im medizinischen Sinn hingegen ist definiert als Eindringen eines Erregers, die tatsächliche Infektionsrate kann also unter Berücksichtigung der o.g. Verfahrens-limitationen aus den erkannten Erkrankungen mit 400 bis über 5000 Fällen pro Jahr in Deutschland hochgerechnet werden.

Im Rahmen der vorliegenden Studie konnte gezeigt werden, dass das Risiko, mit infektiösem Material in Kontakt gekommen zu sein, beschreibbar ist. Eine mögliche Konsequenz des Nachweises eines erhöhten Risikos könnte beispielsweise das separate Schlachten eines solchen Tieres, verbunden mit der Anwendung hochsensitiver Verfahren an mehreren Gewebeproben sein. Die Kosten wären hierbei gering, die

Steigerung der Verbrauchersicherheit aber erheblich. Kürzlich konnten wir bei den fortlaufenden Untersuchungen feststellen, dass es durchaus Kohorten gibt, die kein signifikant erhöhtes Kontaminationsrisiko haben, in denen der BSE-Fall also tatsächlich eine Einzeltierierkrankung darstellt. In einem anderen Fall war die Kohorte erst weit nach der Geburt zusammengekommen (Besamungsstation). Eine auch zunächst versuchsweise Anwendung einer Risikoermittlung in noch lebenden Kohorten könnte also helfen, die Tötungen auf das notwendige Maß zu beschränken, wäre wirtschaftlich sofort vorteilhaft und würde viel Druck von den betroffenen Landwirten und Produzenten nehmen.

Literatur

- Alves G., Kawamura M.T., Nascimento P., Maciel C., Oliveira J.A., Teixeira A. und Carvalho Mda G. (2000) DNA release by line-1 (L1) retrotransposon. Could it be possible? *Annals of the New York Academy of Sciences* 906, S. 129-133.
- Anker P., Lyautey J., Lederrey C. und Stroun M. (2001) Circulating nucleic acids in plasma or serum. *Clinica Chimica Acta* 313, S. 143-146.
- Anker P. und Stroun M. (2002) Progress in the knowledge of circulating nucleic acids: plasma RNA is particle-associated. Can it become a general detection marker for a cancer blood test? *Clinical Chemistry* 48, S. 1210-1211.
- Gessoni G., Barin P., Valverde S., Giacomini A., Di Natale C., Orlandini E., Arreghini N., De Fusco G., Frigato A., Fezzi M. (2004) Biological qualification of blood units: considerations about the effects of sample's handling and storage on stability of nucleic acids. *Transfusion and Apheresis Science* 30, S. 197-203.
- Taback B. und Hoon D.S. (2004) Circulating nucleic acids in plasma and serum: past, present and future. *Current Opinion in Molecular Therapeutics* 6, S. 273-278.
- Taback B., O'Day S.J., Boasberg P.D., Shu S., Fournier P., Elashoff R., Wang H. J. und Hoon D.S. (2004) Circulating DNA microsatellites: molecular determinants of response to biochemotherapy in patients with metastatic melanoma. *Journal of the National Cancer Institute* 96, S. 152-156.

- Tsui N.B., Ng E.K. und Lo Y.M. (2002) Stability of endogenous and added RNA in blood specimens, serum, and plasma. *Clinical Chemistry* 48, S. 1647-1653.
- Urnovitz H.B., Tuite J.J., Higashida J.M. und Murphy W.H. (1999) RNAs in the sera of Persian Gulf War veterans have segments homologous to chromosome 22q11.2. *Clinical and Diagnostic Laboratory Immunology* 6, S. 330-335.

Hanns Hatt

Die Macht der Düfte: Vom Molekül zur Wahrnehmung

Bevor Lebewesen sehen und hören konnten, waren sie in der Lage zu riechen. Das Riechen ist die Kraft, mit der sich Menschen und Tiere in der Welt chemischer Reize orientieren, in die wir eingebettet sind. In der langen Geschichte von 500 Millionen Jahren Evolution war es der Geruchssinn, der dem Gehirn ein wichtiges Fenster zur Welt geöffnet hat, indem er darüber informierte, was essbar ist oder giftig oder welches der richtige Sexualpartner ist, sowie zur Orientierung, Warnung und zum Sozialverhalten beitrug. An die Rezeptoren in der Nase angeschlossen, entwickelte das Gehirn die Fähigkeit, die von den Rezeptoren gemeldeten Reize zu analysieren, die wichtigen Duftstoffe zu identifizieren und als Signale zu erkennen, sie entlang ihrer Konzentrationsgradienten zu verfolgen und so ihre Quelle ausfindig zu machen. Bei den primitiven Wirbeltieren machte das Riechhirn den größten Teil des gesamten Gehirns aus, und die neuronalen Mechanismen der Signalverarbeitung, die sich dabei entwickelten, standen Modell für die Entwicklung aller anderen Sinne, wie Sehen und Hören. Trotz seiner ungeheuren Komplexität und Leistungsfähigkeit organisiert sich das menschliche Gehirn noch immer um das olfaktorische System. So lange der Mensch atmet, riecht er. Düfte können dabei auf vielfältige Weise in unser Leben eingreifen, sie können Auslöser für Sympathie und Antipathie sein, Stimmungen beeinflussen, das Sozial- und Sexualverhalten steuern und als chemische Kommunikationsmittel dienen. Neuere Forschungsdaten zeigen, dass für den Menschen dieses archaische Sinnesystem weit weniger an Bedeutung verloren hat, als wir gemeinhin glauben. Sehen und Hören halten wir für weit wichtigere – und entsprechend besser erforschte – Sinnesfunktionen. Sie tragen eher zum Bewusstsein und zu kognitiven Wahrnehmungsprozessen bei. Lebensqualität und Wohlbehagen, Erinnerungen, Liebe und Fortpflanzung allerdings werden maßgeblich durch das Riechen geprägt, auch wenn es uns nicht immer bewusst wird. Dies liegt am direkten Zugang unseres Riechsystems zu den ältesten Teilen des Gehirns, dem limbischen System und dem Hypothalamus. Hier liegen wichtige Zentren für Gefühle,

Emotionen und Triebe, aber auch für hormonelle Steuerung. Erst später werden die Informationen dann in den Neocortex geleitet und für unser Bewusstsein zugänglich.

Bevor uns Geist und Seele eines Menschen faszinieren können, muss dieser erst einmal unsere Nase betören. Noch steckt die Geruchsforschung beim Menschen in den Kinderschuhen und erst seit einigen Jahren hat sich die Wissenschaft mit der Bedeutung und den molekularen Prozessen der Duftwahrnehmung beschäftigt. – Dies allerdings mit einigen herausragenden Erfolgen, die dazu geführt haben, dass die Mediziner und Neurologen Richard Axel und Linda Buck für ihre Erforschung des Riechsystems 2004 den Nobelpreis erhielten.

Aufbau unserer Nase

In der menschlichen Nase finden wir drei übereinander liegende Ebenen, die mit Schleimhaut überzogen sind. Auf der obersten befindet sich das Riechepithel, das aus den eigentlichen Riech- und den Stützzellen sowie den Basalzellen besteht. Die Basalzellen sind adulte Stammzellen, die unser ganzes Leben lang die Riech- und Stützzellen im 4-Wochen-Takt erneuern. Riechzellen tragen an einem Ende feine, in den Nasenschleim hineinragende Sinneshärchen (Cilien), mit denen sie mit der Außenwelt in Kontakt treten und Duftstoffe absorbieren. Am anderen Ende der Riechzelle befindet sich ein langer Nervenfortsatz, der durch kleine Löcher im Schädelknochen bis zum Riechhirn (Bulbus olfactorius) zieht und Informationen über Riechzellerregungen ins Gehirn leitet (Abb. 1). Die Nerven der Riechzellen enden in kleinen kugelförmigen Zellansammlungen, den Glomeruli. Sie treten dort in Kontakt mit spezialisierten Empfängerzellen (Mitralzellen), die dann das Duftsignal in tiefere Gehirnregionen weiterleiten.

Wie arbeitet eine Riechzelle?

Alles, was duftet, gibt aufgrund des Dampfdrucks ständig winzige Mengen von spezifischen Molekülen in das umgebende Medium ab. Diese gelangen mit der Atemluft in unsere Nase bis hinauf zum Riechepithel, wo sie durch den Schleim mit Hilfe von Bindeproteinen zu den feinen Sinneshärchen der Riechzellen transportiert werden. Inzwischen

DIE MACHT DER DÜFTE

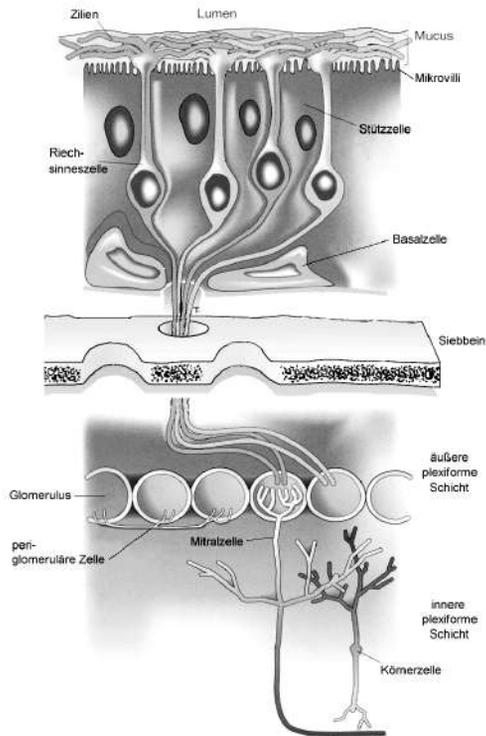


Abbildung 1: Aufbau der menschlichen Riechschleimhaut mit den Verbindungen der Riechsinneszellen zum olfaktorischen Bulbus.

weiß man, dass sich in der Membran dieser Sinneshäärchen spezifische Proteine, so genannte Rezeptoren, befinden, die bei entsprechender Passung mit dem Duftmolekül wechselwirken können. Dabei handelt es sich um schwache, elektrochemische Kräfte und zusätzliche mechanische Passung. So durch Duftmoleküle aktivierte Riechrezeptoren sind nun in der Lage, über zwischengeschaltete »G-Proteine« im Zellinneren eine biochemische Signalkaskade zu starten, an deren Ende die Herstellung von zyklischem Adenosinmonophosphat (cAMP), eines »Zweiten Botenstoffes« (second messenger), steht. Dieser Botenstoff öffnet dann seinerseits direkt Kanäle (Thürauf et al. 1996) in der Zellmembran, durch die positiv geladene Teilchen, Kationen, in die Zelle einströmen können und so das Ruhemembranpotential der Sinneszellen

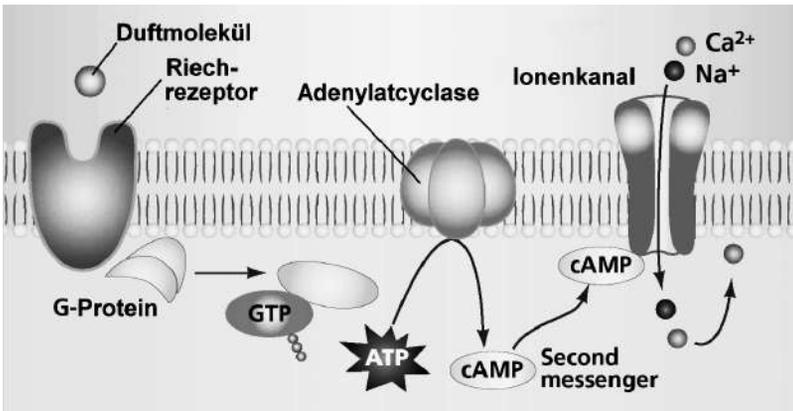


Abbildung 2: Molekulare Prozesse bei der Umsetzung eines chemischen Duftreizes in eine elektrische Zellantwort.

verändern (Abb. 2). Jede unserer Riechzellen hat in Ruhe ein negatives Potential von etwa -70 mV. Der Einstrom von positiv geladenen Ionen (meist Natrium- und Calciumionen) aus dem Nasenschleim macht dieses Potential positiver, die Zelle wird erregt. Man nennt eine solche Veränderung auch Rezeptor- oder Sensorpotential. Ab einem gewissen Schwellenwert (ca. -50 mV) wird das analoge Signal digitalisiert und in eine Sequenz von Aktionspotentialen umgewandelt, die entlang des Nervenfortsatzes der Riechzelle bis in unser Gehirn geleitet werden. Dieser kaskadenartige Verstärkungsmechanismus ist die Basis dafür, dass wir so sensitiv auf die geringsten Konzentrationen eines Duftstoffes reagieren können. Inzwischen konnten alle molekularen Komponenten, die an dieser Transduktionskaskade beteiligt sind, isoliert und die beteiligten Gene entschlüsselt werden.

Einen Meilenstein stellte dabei das Jahr 1991 dar, in dem in den USA die Gene für die beiden wichtigsten Proteine, die für die Erkennung und Umsetzung eines Duftreizes in eine elektrische Antwort der Riechzelle verantwortlich sind, erstmals identifiziert wurden, das Riechrezeptorprotein, das Düfte erkennt (Buck und Axel, 1991) und der spezifische, durch cAMP geöffnete Ionenkanal, der einen Stromfluss in Riechzellen erlaubt (Reed, 1992). Wir konnten dann zum ersten Mal diesen Ionenkanal an menschlichen Riechzellen mit elektrophysiologischen Methoden nachweisen und vermessen (Thürauf et al. 1996, Zufall

et al. 1993). 1999 gelang es uns dann, auch den ersten Riechrezeptor des Menschen zu klonieren und zu charakterisieren (Wetzel et al. 1999).

Die Riechrezeptoren, eine Großfamilie

Man schätzt, dass es im menschlichen Genom ca. 350 Riechrezeptoren gibt. Es ist die größte Genfamilie im menschlichen Genom überhaupt. Ein Hinweis darauf, wie wichtig Riechen für den Menschen ist, auch wenn wir oft den Geruchssinn als niederen oder gar »verlorenen« Sinn bezeichnen. Die Aminosäureketten (ca. 320 Aminosäuren) der Riechrezeptorproteine sind sich in ihrer Sequenz sehr ähnlich (homolog) und durchspannen an sieben Stellen die Zellmembran (Abb. 3). Am meisten Diversität findet man in Bereichen, die innerhalb der dritten, vierten, fünften und sechsten die Membran durchspannenden Region liegen. Hier vermutet man die Bindungsstellen für die einzelnen Duftmoleküle. Ein Rezeptorprotein ist dabei in der Lage, sehr spezifisch nur eine bestimmte chemische Teilstruktur (funktionale oder determinante Gruppe) eines Moleküls zu erkennen und entsprechend nur auf Duftmoleküle zu reagieren, die diese molekulare Struktur besitzen. Trotz ihrer hohen Spezifität können Rezeptoren nicht nur durch ein bestimmtes Molekül aktiviert werden, sondern Moleküle ähnlicher Struktur in höheren Konzentrationen sind dazu ebenfalls in der Lage. Man findet zum Teil auch Rezeptoren mit überlappenden Spektren. Molekular deutlich unterschiedliche Strukturen sind allerdings unwirksam. Die Gene für die verschiedenen Rezeptoren liegen beim Menschen in Clustern von bis zu 80 Mitgliedern angeordnet und sind nahezu über alle Chromosomen verteilt (außer Chromosom 20 und Y). Jede Riechzelle aktiviert allerdings nur eines dieser Gene und stellt deshalb nur einen einzigen Typ von Rezeptorproteinen her, darauf beruht die hohe Spezifität. Mit anderen Worten, bei ca. 20 Millionen Riechzellen und etwa 350 unterschiedlichen Rezeptoren gibt es entsprechend viele Typen von Riechzellen, d.h. von jedem Typ ca. 40.000 in der Riechschleimhaut verteilt. Mit Hilfe der sogenannten *In-situ*-Hybridisierungstechnik konnte eine spezifische, genetisch festgelegte Anordnung dieser 40.000 Sinneszellen eines Typs, ein Expressionsmuster, gefunden werden. Diese Verteilungen treten symmetrisch in beiden Nasenhöhlen auf.

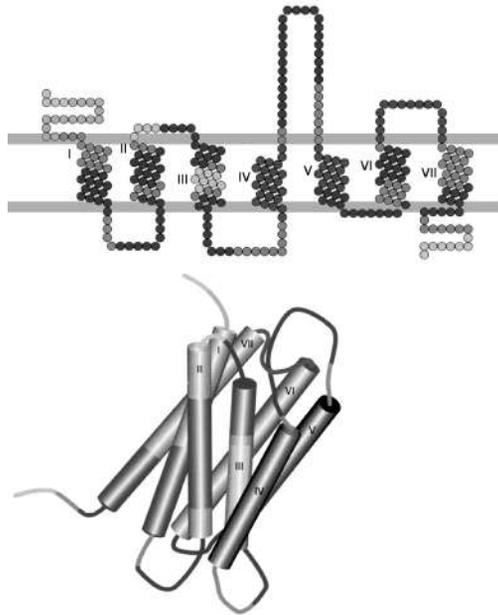


Abbildung 3: Struktur eines menschlichen Riechrezeptors.
(Farbabbildung 9, S. 40)

Funktionale Expression menschlicher Riechrezeptoren

Wir haben uns in den letzten Jahren vor allem mit der detaillierten Untersuchung der Riechrezeptorproteine beschäftigt, die in der Nase des Menschen vorkommen. Hinweise, dass es sich tatsächlich um die lang gesuchten Riechrezeptoren handeln könnte, kamen aus den Befunden, dass man sie spezifisch in Riechzellen findet und dass es eine zahlenmäßig sehr große, mehrere hundert Mitglieder umfassende Genfamilie gibt, die entsprechend viele unterschiedliche solcher Proteine erzeugt. Für einen gesicherten Beweis war es notwendig, zu zeigen, dass diese Proteine Düfte erkennen und unterscheiden können und in der Lage sind, in der Zelle die Signalübertragungskaskade anzuschalten. Experimentell gingen wir deshalb folgendermaßen vor: Die menschlichen Riechrezeptorgene werden nach herkömmlichen molekularbiologischen Methoden aus genomischem Material des Menschen isoliert, kloniert und in Expressionsvektoren, gekoppelt an eine so genannte

Membranimportsequenz, eingebaut. Hierzu wählten wir nach dem Zufallsprinzip eine Familie von Rezeptorproteinen, deren Gene in einem Genkluster mit ca. 20 Mitgliedern auf Chromosom 17 des Menschen zu finden sind, aus.

Humane Riechrezeptoren werden von uns in rekombinanten Systemen untersucht. Als rekombinantes Expressionssystem wird eine menschliche Nierenzelllinie (HEK293-Zellen) verwendet, teilweise auch eine Stammzelllinie aus olfaktorischen Basalzellen (Odora-Zellen). Mithilfe von viralen, aber auch Calcium-Präzipitations-Transfektionsmethoden werden die Rezeptorgene zusammen mit einem expressionsverstärkenden Protein hsc70t (Neuhaus et al. 2006) in die Nierenzellen eingeschleust. Innerhalb weniger Stunden beginnen dann die Nierenzellen, das entsprechende Riechrezeptorprotein herzustellen und in ihre Zellmembran einzubauen. In Vorversuchen konnte gezeigt werden, dass die Aktivierung von Riechrezeptoren zum Anstieg der intrazellulären Calciumkonzentration in Zellen führt. Dies kann mit einem Calcium-sensitiven Farbstoff (Fura-2), der Veränderungen der Calciumkonzentrationen in der Zelle durch Verschiebung der Wellenlänge des emittierten Lichtes kenntlich macht, mithilfe von bildgebenden Verfahrenstechniken (*Calcium-Imaging-System*) live und in Echtzeit beobachtet werden. Die erfolgreiche Duftaktivierung eines spezifischen Rezeptorproteins wird dann durch die Erhöhung der Calciumkonzentration in der Zelle nach Applikation definierter Duftmischungen (Henkel 100, Symrise 100) nachgewiesen. Anschließende Unterteilung der stimulierenden Duftmischung und Analyse der Aktivität der einzelnen Fraktionen führen zur Identifizierung des/der für die Aktivierung des Rezeptors verantwortlichen Duftmoleküls/e. Mit diesen Methoden gelang es uns, den ersten menschlichen Riechrezeptor (hOR17-40) zu charakterisieren. Dieser Rezeptor ist spezifisch für Helional und strukturell ähnliche Moleküle (z. B. Heliotropylazeton), ein Duft nach frischer Meeresbrise (Wetzel et al. 1999) (Abb. 4). Darüber hinaus haben wir zusätzlich biochemische Essay-Systeme (z. B. *Fusion-Essay*) aufgebaut, mithilfe derer wir im Hochdurchsatzverfahren größere Mengen an verschiedenen Duftstoffen in ihrer Wirkung auf einen bestimmten Rezeptor untersuchen können. Hierzu wird entweder eine stabile Zelllinie mit dem entsprechenden Rezeptor verwendet oder größere Mengen an nativem Material (z. B. Spermien), um eine genügend große Lichtausbeute bei der Biolumineszenz-Reaktion zu erhalten. Außerdem wurde am Lehrstuhl eine schnelle Applikationsmethode für

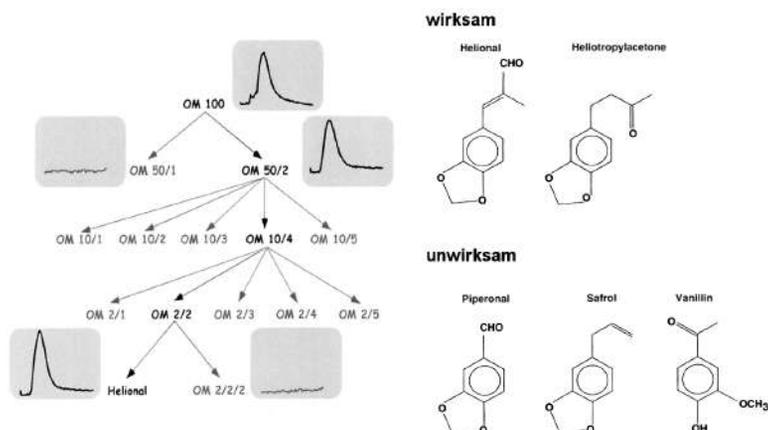


Abbildung 4: Identifikation eines wirksamen Duftes für den menschlichen Rezeptor OR 17-40. Aus der Mischung von 100 verschiedenen Düften wurde die Substanz identifiziert, die den Rezeptor OR 17-40 aktiviert: Helional (OM: Duftmischung).

die Zugabe von Duftstoffen etabliert. Hierbei handelt es sich um ein ventilgesteuertes Mikroapplikationssystem, das erlaubt, in sieben getrennten Zuführungsleitungen von nur einigen Mikrometern Durchmesser verschiedene Duftstoffe sehr rasch (ca. 10 ms) auf Zellen zu applizieren und ebenso schnell wieder aus dem System zu entfernen. Besonders für Duftstoffe, deren Zellantwort schnell adaptiert, ist dies von Bedeutung und Notwendigkeit.

Bestimmung des aktivierenden Duftes für einen menschlichen Riechrezeptor

Inzwischen konnten von uns weitere menschliche Rezeptoren hinsichtlich der aktivierenden Düfte identifiziert werden. Von besonderer Wichtigkeit erwies sich dabei der Rezeptor hOR17-4, der durch Mälglockchen-ähnliche Substanzen (Bourgeonal, Zyklamal) stimuliert wird (Spehr et al. 2003). Die Bestimmung des molekularen rezeptiven Feldes dieses Rezeptorproteins durch umfangreiche Strukturaktivitätsstudien zeigt, dass dieser Rezeptor in der Lage ist, spezifisch eine bestimmte

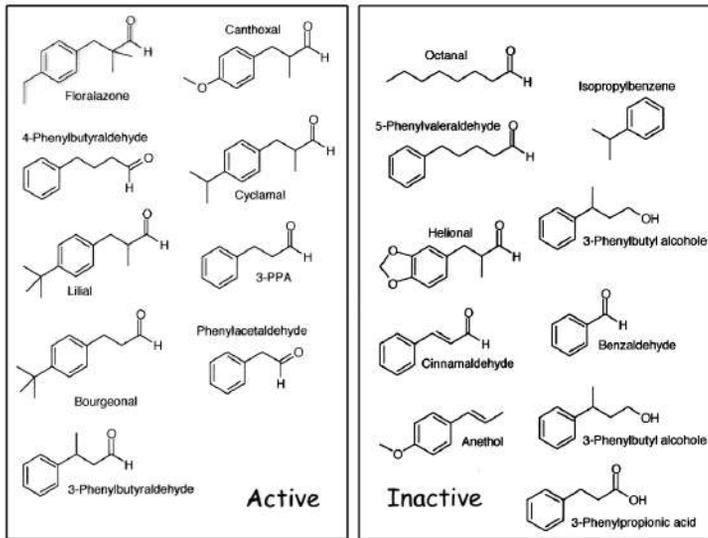


Abbildung 5: Spezifität des menschlichen Rezeptors OR 17-4.

chemische Struktur eines Duftmoleküls zu erkennen (Abb. 5). Düfte, die diese funktionale Gruppe tragen, können die Konformation des Rezeptorproteins verändern und dadurch die biochemische Signalverstärkungskaskade in der Riechzelle starten. Dieses Grundprinzip ist für alle bisher untersuchten Riechrezeptoren gültig. Rezeptorproteine sind also nicht nur durch ein einziges spezifisches Duftmolekül erregbar, sondern durch eine umschriebene Gruppe von chemischen Substanzen mit definierten Strukturmerkmalen. Man kann deshalb davon ausgehen, dass die ca. 350 aktiven Rezeptorgene (Zozulya et al. 2001) es dem Menschen erlauben, entsprechend viele einzelne Gruppen von Duftmolekülen zu erkennen und zu unterscheiden. Endgültig bewiesen wird dies allerdings erst die Entschlüsselung und Charakterisierung aller beim Menschen vorkommender Rezeptoren. Die technischen Voraussetzungen hierfür sind vorhanden.

Interessanterweise konnten wir im Rahmen dieser Liganden-Screeningexperimente für den Rezeptor hOR17-4 nicht nur aktivierende, sondern auch antagonistisch wirkende, also blockierende Duftmole-

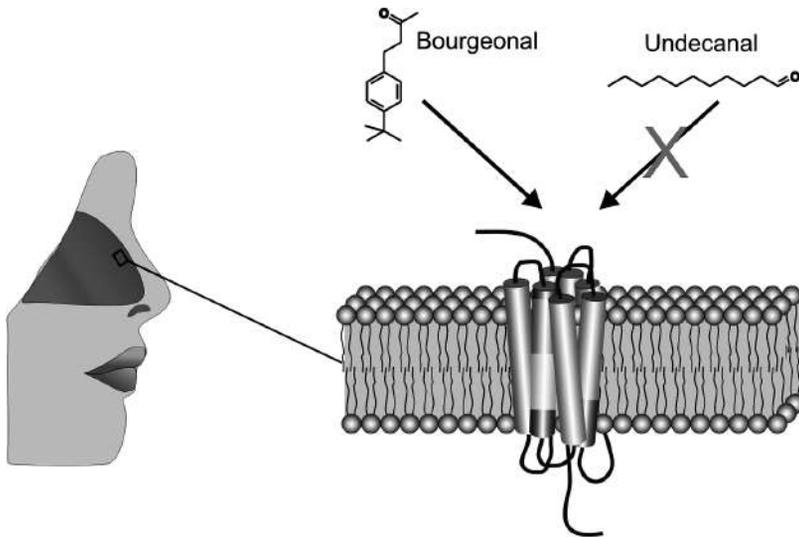


Abbildung 6: Antagonistische Wirkung von Duftstoffen auf den Rezeptor hOR17-4.

küle (z.B. Undecanal) entdecken (Abb. 6). Undecanal und strukturell ähnliche Moleküle sind in der Lage, den Agonisten von der Bindestelle zu verdrängen und bei entsprechenden Konzentrationsverhältnissen die Aktivierung des Rezeptors zu verhindern. Vor kurzem konnten wir durch »sniffing tests« mit Probanden und elektrophysiologische Messungen am menschlichen Riechepithel (EOG) zeigen, dass der Rezeptor hOR17-4 in Riechzellen der menschlichen Nase durch den antagonistisch wirkenden Duftstoff blockiert (Spehr et al. 2005). Dadurch wird unter allen 350 Rezeptoren spezifisch der Rezeptor für Maiglöckchenduft ausgeschaltet und selektiv die Wahrnehmung dieses Duftes verhindert.

Damit konnte erstmals gezeigt werden, dass, ähnlich wie von vielen pharmakologischen Rezeptoren (Adrenalin, Opiat) bereits bekannt, ein Riechrezeptor spezifisch blockiert und der Geruch eines bestimmten Duftes selektiv ausgeblendet werden kann. Durch weitere Entwicklung von spezifischen Duftblockern für menschliche Rezeptoren ließen sich nicht nur übelriechende Gerüche selektiv ausschalten (z.B. Toilettengeruch, Schweißgeruch), sondern auch die Duftwahrnehmung von Zellen außerhalb der Nase selektiv blockieren.

Riechen Spermien die Eizelle?

Großes Interesse in Wissenschaft und Medien erlangten unsere jüngsten Forschungsergebnisse, dass Riechrezeptoren nicht nur in der Nase von Mensch und Tier, sondern auch in verschiedenen Zellen außerhalb der Riechschleimhaut vorkommen. Mit Hilfe von molekularbiologischen und elektrophysiologischen Methoden konnten wir vor einigen Jahren erstmals nachweisen, dass außerhalb der Nase auch in menschlichen Spermien cAMP-aktivierte Kanäle existieren (Weyand et al. 1994). Vor kurzem konnten wir darüber hinaus zeigen, dass sich in Spermien Riechrezeptoren befinden. So wird der Riechrezeptor (hOR17-4) in Spermien eingesetzt, um sie zur Eizelle entlang eines Lockduftgradienten zu führen. Lebende menschliche Spermien, beladen mit dem Calcium-Farbstoff Fura-2, reagierten auf Zugabe von Bourgeonal (Maiglöckchenduft) mit einem Calcium-Anstieg. Die Verwendung des spezifischen Antagonisten Undecanal zeigte, dass tatsächlich dieser Rezeptor auf den Spermien für die Aktivierung verantwortlich ist: Vor-Inkubation der Spermien mit dem Antagonisten (Undecanal) blockierte auch bei Spermien die Reaktion auf den Agonisten konzentrationsabhängig. Durch Benutzung hochauflösender mikroskopischer Techniken (konfokale Laser-Multiphotonen-Mikroskopie) ließ sich der Calcium-Anstieg präzise lokalisieren (Spehr et al., 2004). Er beginnt im Mittelstück der Spermien, also einem Areal zwischen dem Kopf und dem langen Flagellum, von dem bekannt ist, dass es für die Steuerung der Flagellenbewegung entscheidend ist (Abb. 7). Die Bewegungsanalyse von lebenden menschlichen Spermien zeigte, dass Stimulierung des Rezeptors hOR17-4 mit »Maiglöckchenduft« zu einer Verdoppelung der Schwimgeschwindigkeit und einer positiv chemotaktischen Reaktion der Spermien in Richtung zur Duftwelle hin führt (Abb. 7). Im Bereich der Fertilität könnte folgerichtig der Agonist eingesetzt werden, um die Befruchtungsrate zu steigern, der Antagonist, um die Spermien-Eizellinteraktion zu blockieren, und damit eine neue Methode nicht hormoneller Empfängnisverhütung eröffnen.

Inzwischen konnten Riechrezeptoren sogar in Prostata- und Gehirnzellen nachgewiesen werden. Gerade in Tumorzellen findet man Riechrezeptoren in großen Mengen. Dies zeigt, dass sie auf vielen Ebenen in unsere Körperfunktionen eingreifen können, wir aber auch die technischen Voraussetzungen haben, die molekularen Wirkmechanis-

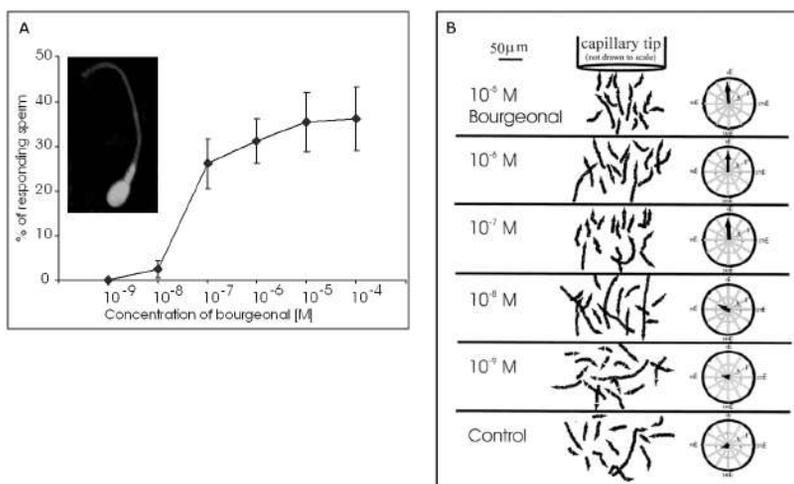


Abbildung 7: A Reaktion menschlicher Spermien auf Maiglöckchenduft (Bourgeonal) in unterschiedlicher Konzentration. B Analyse der Bewegung menschlicher Spermien in Richtung der Duftquelle (Maiglöckchenduft). Abbildung verändert aus Spehr et al. 2003.

men in den verschiedenen Zellen zu untersuchen. Hier besteht allerdings noch ein großer Arbeits- und Forschungsbedarf.

»Molecular Modelling«

Durch die hohe Strukturhomologie der bisher identifizierten Riechrezeptoren und unterschiedlich wirksamen Duftmoleküle war es uns auch erstmals möglich, Aminosäuren im Rezeptorprotein zu identifizieren, die potenziell an der Bindung des Duftmoleküls beteiligt sind. Mithilfe von computerunterstützten »molecular modelling«-Verfahren können damit in Zukunft Strukturvorhersagen für den idealen Duft an einem bestimmten Rezeptor gemacht oder umgekehrt ein Rezeptorprotein mit einem optimalen Bindungsareal für einen bestimmten Duft konstruiert werden (Doszczak et al. 2007). Ein lang gehegter Traum der Wissenschaftler und der Industrie könnte somit in Erfüllung gehen, für einen Riechrezeptor den perfekten Duft zu designen oder durch Veränderung am Rezeptor einen »Super«-Riechsensoren für einen definierten Duft zu erzeugen (Abb. 8).

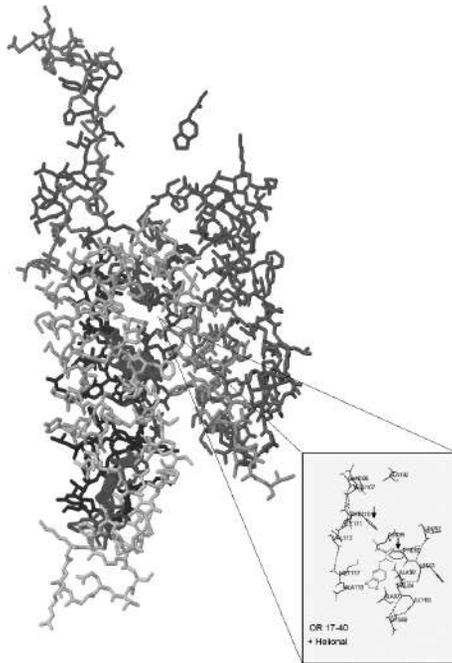


Abbildung 8: Hypothetisches Computermodell der Bindestelle am menschlichen Riechrezeptor OR 17-40 (entwickelt mit Prof. C. Anselmi, Universität Siena/Italien). (Farbabbildung 10, S. 41)

Erkennung und Unterscheidung von Düften

Die meisten Düfte, mit denen wir im normalen Leben konfrontiert werden, sind keine chemisch reinen Einzelsubstanzen, sondern Mischungen aus sehr vielen chemischen Komponenten. So bestehen Blumendüfte meist aus mehreren hundert Einzelkomponenten, ähnliche Zahlen findet man auch bei modernen Parfums oder im Nahrungsmittelsektor. Wie funktioniert es, dass wir eine Orange von einer duftenden Rose unterscheiden können (Shepherd 1994)? Wie bereits erwähnt, besitzen wir ca. 350 verschiedene Typen von Riechsinneszellen, von denen jede einzelne nur einen Typ von Rezeptor herstellt und deshalb sehr spezifisch für eine kleine Gruppe chemisch nah verwandter Substanzen ist. Alle Zellen eines bestimmten Typs, also alle ca. 40.000, senden ihre Nervenfortsätze zu einem ganz bestimmten kugelförmigen Gebilde (Glomerulus) in unser Riechhirn (Bulbus olfactorius). Nehmen

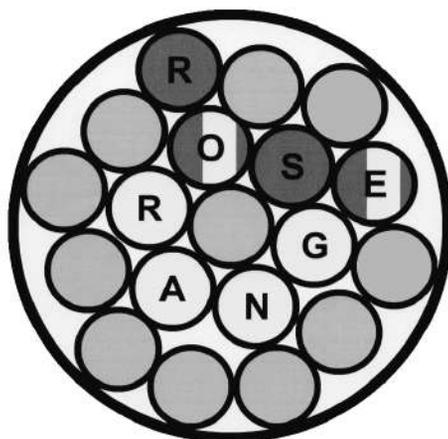


Abbildung 9: Modell der Unterscheidung des Rosen- und Orangenduftes im Bulbus olfactorius durch kombinatorische Aktivierung von Glomeruli (»Gestalterkennung«). (Farbabbildung 11, S. 41)

wir an, wir würden chemisch reine Vanille nahe der Schwellenkonzentration riechen, so würde nur der Typ von Riechzellen aktiviert werden, der das passende Rezeptorprotein für die Erkennung von Vanille besitzt, also die »Vanillezellen«. Diese senden ihre Nervenfortsätze zu einem bestimmten Glomerulus (Mombaerts 1996), dem »Vanilleglomerulus«, ähnliches gilt für einen »Moschus-Glomerulus« oder »Buttersäure-Glomerulus«. Riecht man eine Mischung aus mehreren chemischen Komponenten, so werden entsprechend mehrere Rezeptorzelltypen und damit auch mehrere dieser Glomeruli gleichzeitig im Riechhirn aktiviert. Die Kombination beinhaltet die Information, welche Duftmischung wir gerochen haben. Rosenduft zeigt eine charakteristische Glomerulikombination, eine andere Kombination von Glomeruli wird von Orangenduft aktiviert, zum Teil können sie sich überlappen (Abb. 9). In der Psychologie könnte man es am besten mit dem Begriff »Gestalterkennung« beschreiben. Jeder Duft hat seine charakteristische Gestalt im Sinne eines für ihn typischen Aktivierungsmusters bestimmter Glomeruli. Haben wir einen Duft einmal gelernt, so können wir ohne weiteres einen Teil der Information weglassen und werden trotzdem noch den Duft wiedererkennen. So kann man die Zahl der chemischen Komponenten eines Mischduftes stark reduzieren und trotzdem

werden wir ihn noch identifizieren können, beispielsweise als künstlichen Rosenduft oder künstliches Orangenaroma. Dies erlaubt natürlich auch der Industrie, uns zu manipulieren. Es können uns künstliche Aromastoffe, beispielsweise Pfirsich-, Trüffel- oder Lachsaroma als Naturprodukte vorgegaukelt werden, ohne dass diese Stoffe in der Nahrung enthalten sind. Wir können auch mit künstlichen Aromastoffen angelockt (z. B. zum Brotduft) oder dazu verführt werden, Gegenstände für gut und teuer zu halten (z. B. mit Neuwagenduftaroma oder Lederaroma), ohne dass es der Wirklichkeit entspricht. In der Werbung werden Düfte häufig als die geheimen Verführer bezeichnet, sie können uns unbewusst manipulieren, aber, wie wir aus der Aromatherapie wissen, auch viele positive Wirkungen ausüben.

Literatur

- Buck L. und Axel R. (1991) A novel multigene family may encode odorant receptors: A molecular basis for odor reception. *Cell* 65, S. 175-187.
- Doszczak L., Kraft P., Weber H.-P., Bertermann R., Triller A., Hatt H. und Tacke R. (2007) Duftvorhersage: das Computermodell des hOR17-4-Rezeptors auf dem Prüfstand mit Silicium-Analoga von Bourgeonal und Lilial. *Angewandte Chemie* 119, S. 1-7.
- Doszczak L., Kraft P., Weber H.P., Bertermann R., Triller A., Hatt H. und Tacke R. (2007) Prediction of Perception: Probing the hOR17-4 Olfactory Receptor Model with Silicon Analogues of Bourgeonal and Lilial. *Angewandte Chemie International Edition* 46, S. 1-6.
- Mombaerts P. (1996) Targeting olfaction. *Current Opinion in Neurobiology* 6, S. 481-486.
- Neuhaus E.M., Mashukova A., Barbour J., Wolters, D. und Hatt, H. (2006) Novel function of β -arrestin2 in the nucleus of mature spermatozoa. *Journal of Cell Science* 119, S. 3047-3056.
- Neuhaus E.M., Mashukova A., Zhang W., Barbour J. und Hatt H. (2006) A specific heat shock protein enhances the expression of mammalian olfactory receptor proteins. *Chemical Senses* 31, S. 445-452.
- Reed R.R. (1992) Signaling pathways in odorant detection. *Neuron* 8, S. 205-209.

- Shepherd G.M. (1994) Discrimination of molecular signals by the olfactory receptor neuron. *Neuron* 13, S. 771-790.
- Spehr M., Gisselmann G., Poplawski A., Riffell J.A., Wetzel C.H., Zimmer R.K. und Hatt H. (2003) Identification of a testicular odorant receptor mediating human sperm chemotaxis. *Science* 299, S. 2054-2058.
- Spehr M., Schwane K., Heilmann S., Gisselmann G., Hummel H. und Hatt H. (2004) Dual capacity of a human olfactory receptor. *Current Biology* 14 (19), S. 832-833.
- Spehr M., Schwane K., Riffell J.A., Barbour J., Zimmer R.K., Neuhaus E.M. und Hatt H. (2004) Particulate adenylate cyclase plays a key role in human sperm olfactory receptor-mediated chemotaxis. *The Journal of Biological Chemistry* 279 (38), S. 40194-40203.
- Thürauf N., Kobal G., Giuric M. und Hatt H. (1996) Cyclic nucleotide-gated channels in identified human olfactory receptor neurons. *European Journal of Neuroscience* 8, S. 2080-2089.
- Wetzel C.H., Oles M., Wellerdieck C.H., Kuczkowiak M., Gisselmann G. und Hatt H. (1999) Specificity and sensitivity of a human olfactory receptor functionally expressed in human embryonic kidney 293 cells and *Xenopus laevis* oocytes. *The Journal of Neuroscience* 19 (17), S. 7426-7433.
- Weyand I., Godde M., Frings S., Weiner J., Müller F., Altenhofen W., Hatt H. und Kaupp U.B. (1994) Cloning and functional expression of a cyclic-nucleotide-gated channel from mammalian sperm. *Nature* 368, S. 859-863.
- Zozulya S., Echeverri F. und Nguyen T. (2001) The human olfactory receptor repertoire. *Genome Biology* 2, S. 1-12.
- Zufall F., Hatt H., Shepherd G.M. und Firestein S. (1993) Rapid application of second messengers to recombinant cyclic nucleotide-gated ion channels reveals new mechanisms of signal transduction. *Pflügers Archiv* 422, R53.

Bo Barker Jørgensen

Methane in the oceans: a new energy resource, or a concern for the environment?

Natural gas that is used today as an energy source consists of methane produced thermo-chemically in the subsurface where deeply buried sedimentary deposits are heated above 100 °C. By far most of the methane in nature, however, is not the result of geothermal heating but originates from the low-temperature degradation of organic material by microorganisms in the absence of oxygen. This biogenic methane is produced almost everywhere: in the seabed, in wetlands and lake sediments, in the rumen of cattle, in termite guts, in anaerobic bioreactors etc. When released into the atmosphere, methane is a strong greenhouse gas, about 25-fold more efficient than carbon dioxide. Due to its much lower concentration, however, methane still accounts for only ca. 20 % of the greenhouse effect. Over the past 200 years the atmospheric methane concentration has more than doubled due to human activities, in particular due to greater cattle stocks, more extensive rice fields, and the exploitation of fossil fuels (Figure 1). In comparison, the concentration of the most important greenhouse gas, carbon dioxide, has increased by about 30 % over the same period.

Due to the large increase in anthropogenic methane emissions, the contribution of marine methane to the atmosphere is today relatively small in comparison (Reeburgh 2007). If we look back in time, however, striking observations from deep ice cores in Greenland and the Antarctic provide information about the role of methane in the long-term climate history on earth. Over the past several hundred thousand years, the recurring cold periods, or ice ages, with extensive polar ice caps have been interrupted by sudden warming accompanied by a sudden increase in atmospheric methane and carbon dioxide. What is the relationship between atmospheric methane and rapid warming? Could a further global warming forced by carbon dioxide emissions also enhance methane emissions and thereby cause even stronger warming due to a positive feed-back loop (Dickens 2003)?

Two theories have been intensively debated in recent years as possible explanations for the coupling between atmospheric methane and

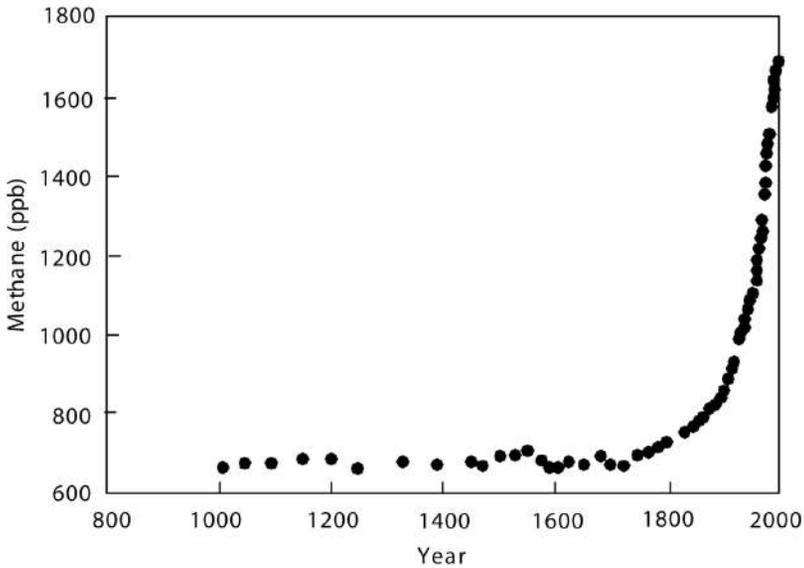


Figure 1: Concentration of methane in the atmosphere over the past 1000 years (ppb = parts per billion). (Source: CSIRO Atmospheric Research).

global warming in the past. One is the »wetland methane hypothesis«, suggesting that warming enhances the extension of natural wetlands that emit methane, in particular at high latitudes. The other is the »clathrate gun hypothesis«, explained below.

Clathrates, better known as gas hydrates, consist of gas molecules trapped within the crystalline structure of water ice. Gas hydrates look like ice and exist where high concentrations of methane occur under high pressure and low temperature (Figure 2). Such conditions are typically found in the subsurface of deep continental margin sediments as well as deep in the Arctic permafrost. Along the continental margins, sediments may contain gas hydrates at a subsurface depth of tens to hundreds of meters. The gas hydrate layer is often detectable through seismic studies made from research vessels, and seismic mapping has therefore provided useful information about occurrence of gas hydrates, yet limited information about their quantity.

During cold periods, such as during an ice age, conditions are favorable for the build-up of gas hydrate reserves in the sea bed. When the



Figure 2: Gas hydrate from the seabed in the eastern Pacific Ocean off the coast of Oregon. (Source: IfM-GEOMAR). (Farbabbildung 12, S. 42)

ice caps start melting, for example triggered by the cyclic changes in earth's orbital parameters, and ocean water at intermediate depths of 400-1000 meters becomes warmer, the buried gas hydrates begin to melt. This generates a fluidized and unstable intermediate layer in the sea bed that may ultimately cause a sudden slide of marine mud down into the deep sea. Such mud slides have occurred many times in the past along the margin of the European and other continents (Mienert et al. 2004). The mass movement of sea water accompanying this mud flow generates tsunamis that can have devastating effects along the coasts, even at great distances of thousands of kilometers. A famous example is the Storegga Slide off the coast of Norway which happened about 8,000 years ago and generated a tsunami wave 10-15 meter high that hit the coasts of Norway, Iceland and Scotland within hours and also reached more distant coasts of Northern Europe. The mud slide happened over a length of 300 km along the edge of the continental shelf. In total, 3,400 cubic kilometers of mud spread out over the deep sea floor with a total run-out distance of 800 km.

When such a major submarine slide occurs and suddenly exposes underlying gas hydrate, the gas hydrate may rapidly dissolve and be released as free gas that rises up through the water column and reaches into the atmosphere. Detailed studies of ice cores indicate that a distinct rise in methane concentration and in the global temperature may sometimes have happened within a few decades, i.e. within a human genera-

tion time. It is therefore a pressing question whether conditions for such a hydrate triggered mud slide and tsunami may happen as a result of the ongoing temperature increase, in particular in the Arctic. The potential for a future warming of deeper ocean water in the North Atlantic is still difficult to predict. The possibility of a destabilization of continental margin sediments by dissolution of underlying gas hydrate is, however, a theme of intensive research. Particular attention in European waters is paid to the northern margins along Norway, the Barents Sea and western Svalbard, regions that could be highly sensitive to a deep water temperature increase.

To return to the »clathrate gun hypothesis«: it is the underlying idea that gas hydrate builds up during cold, glacial periods and that part of this gas hydrate may then suddenly be released and escape as methane gas into the atmosphere at the beginning of a warm period, thereby enhancing the warming by increasing the concentration of greenhouse gas. Thus, the »clathrate gun« is loaded in the cold and fired upon warming. Data from ice cores and other climate records show that, on a geological time scale, gas hydrates appear to be a dynamic reservoir that interacts actively with the global carbon cycle and climate regulation. Studies of the recent geological past (last million years) indicate that a release of methane from gas hydrates may have accompanied a pre-programmed global warming but that it has not caused a run-away greenhouse effect.

The current understanding of how much gas hydrate lies hidden beneath the sea floor is incomplete, yet improving. Global estimates of methane locked up in gas hydrate have decreased strongly over the past decades, and the most cited figure of 10,000 gigatons could possibly be too high, even by an order of magnitude (Milkov 2004). According to the estimate by Milkov, the total amount of methane in gas hydrates is about 1,200 gigatons. This corresponds to one fourth of the carbon bound in known reserves of fossil fuels and one eighth of the total pool of organic carbon on Earth's surface.

Most gas hydrate in the sea bed occurs so scattered in the soft mud that it does not allow a technical and commercial exploitation. It is probably only a few percent of the global gas hydrate reservoir that has a potential as useful energy resource. Most promising are gas hydrates on land bound in the permafrost of Arctic regions such as northern Canada, Alaska and Siberia, where also the first drilling test are in operation. However, also ocean margin hydrate sites such as the Nankai Trough, SE of Japan, are currently being explored. Although

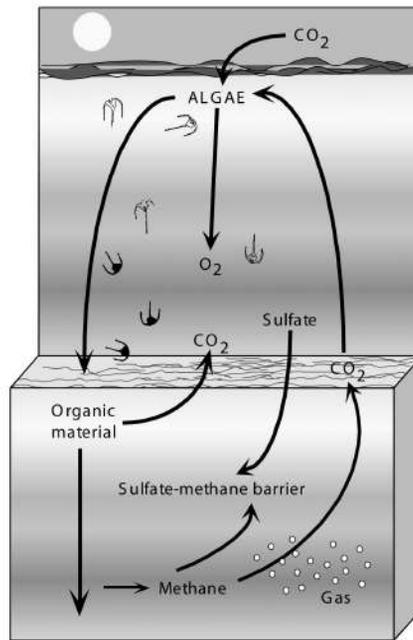


Figure 3: Carbon cycle in the ocean and sea bed. Organic matter is produced in the upper ocean layer, sinks to the sea floor, and is partly buried and converted into methane. Methane may accumulate as bubbles. It ascends towards the sediment surface but is mostly broken down by a microbial process that involves sulfate diffusing down from the sea water. In this manner, the seabed retains more than 90 % of all methane produced, but it is sensitive to overloading of organic matter which may cause ebullition of methane gas.

the economic incentive is currently limited, gas hydrates are surveyed by the off-shore industry for other reasons as they provide a potential geohazard for platforms and pipelines or for drilling activities in deep waters (blow-out risk).

The fate of marine methane

The seabed is a giant anaerobic bioreactor in which vast amounts of methane are produced. Nearly all of this methane is degraded again below the sea floor through a microbiological process that involves sulfate penetrating down from the sea water (Figure 3). As sulfate is one of the

most abundant salts in the ocean, this barrier against escape of methane is generally very efficient. Although this breakdown of methane is one of the key processes in the global carbon cycle, with important implications for climate regulation, the microorganisms that carry out the process were discovered only at the end of the last decade by a German microbiologist, Antje Boetius (Boetius et al. 2000). What she observed was microscopic consortia of bacteria and archaea, living together in colonies of a few hundred cells. Archaea are best known as microorganisms that produce methane or that live at the highest temperatures in volcanic hot springs. In the consortia, however, they have reversed the process of methanogenesis and are instead breaking down the methane. Although both bacteria and archaea are of microscopic dimensions, they are more distantly related than plants and animals in the great evolutionary tree of life. The methane-eating consortia are unique in being the first known example of a symbiosis between bacteria and archaea. In spite of intensive efforts, scientists have not yet succeeded in bringing these organisms, the gate-keepers of the marine methane cycle, into pure culture for closer study in the laboratory. It is possible to maintain them in laboratory systems, however, and also to grow them but only very slowly.

Since most of the methane cycle takes place concealed below the sea floor, our understanding of the global magnitude of marine methane production and of the controls on its degradation is still insufficient. It is estimated that about 50 % of the marine methane is produced on the continental shelf and its uppermost slope and is not related to the occurrences of gas hydrate deeper in the ocean. These rather shallow regions are sensitive to changes in temperature and other properties of the surface ocean and to its productivity of microalgae.

In coastal sediments with a strong loading of organic material the rate of methane production is so high that free gas bubbles are formed below several meters depth (Figure 4). These bubbles slowly migrate upwards, but mostly they are broken down again at the methane-sulfate barrier and do not make it to the surface. Under conditions of strong winds and currents, however, they may indeed be released to the water column and escape into the atmosphere. By a combination of seismic-acoustic mapping and chemical analyses in pore waters of retrieved sediment cores it is possible to determine the magnitude of the methane flux in sediments. Thus, the depth and geographical distribution of shallow gas can be used to map methane transport in the seabed and

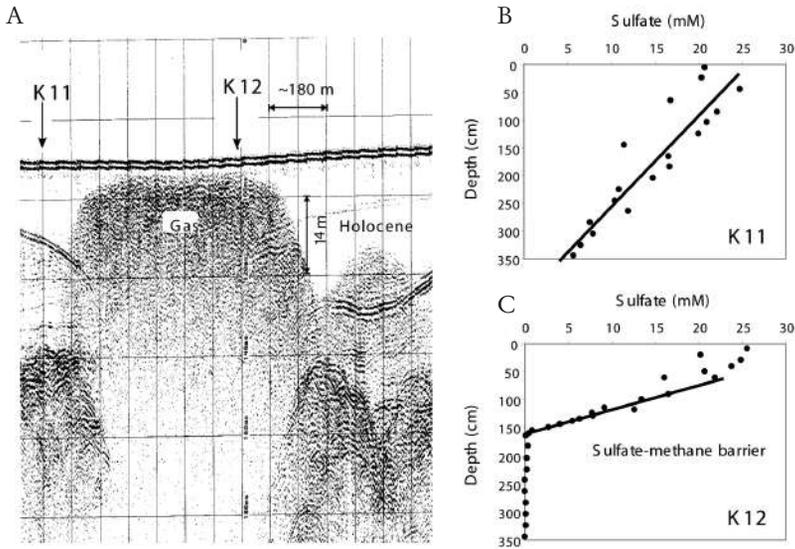


Figure 4: A Vertical section of the seabed recorded by a deep penetrating echo sounder (northern Kattegat, 70 m water depth). The echogram shows a 1.5 km long and 70 m deep section comprising an upper, acoustically transparent layer of Holocene mud deposited during the past 8000 years. In the middle of the section is seen a shaded mound, labeled »gas«, which is indicative of free gas bubbles that ascend slowly towards the surface. B/C Profiles of sulfate measured in sediment cores taken from outside (K11) and inside (K12) the gassy area show how sulfate penetration is much shallower in sediment above the gas. Sulfate is here consumed by the process of methane degradation in a »sulfate-methane barrier« that is situated only 1.6 m below the sediment surface. (Source: METROL project).

thus to identify hot-spots of marine methane fluxes. The next step will be to generate a regional, large-scale mapping of methane fluxes, data that are needed to refine the global methane budget and to understand how it progressively changes during a warm climate period. It is also important in the future to explore in continental margin seas how the strong coastal eutrophication, that started a century ago, may ultimately accelerate sub-seafloor processes, lead to enhanced methane fluxes, and ultimately cause gas release (Best et al. 2006).

Marine methane fuels biological communities

Methane is not only an energy source for humans but also fuels some of the richest and most fascinating biological communities living on the sea floor. Most of these communities have been discovered only within the last years, after a number of small submarines and remotely operated vehicles have been introduced in marine research. The sea floor along the continental margins has revealed an amazing diversity in geology and biology that continues to provide new surprises. Numerous sites have been found where a flow of deep fluid or gas appears at the sea floor and brings methane into contact with the sea water. The methane is consumed by microorganisms and used as an energy and carbon source for their growth. Specialized worms, bivalves and other animals have developed a symbiosis with aerobic methane-oxidizing bacteria which they grow in their body tissue and harvest their produced biomass.

The Black Sea is a unique marine environment in which to study the anaerobic break-down of methane. The Black Sea is 2100 meter deep and the largest oxygen-free basin on Earth. Numerous seepages, from which methane gas bubbles out of the sea floor, have been discovered and mapped along the margins of the Black Sea (Figure 5), and giant mud volcanoes have been found in its deep center. In this anoxic and sulfidic world the biological communities living on methane consist purely of microorganisms, since animals cannot live without oxygen. Yet, through the continuous growth of these microorganisms large structures of carbonate covered by soft bacterial tissue have developed over hundreds and even thousands of years. Today the structures stand scattered on the sea floor as plates and meter-high columns (Figure 5), constructed by billions of living cells, each of which is only a thousandth of a millimeter in size (Michaelis et al. 2002). The organisms responsible for the direct attack on methane have been shown to belong to a group of archaea with no cultivated relatives but with an enzymatic machinery that bears relations to that of methane producing archaea that catalyze the opposite process. This discovery has important implications for the evolutionary origin of the opposite processes of methane formation and methane degradation in the biosphere, processes that presumably existed before the evolution of free oxygen on earth.

In conclusion, seabed ecosystems along the continental margins are much more diverse and complex than has been realized before. Much of

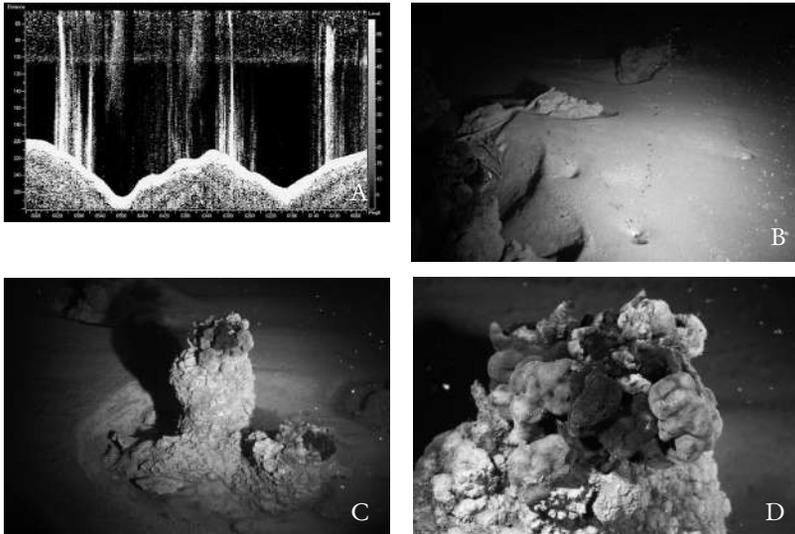


Figure 5: A Echogram recorded by a ship sailing across the outer shelf of the northwestern Black Sea at a water depth of 300 m. The white hills on the bottom show the wavy seafloor topography. White vertical »flares« in the water column show multiple ascending methane gas bubbles. B Underwater photo of the sea floor taken from a submersible (JAGO). Streams of methane gas bubbles are seen rising from three small outlets in the sea floor. C A 60-cm high column consisting of an inner carbonate structure and coated by a 5-cm thick biofilm of methane oxidizing microorganisms. D Close-up photo of the top of the column showing dark-gray spheres inside of which the most intensive methane oxidation takes place. (Source: METROL project). (Farbabbildung 13, S. 42)

the deep sea floor is far from being a desert of mud plains but appears as a complex landscape of geological structures and biological communities. Recent progress in biological sciences and in the development of new technologies to observe and sample the deep sea floor have revealed intricate geosphere-biosphere interactions and are rapidly advancing our understanding of these fascinating ecosystems. Also our picture of the marine methane cycle is continuously being redrawn as new data are retrieved and new concepts developed.

References

- Best A.I., Richardson M.D., Boudreau B.P., Judd A.G., Leifer I., Lyons A.P., Martens C.S., Orange D.L., and Wheeler S.J. (2006) Shallow seabed methane gas could pose coastal hazard. EOS, Transactions, American Geophysical Union 87 (22): 213-217.
- Boetius A., Ravensschlag K., Schubert C.J., Rickert D., Widdel F., Gieseke A., Amann R., Jørgensen B.B., Witte U., and Pfannkuche O. (2000) A marine microbial consortium apparently mediating anaerobic oxidation of methane. *Nature*, 407: 623-626.
- Dickens G. (2003) Rethinking the global carbon cycle with a large, dynamic and microbially mediated gas hydrate capacitor. *Earth and Planetary Science Letters*, 213: 169-183.
- Michaelis W., Seifert R., Nauhaus K., Treude T., Thiel V., Blumenberg M., Knittel K., Gieseke A., Peterknecht K., Pape T., Boetius A., Amann R., Jørgensen B.B., Widdel F., Peckmann J., Pimenov N.V., Gulin M.B. (2002) Microbial reefs in the Black Sea fueled by anaerobic oxidation of methane. *Science*, 297: 1013-1015.
- Mienert J., Weaver P.P.E., Berne S., Dullo W.C., Evans D., Freiwald A., Henriot J-P., Jørgensen B.B., Lericolais G., Lykousis V., Parkes J., Trincardi F. and Westbrook G. (2004) Overview of recent, ongoing, and future investigations on the dynamics and evolution of European margins. *Oceanography* 17 (4), 16-33.
- Milkov, A.V. (2004) Global estimate of hydrate-bound gas in marine sediments: how much is really out there? *Earth Science Reviews*, 66: 183-197.
- Reeburgh, W. (2007) Oceanic Methane Biogeochemistry. *Chemical Reviews Special Volume: Chemical Oceanography* 107: 486-513.

Die Autoren

BERTRAM BRENIG, geb. 1959 in München, studierte Veterinärmedizin in München und Wien, promovierte und habilitierte in München. 1993 wurde er auf den Lehrstuhl für Molekularbiologie der Nutztiere und als Direktor des Tierärztlichen Instituts an die Georg-August-Universität Göttingen berufen und wurde dort Fachtierarzt für Molekulargenetik und Biotechnologie. Er ist Mitglied der Deutschen Akademie der Naturforscher Leopoldina (Halle/Saale) und der Akademie der Wissenschaften zu Göttingen sowie Präsident der *International Society for Animal Genetics* (ISAG). Daneben gehörte und gehört er zahlreichen weiteren Gesellschaften und Kommissionen an, beispielsweise bei der OECD und dem *Prion Institute* von Alberta/Kanada. Bertram Brenig ist Mitherausgeber internationaler fachwissenschaftlicher Zeitschriften.

Große Aufmerksamkeit erlangte Brenig durch die Entdeckung spezifischer Nukleinsäuren im Serum von an BSE erkrankten Tieren. Für die Entwicklung des BSE-Lebendtests (GLT – Göttinger Lebendtest) erhielt Brenig den Wissenschaftspreis 2006 der Heinrich-Stockmeyer-Stiftung.

DIRK BROCKMANN, geb. 1969 in Braunschweig, studierte Physik und Mathematik in Durham/USA und in Göttingen. Seine Dissertation fertigte er am Göttinger Max-Planck-Institut für Dynamik und Selbstorganisation an. Seit 2007 ist er Professor an der *Northwestern University* und am *Northwestern Institute on Complex Systems* in Evanston/USA. Seine Modellierung des menschlichen Reiseverhaltens wurde in der renommierten Zeitschrift *Nature* publiziert und fand internationale Beachtung. Da die menschliche Mobilität und die Ausbreitung moderner Seuchen Hand in Hand gehen, wurde Brockmann zum Ansprechpartner für Flughafenbetreiber und Gesundheitsbehörden. Dirk Brockmanns derzeitige Forschung konzentriert sich auf die Struktur und Dynamik komplexer biologischer und physikalischer Systeme, nichtlineare Phänomene, komplexe Netzwerke und Systembiologie.

STEPHAN DEUERLEIN, geb. 1979 in Gunzenhausen, studierte Chemie an der Universität Würzburg. Nach einem Forschungspraktikum am dortigen Fraunhofer Institut für Silicatforschung schloss sich Stephan Deuerlein dem universitären Arbeitskreis von Prof. Dr. Dietmar Stalke an. Mit diesem wechselte er an die Universität Göttingen. Dort promovierte er 2007 mit dem Prädikat »summa cum laude«. Seit 2008 ist er in der Katalyseforschung der BASF SE tätig.

HANNS HATT, geb. 1947 in Illertissen, studierte Biologie, Chemie und Humanmedizin in München. Er promovierte in Zoologie und in Medizin und habilitierte im Fachgebiet Physiologie an der Medizinischen Fakultät der Technischen Universität München, wo er auch seinen ersten Ruf erhielt. Seit 1992 ist er Inhaber des Lehrstuhls für Zellphysiologie an der Fakultät für Biologie der Ruhr-Universität Bochum. Dort arbeitet er auf dem Gebiet der Neurophysiologie und Geruchsforschung. Er entdeckte Geruchsrezeptoren außerhalb des Riechepithels auf Spermien und in Prostata-Krebszellen.

Hanns Hatt ist Mitglied der *New York Academy of Science* und Vizepräsident der Nordrhein-Westfälischen Akademie der Wissenschaften. Ausgezeichnet wurde er unter anderem mit dem Philipp-Morris-Forschungspreis, dem Erfinderpreis und dem Transferpreis der Ruhr-Universität Bochum. Er vermittelt seine Erkenntnisse durch allgemein verständliche Bücher in die Öffentlichkeit wie »Dem Rätsel des Riechens auf der Spur. Grundlagen der Duftwahrnehmung« (2006) und »Das Maiglöckchen-Phänomen. Alles über das Riechen und wie es unser Leben bestimmt« (2008).

BO BARKER JØRGENSEN, geb. 1947 in Kopenhagen, studierte Biologie und promovierte an der Universität Aarhus. Seine Forschungs- und Lehrtätigkeit an der Universität Aarhus wurde mit der Teilhabe am Nationalen Forschungsrat/USA und einer Forschungsprofessur am Dänischen Naturwissenschaftlichen Forschungsrat honoriert. 1992 wurde er Gründungsdirektor des Max-Planck-Instituts für Marine Mikrobiologie in Bremen, wo er eine große Arbeitsgruppe zur Biogeochemie aufbaute. Seine Forschungsgebiete, die Habitate mariner Mikroorganismen, liegen auf dem ganzen Globus verteilt. So ist Bo Barker Jørgensen wissenschaftlicher Leiter großer Meerese Expeditionen und gehört zu den meistzitierten Wissenschaftlern seines Faches. Seit 1993 ist er Professor am Institut für Geologie der Universität Bremen

und an der Universität Aarhus. Aufsehen erregte die Entdeckung lebender Bakterien in Millionen Jahre alten Tiefsee-Sedimenten. Bo Barker Jørgensen erhielt 2004 den *Hutchinson Award* der *American Society of Limnology and Oceanography*, den *ECI Prize* des *International Ecology Institute* und 2009 den Deutschen Umweltpreis der Deutschen Bundesstiftung Umwelt.

EVA-MARIA NEHER, geb. 1950 in Mülheim an der Ruhr, studierte Mikrobiologie und Biochemie an der Universität Göttingen. Nach ihrer Promotion erhielt sie ein Post-doc-Stipendium am Max-Planck-Institut für Biophysikalische Chemie und wechselte danach an die Medizinische Fakultät der Universität Göttingen. Nach einer mehrjährigen Familienpause erteilte Eva-Maria Neher an der Freien Waldorfschule Göttingen Experimentalunterricht in Biologie und Chemie und entwickelte das wissenschaftlich-didaktische Konzept zur EXPO-Ausstellung »Faszination Pflanzenzüchtung«. Sie ist Gründerin des XLAB, Experimental-labor für junge Leute, dessen Leitung und Geschäftsführung sie seit 2000 innehat. Für ihr Engagement für die naturwissenschaftliche Bildung wurde ihr 2007 der Niedersächsische Staatspreis verliehen.

ANDREAS SCHLEICHER, geb. 1964 in Hamburg, studierte Physik in Hamburg und Mathematik an der *Deakin University*/Australien. Für seine Masterarbeit erhielt er 1993 den Bruce-Choppin-Preis. Zur Bildungsforschung kam Andreas Schleicher, indem er an der Entwicklung der TIMSS-Studie mitarbeitete, die Schülerkenntnisse in Mathematik und den Naturwissenschaften untersuchte. 1994 wechselte er aus den Niederlanden zur OECD nach Paris, wo er damit begann, PISA, das »Program for International Student Assessment«, die bis dahin weltweit größte Schulleistungsstudie, zu konzipieren, welche seit 2000 in dreijährigen Abständen durchgeführt wird. Andreas Schleicher wurde Leiter der Abteilung für Bildungsindikatoren und Analysen bei der OECD.

In seinen Vorträgen auf Bildungskongressen und in den Medien tritt Andreas Schleicher als massiver Kritiker des deutschen Bildungssystems auf, brachte das Thema Bildung in die öffentliche Diskussion und erhielt dafür 2003 den Theodor-Heuss-Preis für »beispielhaftes demokratisches Engagement«. 2006 wurde er Honorarprofessor an der Universität Heidelberg. Die Süddeutsche Zeitung nannte ihn einen »Weltbürger und Weltreisenden in Sachen Bildungsforschung«.

DIETMAR STALKE, geb. 1958 in Melle, studierte Chemie und Philosophie in Braunschweig und Göttingen, wo er 1987 promovierte. Postdoktoranten-Aufenthalte führten ihn an die Universitäten Erlangen und Cambridge/UK. Er habilitierte sich und folgte 1996 einem Ruf der Universität Würzburg. Von dort kehrte er 2005 nach Göttingen zurück. Seitdem lehrt und forscht er am Institut für Anorganische Chemie der Georg-August-Universität. Er arbeitet an der Strukturaufklärung von Lithiumverbindungen und leitet daraus ihre Reaktivität ab. Er ist Mitglied der Gesellschaft Deutscher Chemiker und der *American Chemical Society* und erhielt zahlreiche Auszeichnungen, unter anderem 2005 den Arfvedson-Schlenk-Preis. Seiner Arbeitsgruppe gelang es, mit der Verteilung der Elektronendichte die Bindungsverhältnisse und damit die Reaktivität des Picolyl-Lithiums aufzuklären. Diese metallorganische Verbindung ist ein wichtiger Baustein bei der Synthese bestimmter Medikamente und in der Katalyse.

Der Druck wurde von der XLAB Stiftung
zur Förderung der Naturwissenschaften finanziell unterstützt.

Redaktion: Almut Popp

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet
diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie;
detaillierte bibliografische Daten sind im Internet
über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

© Wallstein Verlag, Göttingen 2010
www.wallstein-verlag.de

Vom Verlag gesetzt aus der Stempel Garamond
Umschlaggestaltung: Basta Werbeagentur, Steffi Riemann
Druck: Hubert und Co, Göttingen
ISBN 978-3-8353-0170-2