FORSCHUNGS REPORT 2/2014
ERNÄHRUNG / LANDWIRTSCHAFT / VERBRAUCHERSCHUTZ

Wie Forscher forschen

Ein Virus wird entdeckt

Methoden zur Untersuchung des Genoms

Eine Datengrundlage für die Zukunft

Die Bodenzustandserhebung Landwirtschaft

Für mehr Tierschutz

Im Gespräch mit Prof. Schönfelder über Alternativen zum Tierversuch

Dr. Georg Backhaus

Liebe Leserinnen, liebe Leser,

haben Sie sich auch schon einmal gefragt, womit Wissenschaftler eigentlich forschen? Welche Methoden sie nutzen, um Daten zu erheben und zu analysieren, um Erbinformationen zu entschlüsseln oder Lebensmittelinhaltsstoffe zu identifizieren? Wie interessant oder mühselig ist der Alltag im Labor, auf dem Feld oder bei der Datenauswertung hinter dem Computerbildschirm?

Inzwischen ist es sogar möglich, den Weg von Viren in lebenden Zellen zu verfolgen. Aber wie? Forscherinnen und Forscher des Friedrich-Loeffler-Instituts benutzen fluoreszierende Proteine, markieren damit Proteine in Viren und verfolgen diese unter hochauflösenden optischen Mikroskopen. Lebende Zellen zu untersuchen und die Bewegung von Viren darin zu beobachten, erfordert optimale Bedingungen für die Zellen während der Mikroskopie. Sie dürfen weder verletzt, noch durch das anregende Licht der Laser abgetötet werden. Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler wollen erfahren: Wie kommt ein Krankheitserreger vom Ort der Infektion zum Zielorgan? Welche Interaktionen finden in und mit der Wirtszelle dabei statt und welche Strategien verfolgen verschiedene Viren auf ihrem Weg durch den Wirtsorganismus? Ziel ist, Grundlagen für die Entwicklung von Medikamenten oder Impfstoffen zu schaffen. Dafür müssen die Forscher die Vorgänge möglichst genau beobachten und verfolgen, um das Geschehen im Zusammenspiel letztlich zu verstehen.

Auch in der Züchtungsforschung bei Pflanzen geht es um die Vermeidung von Krankheiten, indem neue widerstandsfähige und trotzdem schmackhafte Sorten entwickelt werden. Am Julius Kühn-Institut werden beispielsweise Apfelsorten gezüchtet, die gegen den Erreger der gefürchteten Feuerbrandkrankheit resistent sind. Diese Krankheit wird von einem Bakterium ausgelöst und gefährdet den Apfel- und Birnenanbau. Eine wichtige Frage für die Züchter ist: Welche Resistenzquellen gibt es beim Apfel und wie kann man sie rasch in nutzbaren Sorten umsetzen? Gerade bei Gehölzen ist die Sortenzüchtung eine langwierige Angelegenheit. Erst „erwachsene“ Bäume bilden Blüten und Früchte und erst dann können Kreuzungsnachkommen bewertet und selektiert werden. Cisgene Verfahren stellen grundsätzlich schnellere Alternativen zu traditioneller Züchtung dar. Die Cis-Gen-Technologie im Einsatz gegen den Feuerbranderreger würde es möglich machen, das Resistenzgen mit seinen regulatorischen Funktionen aus einer Wildapfellinie zu übertragen und dabei die Werteigenschaften der Kultursorte zu erhalten. Ist eine neue, resistente Sorte erfolgreich etabliert, kann die Anwendung von Pflanzenschutzmitteln reduziert oder, wie im Falle einer bakteriellen Krankheit, auf den Einsatz antibiotisch wirkender Substanzen verzichtet werden. Deshalb ist es wichtig, über die Umsetzung moderner Züchtungsstrategien nachzudenken.

Nicht nur einzelne spezifische Methoden für die Lösung spezieller Probleme werden in der Agrar- und Ernährungsforschung eingesetzt. Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler in der Agrarlandschafts- und Klimaforschung, der Ernährungs- und Lebensmittelforschung oder der Agrarökonomie verbinden verschiedene Methoden und kombinieren sie je nach Fragestellung miteinander. Methoden der Datenanalyse und -bewertung werden genutzt und komplexe Modelle entwickelt, zum Beispiel für die „Bodenzustandserhebung Landwirtschaft“, die am Thünen-Institut für Agrarklimaschutz mit einem enormen logistischen Aufwand erarbeitet wird. Langjährige systematische Datenerfassungen bilden hier neben einer einmaligen deutschlandweiten Beprobung der Böden die Grundlage. Knapp 50 engagierte Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter widmen sich Fragen zur Bodenfruchtbarkeit, zum Bodenschutz und nicht zuletzt zu Humusvorräten.

Wir laden Sie ein, einen Blick hinter die Kulissen zu werfen und unseren Forscherinnen und Forschern bei der Arbeit „über die Schulter“ zu schauen.

Viel Freude beim Lesen!

Dr. Georg Backhaus
Präsident des Senats der Bundesforschungsinstitute

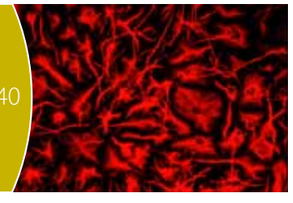
Inhalt

Seite 4

Eine Datengrundlage für die Zukunft
„Sind Sie einverstanden, wenn wir ein Kubikmeter großes Loch in Ihrem Acker für die Klimaforschung graben?“, so oder so ähnlich fragen Forscherinnen und Forscher des Thünen-Instituts Landwirte, um für ein enorm aufwendiges Projekt Daten zu sammeln. Die Vorräte an organischem Kohlenstoff in den Agrarböden Deutschlands werden während dieser einmaligen Inventur erfasst. Aber warum macht man das?

Seite 20

Ein Virus wird entdeckt
Wie werden unbekannte Viren entdeckt und identifiziert? Mit Hilfe moderner molekularbiologischer Methoden zur Untersuchung des Genoms gelang es einer Wissenschaftlergruppe des Friedrich-Loeffler-Instituts, einem Krankheitserreger auf die Spur zu kommen. Er verursachte bei Kühen eine deutlich geringere Milchleistung, Fieber und weitere Krankheitssymptome. Die Suche nach dem Schmallenberg-Virus begann.



Seite 40

Alternativen zum Tierversuch
Der ForschungsReport im Gespräch mit Prof. Dr. Gilbert Schönfelder über seine Arbeit am Bundesinstitut für Risikobewertung. Er leitet dort die Zentralstelle zur Erfassung von alternativen Methoden zu Tierversuchen. Wie gehen die Wissenschaftler vor? Worauf kommt es an?

Berichte aus der Forschung 4

Eine Datengrundlage für die Zukunft 4
Die Bodenzustandserhebung Landwirtschaft

Vorhersagen treffen mit Ökosystemanalysen 8
Wie funktioniert das?

Präzisionszüchtung gegen Feuerbrand 12
Entwicklung neuer Strategien für die Züchtung resistenter Apfelsorten

Was passiert bei der Aufnahme von Nanopartikeln im Körper? 16
Ein künstliches Verdauungssystem gibt Aufschluss

Ein Virus wird entdeckt 20
Forschung und Diagnostik mit dem Next Generation Sequencing

Hilfe für Züchter 24
Erkennung widerstandsfähiger Salatpflanzen durch eine neue Bildanalyse-basierte Schnellmethode

Metabolomics: Ungerichtete Analysen bei Lebensmitteln 28
Ein neuer Ansatz in der Qualitäts- und Sicherheitsforschung

Energieholzproduktion im Agroforstsystem 32
Wann lohnt sich ein solches System?

Forschung mittendrin 36

Den Viren auf der Spur 36
Hochauflösende Mikroskopie in der Zelle

Interview 40

Für mehr Tierschutz 40
Alternativen zu Tierversuchen

Portrait 44

Trotz Inventur geöffnet 44
Die Bundeswaldinventur – ein Schaufenster in den Wald

Martin Petrick – Der Agrarökonom 46
Methoden für die Vielseitigkeitsforschung

Auf den Punkt gebracht 48

Eine Datengrundlage für die Zukunft

Die Bodenzustandserhebung Landwirtschaft

„Sind Sie damit einverstanden, wenn wir ein Kubikmeter großes Loch in Ihrem Acker für die Klimaforschung graben?“ Knapp 2000 Landwirte in Deutschland haben diese Frage bereits bejaht. Viele sind von dem Anruf des Thünen-Instituts nicht überrascht, sondern haben von dem bundesweiten Projekt „Bodenzustandserhebung Landwirtschaft“ aus den regionalen Medien und der Fachpresse erfahren. Landwirte können teilweise aus eigener Erfahrung vom schleichenden Klimawandel berichten und sind neugierig auf unsere Einschätzung zum Humusvorrat in ihren Böden. Die „Bodenzustandserhebung Landwirtschaft“ ist eine einmalige Inventur der Vorräte an organischem Kohlenstoff in den Agrarböden Deutschlands. Organischer Kohlenstoff ist quasi gleich bedeutend mit Humus, denn Humus besteht zu über der Hälfte aus organischem Kohlenstoff. Humus ist eine wichtige Größe für die Qualität und Fruchtbarkeit von Böden, er macht die Oberböden locker, sorgt für eine gute Durchlüftung, lässt Regenwasser rasch eindringen und verhindert Erosion.

Deutschland ist im Rahmen internationaler Klimaschutzabkommen verpflichtet, über die Kohlenstoffvorräte in den Böden und deren Änderung zu berichten. Daten zu Agrarböden sind jedoch alt, uneinheitlich oder unvollständig und nicht geeignet, um die Einflüsse der Landnutzung, der Bewirtschaftung und des Klimawandels auf die Bodenkohlenstoffvorräte voneinander zu trennen. Nur mit einer genauen systematischen Erhebung können wir die Leistung der Landwirtschaft bei der Anpassung an den Klimawandel und beim Klimaschutz dokumentieren und Gefahren für die Bodenfruchtbarkeit erkennen. Daher wurde das Thünen-Institut für

Agrarklimaschutz vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft mit der Bodenzustandserhebung Landwirtschaft beauftragt. Die Vorarbeiten zum Projekt laufen seit 2008, die Endergebnisse sollen Ende 2018 in die Emissionsberichterstattung münden.

Systematisches Erfassen von Daten

Waldböden wurden bereits in zwei systematischen Bodenzustandserhebungen untersucht. Für die Agrarböden haben wir die im Wald angewandte Methode, leicht angepasst, übernommen. Die Bodenzustandserhebung erfolgt auf Acker, Grünland, Sonderkulturen und Gartenbau. Auf einem systematischen Raster von acht mal acht Kilometern werden über ganz Deutschland verteilt ungefähr 3.100 Punkte erfasst (Abb. 1). Im Gelände legen wir ein ein Meter tiefes Loch mit einer Bodenprofilwand an, die uns eine detaillierte Bodenbeschreibung ermöglicht (Abb. 3). Die Bodenproben aus der Profilwand werden ergänzt durch Bohrkernproben (Abb. 4) im Umkreis von zehn Metern, die die kleinräumige Variabilität des Bodens erfassen. Im projekteigenen Labor werden die Proben getrocknet, gesiebt und analysiert. Die Analysen umfassen die Konzentration von Kohlenstoff und Stickstoff, die Lagerungsdichte, den Steingehalt und erklärende Parameter für Kohlenstoffvorräte, insbesondere den pH-Wert und die Bodenart. Die Proben werden in einer umfangreichen Bodenprobenbank für weitere Analysen langfristig gelagert.

Aussagen der Landwirte ergänzen die Daten

Weltweit einmalig beschränken wir uns nicht nur auf die wichtige Bodenbeprobung, sondern kombinieren sie mit einem Fragebogen an die Landwirte zur Bewirtschaftung.

Zu jedem Beprobungspunkt geben die Landwirte Auskunft zur Bewirtschaftung des beprobten Teilschlags in den letzten Jahren und zu groben Betriebsstrukturdaten. Erst die Kombination der Gelände-, Labor- und Landwirtsdaten schafft die Wissensbasis, um Punktraster auf die nationale Ebene hochzurechnen und Trends der Kohlenstoffvorräte zu schätzen.

Mit einer einmaligen Erhebung können wir den Status Quo der Agrarböden sehr gut beschreiben. Unsere Auswertung der Daten zielt unter anderem auf die Regionalisierung der Bodenkohlenstoffvorräte: Wie viel organischer Kohlenstoff ist aktuell in den deutschen Agrarböden gespeichert? Wo sind besonders hohe oder niedrige Kohlenstoffvorräte? Welcher An-

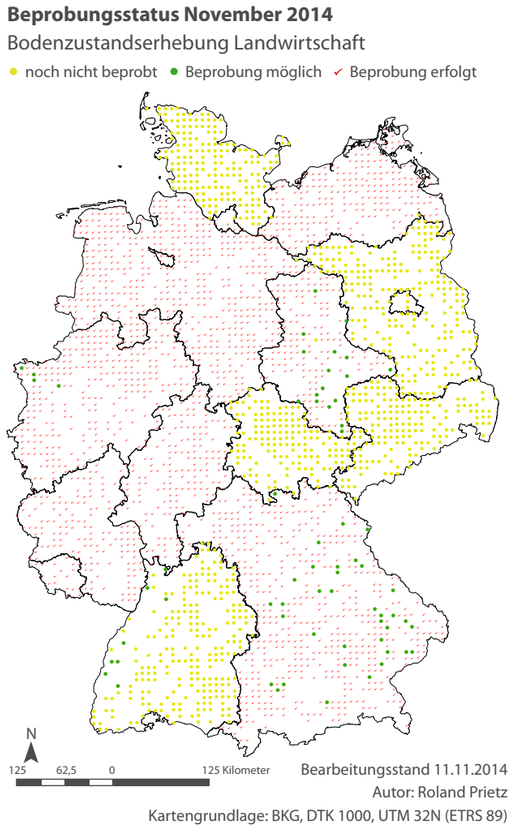


Abbildung 1: Beprobungsstatus in einem systematischen Raster über ganz Deutschland

Abbildung 2: Vor Ort Begehung im Untersuchungsgebiet

Abbildung 3: Entnahme von Bodenproben aus der Bodenprofilwand

Abbildung 4: Bohrkernproben erfassen Variabilität des Bodens

teil der regionalen Unterschiede lässt sich allein durch Standortfaktoren wie Ausgangsgestein, Bodentyp und Klima erklären? Welchen Anteil hat die Nutzung, z. B. als Acker oder Grünland? Wir erwarten, dass Grünlandböden ca. 30 Prozent mehr organischen Kohlenstoff in den oberen 30 Zentimetern Boden speichern als Äcker.

Nutzung von Daten aus Langzeitbeobachtungen für Trends

Ebenso möchten wir Trends der Bodenkohlenstoffvorräte schätzen. Sind die Agrarböden im Humus-Gleichgewicht mit der aktuellen Nutzung? Wie wirken sich die Trends der letzten Jahrzehnte möglicherweise auf Bodenkohlenstoffvorräte aus? Die Konzentration der Tierhaltung in wenigen Regionen führt auch zu einer regionalen Konzentration der Düngung mit Mist und Gülle, die wichtig für die Humusneubildung sind. Gelingt es, trotz Rückgang von Kleegras und Futterleguminosen, trotz Zunahme des Anbaus von Biogassubstraten, z. B. durch Zwischenfrüchte den Ackerböden ausreichend Kohlenstoff zur Humusneubildung zuzuführen? Mikroorganismen im Boden werden bei höheren Temperaturen aktiver. Werden wärmere Winter durch Klimawandel zu einem verstärkten Humusabbau führen?

Um Humustrends abzuschätzen, sind wir bei der Bodenzustandserhebung Landwirtschaft auf Analogien mit Trends von wichtigen Steuergrößen des Kohlenstoffs angewiesen, wie etwa Fruchtfolgen, Düngung, Bodenbearbeitung oder Klima. Ob all unsere Modellrechnungen stimmen, können erst Nachbeprobungen der nächsten Wissenschaftlergeneration zeigen. Denn Böden sind geduldig und reagieren auf schleichenden Stress und Änderungen in der Bewirtschaftung nachweisbar oft erst innerhalb von Jahrzehnten.

Fragen zu Trends und Gefahren lassen sich nicht allein mit den Daten der Bodenzustandserhebung Landwirtschaft beantworten, sondern erfordern eine prozessbasierte Modellierung. Modellaussagen sind aber nur glaubwürdig, wenn das Modell an ausreichend robusten und repräsentativen Daten trainiert wurde. Daher nutzen wir Daten aus Zeitreihen von Bodendauerbeobachtungsflächen, die seit den 90 er Jahren in verschiedenen Regionen Deutschlands Trends in Bodenkohlenstoffvorräten erfassen. Die Bodendauerbeobachtungen zeigen keinen einheitlichen Trend, sind aber noch nicht umfassend modellgestützt ausgewertet. Klar ist lediglich aufgrund von anderen aktuellen Untersuchungen, dass sehr kohlenstoffreiche drainierten Böden wie zum Beispiel Moorböden erhebliche Mengen an organischem Kohlenstoff verlieren. Für andere Agrarböden lassen sich derzeit keine Erwartungen formulieren, ob sie eher organischen Kohlenstoff aufnehmen oder verlieren.

Abbildung 5: Bodenprofile, links: Gley-Vega, rechts: Tiefumbruchboden

Eine enorme Datengrundlage wird geschaffen

Die Bodenzustandserhebung Landwirtschaft ist das mit Abstand größte Projekt am Thünen-Institut für Agrarklimaschutz. Denn das Projekt bedeutet einen enormen logistischen Aufwand: die Eigentümer und Bewirtschafter der Flächen ermitteln, Fragebögen versenden und einsammeln oder gemeinsam mit den Landwirten telefonisch ausfüllen, günstige Beprobungszeiten vereinbaren, die Arbeitssicherheit vor Ort durch Abfragen von Leitungstrassen für Strom, Wasser etc. gewährleisten, Beprobungsunterlagen zusammenstellen, Hotels buchen, beproben, analysieren, qualitätssichern, archivieren, auswerten… Derzeit arbeiten knapp 50 engagierte Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter im Projekt. Denn die Bodenzustandserhebung Landwirtschaft legt eine nationale Grundlage, die auch in Zukunft Fragen zur Bodenfruchtbarkeit und zum Bodenschutz beantworten hilft. Vor allem natürlich: sind die Humusvorräte stabil?

Umfangreiche Qualitätskontrollen in allen Teilschritten des Projekts schaffen einen vollständig harmonisierten und plausibilisierten bundesweiten Datensatz, der sich für zukünftige Aufgaben transparent bis zur Einzelanalyse zurückverfolgen lässt. Wir prüfen Korrektheit, Vollständigkeit, Plausibilität und Konsistenz der ermittelten Daten in aufwändigen selbst erstellten Prüfprotokollen. Die gute Zusammenarbeit mit den Landwirten sichert uns die hohe Qualität der erhobenen Daten, die wir für robuste Trendschätzungen brauchen. Die Teilnahme am Projekt ist freiwillig.

Der Arbeitsfortschritt der Bodenzustandserhebung Landwirtschaft und erste Ergebnisse lassen sich live unter www.bze-landwirtschaft.de verfolgen.

Dr. Annette Freibauer,
Dr. Arne Heidkamp, Roland Prietz
Thünen-Institut für Agrarklimaschutz, Braunschweig

E-Mail: annette.freibauer@ti.bund.de

Vorhersagen treffen mit Ökosystemanalysen

Wie funktioniert das?

Ein Ökosystem ist ein komplexes Gebilde, mit einer Vielzahl von Komponenten und Prozessen, die miteinander oder gegeneinander wirken. Um sein Verhalten unter bestimmten Randbedingungen vorhersagen zu können, muss man es zunächst verstehen. Zusammenhänge, die in der Natur zu beobachten sind, können mit Hilfe der Mathematik beschrieben werden. Für ein dynamisches Ökosystem, in dem sich mit der Zeit die Zustände einzelner Systemkomponenten wie die Anzahl der Tiere in einer Population, die Menge gespeicherten Wassers im Boden oder die Biomasse auf einem Acker in Abhängigkeit des Zustandes anderer Komponenten ändern, werden sogenannte Prozessmodelle verwendet. Mit Hilfe bekannter Gesetze der Physik wird versucht, ein Ökosystem – sozusagen – virtuell nachzubauen.

Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler am Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung (ZALF) widmen sich in ihren Simulationsmodellen insbesondere den vom Menschen geprägten Agrarökosystemen. Hier sind es die gekoppelten biophysikalischen und biochemischen Prozesse in Pflanze, Boden und Atmosphäre und deren Beeinflussung durch Klima, Standortbedingungen und Bewirtschaftung, die mit Hilfe von computergestützten Simulationsmodellen beleuchtet werden.

Ursachenforschung von Veränderungen mit Prozessmodellen

Übermäßiger Gebrauch von Stickstoffdünger in der Landwirtschaft und der damit verbundene unerwünschte Nährstoffeintrag in angrenzende Gewässer trieb die Entwicklung der ersten Boden-Pflanze-Atmosphäre-Modelle in Deutschland in den späten 1980 er Jahren an. Simulationsmodelle sind in der Lage, Prozesse zu vereinfachen und in Raum und Zeit zusammenzufassen. Auf diese Weise können virtuelle Landschaftsexperimente über große Flächen und Zeiträume am Rechner durchgeführt werden. Dabei werden häufig besonders einfach verständliche Indikatoren wie Grundwasserneubildung, pflanzliche Produktivität, Habitatgüte oder Arbeitsplatzpotenzial verwendet, um Veränderungen in der Landschaft hervorzuheben.

Das Modell MONICA simuliert das Wachstum von Ackerkulturen und die Dynamik von Wasser und Stickstoff im Boden. Dabei berechnet es die tägliche Änderung einer Vielzahl von Prozessen, wie der Photosynthese, der Wasseraufnahme der Pflanzenwurzel oder der Nitratverlagerung im Boden. Ein besonderer Vorteil dieser Art von Modellen ist, dass sie voneinander abhängige Prozesse im Zusammenspiel abbilden. Diese Rückkopplungen im System führen oft dazu, dass eine Veränderung der Umweltbedingungen wie z. B. ein Anstieg der Temperatur im Ökosystem unerwartete Gegenreaktionen hervorruft. Das ist darauf zurückzuführen, dass einige Prozesse im Ökosystem durch eine Temperaturerhöhung verstärkt werden, während andere gedämpft werden. Der Effekt auf die betrachtete Zielgröße in einem rückgekoppelten System kann daher ohne Modell nicht zuverlässig vorhergesagt werden.

Die Berechnung der meisten Prozesse ist nur ein notwendiger Schritt zur eigentlichen Zielgröße wie dem Weizenertrag oder dem Wasserbedarf eines Maisbestandes. Aber genau in diesem Punkt steckt weiteres Potenzial: Ökosystemforscher können das Wechselspiel der verschiedensten Prozesse für jeden Zeitschritt des Computermodells analysieren und im Detail aufklären, wie eine beobachtete Veränderung eines Pflanzenbestands zustande gekommen sein kann. Insbesondere langfristige Veränderungen wie die des Humusgehalts im Boden oder der über Jahre ausbleibende Anstieg des Weizenertrags trotz verbesserter Züchtung, können mit Hilfe von Prozessmodellen auf ihre möglichen Ursachen untersucht werden.

Fuzzy logic – Unscharfes für Unfassbares

Die Wissenschaft ist auf Genauigkeit, Wiederholbarkeit und Allgemeinheit ausgerichtet und lässt scheinbar keinen Raum für unscharfes (fuzzy) Wissen. Anders als in der Technik, wo unscharfes Wissen in Form von Fuzzy-Modellen breiten Einsatz findet, ist es in der Ökosystemforschung immer noch relativ neu. Bei der Analyse von Landschaften mit ihren Wechselwirkungen zwischen Ökonomie, Ökologie und Sozialem muss zwangsläufig mit unscharfem Wissen umgegangen werden.

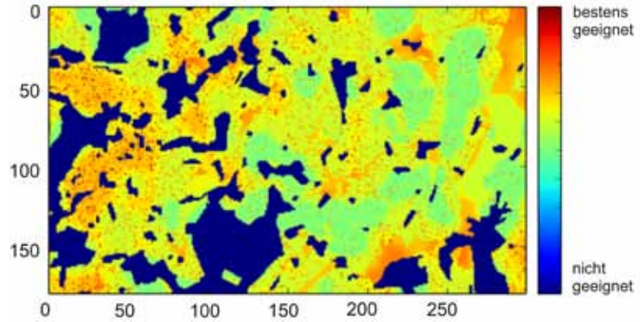


Abbildung 1: Eignung von Flächen in einer Region als Jagdgebiet für den Schreiadler als Ergebnis einer Simulation mit einem Fuzzy-Modell

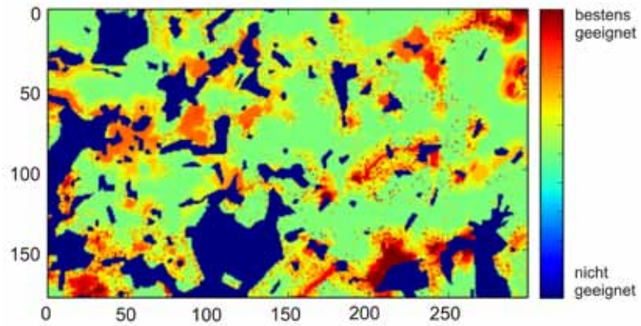


Abbildung 2: Eignung von Flächen als Habitat für den Schreiadler unter Berücksichtigung der Jagdmöglichkeit, der Nistmöglichkeit und der Einflussbereiche von Windkraftanlagen in einer Simulation mit einem Fuzzy-Modell

Im ZALF wurden zum ersten Mal Fuzzy-Modelle bei der Analyse von Landschaften bezüglich ihrer Eignung als Lebensraum ausgewählter Tierarten eingesetzt. Heute werden diese Modelle unter anderem eingesetzt, um den Prozess der Umweltverträglichkeitsprüfung zu vereinheitlichen, z. B. im Zusammenhang mit der Beeinträchtigung des Schreiadlers durch Windkraftanlagen.

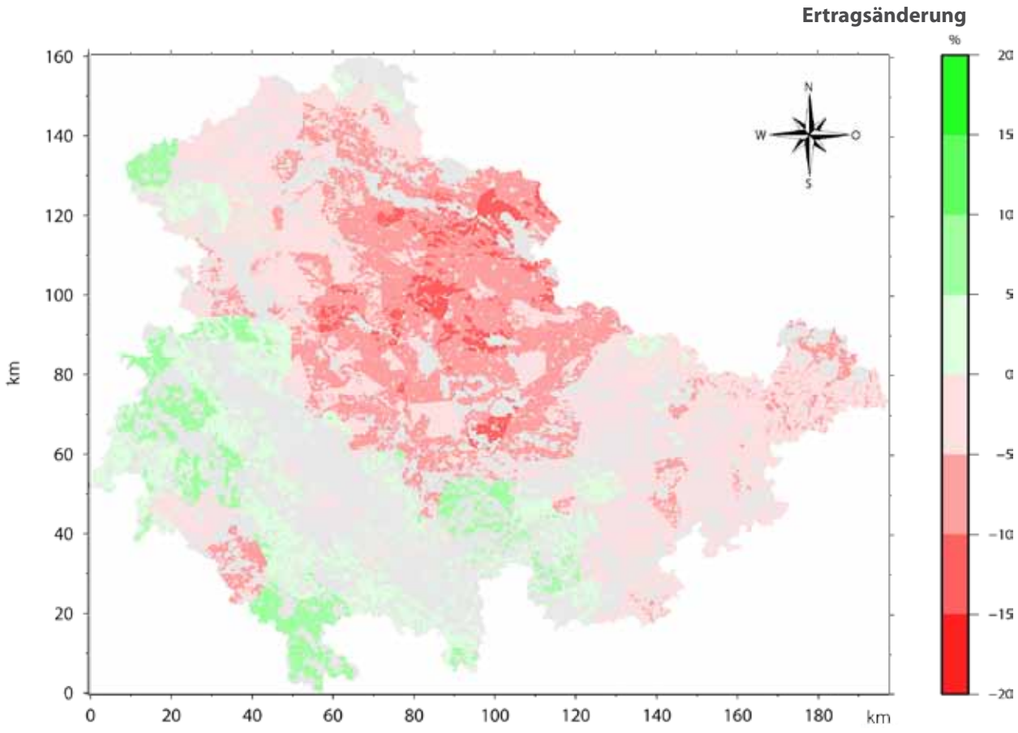


Abbildung 3: Mit YIELDSTAT simulierte relative Ertragsänderungen für Winterraps für 2021–2050 im Vergleich zu 1981–2010 für den Freistaat Thüringen (Klimaregionalisierung: WETTREG 2010; Emissionsszenario A1B; graue Flächen – kein Ackerland)

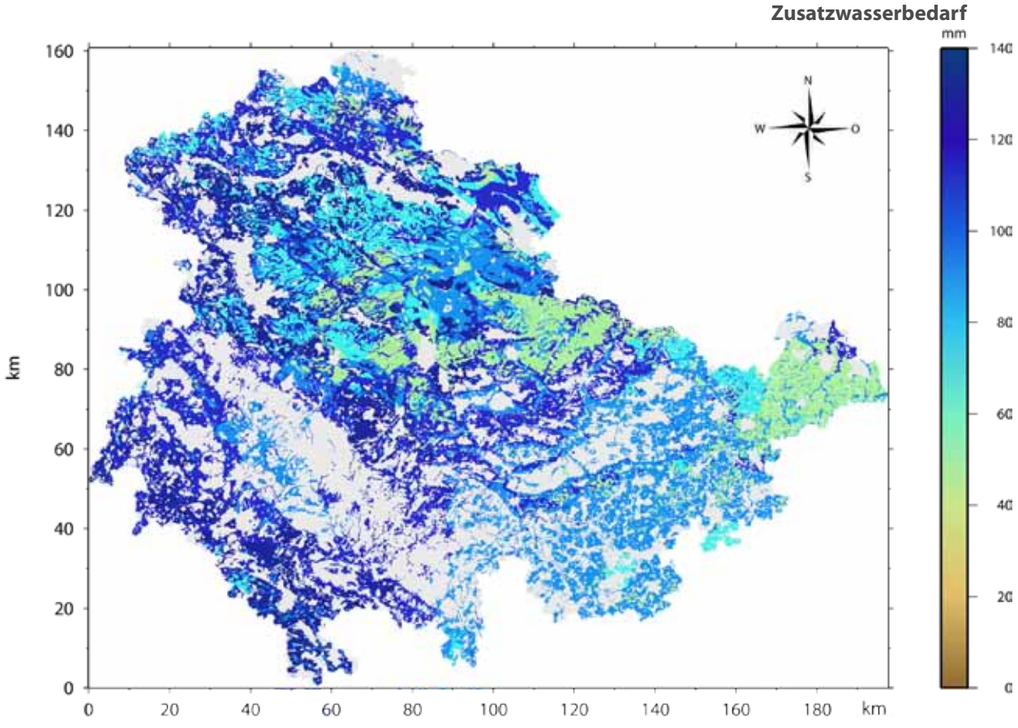


Abbildung 4: Mit dem Modell ZUWABE berechneter Zusatzwasserbedarf für Winterweizen im Zeitraum 2021–2050 im Freistaat Thüringen (Klimaregionalisierung: WETTREG 2010; Emissionsszenario A1B; graue Flächen – kein Ackerland)

Fruchtart	ohne Beregnung	mit Beregnung	
	Ertrag (dt ha^{-1})	Zusatzwasser (mm)	Ertrag (dt ha^{-1})
Silomais	343	121	486
Winterraps	36	24	39
Winterweizen	66	80	78
Zuckerrüben	588	113	696

Tabelle 1: Einfluss der Zusatzbewässerung im Land Brandenburg auf die Erträge für das im Jahr 2025 zu erwartende Klima (Modelle: YIELDSTAT und ZUWABE)

Abbildung 1 zeigt die unscharfe Einschätzung des Nahrungsangebots für den Schreiadler in einer Region. Im Zusammenhang mit der Distanz zu geplanten Windkraftanalagen ergibt sich eine Habitateignungssimulation für diesen Raubvogel (Abb. 2).

Die Anwendung unscharfen Wissens in dynamischen Prozessmodellen verbindet die Vorteile beider Ansätze. So können Teile der Prozessmodelle, die mit viel Unsicherheit behaftet sind, durch Fuzzy-Modelle ersetzt werden. Die bewusste Einbeziehung unscharfen Wissens, gewonnen aus jahrelanger Erfahrung, führt oft zu einer Erhöhung der Modellgüte, weil die Anfälligkeit des Modells für eine Bedienung mit konkreten, aber vielleicht nicht repräsentativen oder fehlerhaft erhobenen Daten sinkt. Unscharfes Wissen verbunden mit einer dynamischen Simulation ergibt völlig neue Einsichten in die Entwicklung komplexer Systeme.

REMICs für den regionalen Zusammenhang

Ökosysteme haben unterschiedliche Größen und können mitunter ganze Agrarlandschaften umfassen. Landschaften oder Regionen sind für uns als System jedoch kaum überschaubar. Die Abhängigkeiten und Wechselwirkungen ihrer Komponenten sind einfach zu komplex. Im Vergleich zu Labor- oder Feldexperimenten, für die sehr viel Einzelwissen und Daten vorliegen, ist auf der Landschaftsebene das Wissen für die einzelnen Landschaftsindikatoren häufig nicht ausreichend und die verfügbare Datenlage ist sehr begrenzt. Aus diesem Grund werden Regionalmodelle (REMICs) entwickelt, die dieser begrenzten Datenlage Rechnung tragen. Dabei ist es unerheblich, ob statistische, unscharfe, empirische oder expertenbasierte Modelle oder Kombinationen von diesen zur Anwendung kommen. Eines dieser am ZALF entwickelten Regional-modelle ist das Modell YIELDSTAT, mit dem die Ertragsleistung landwirtschaftlicher Fruchtarten berechnet wird. Abbildung 3 zeigt das Ergebnis einer YIELDSTAT-Simulation für Winterraps in Thüringen als Differenz derzeitig erzielter und unter den erwarteten Bedingungen des Klimawandels zukünftig erzielbarer Erträge. Kombiniert man die Simulationen mehrerer Modelle, können geeignete Maßnahmen für die Landwirtschaft als Adaption an den Klimawandel abgeleitet werden. Tabelle 1 demonstriert dies anhand von Simulationen des Ertrags (YIELDSTAT) und des Zusatzwasserbedarfs durch Bewässerung mit dem Regionalmodell ZUWABE (Abb. 4) für einige typische Ackerkulturen in Brandenburg.

Kein Modell ohne Daten

Ist ein Simulationsmodell für Agrarökosysteme erst einmal fertig entwickelt, sollte es eigentlich ohne Einschränkungen einsetzbar sein. Dem ist leider nicht so, denn Ökosysteme und ihre Randbedingungen unterliegen einem stetigen Wandel und auch die Ökosystemforschung wartet ab und an mit neuen Erkenntnissen auf. Um diese Erkenntnisse in Modelle zu integrieren und diese dann anschließend auf ihre Prognosegüte zu testen, sind spezielle Daten erforderlich, die nur in eigens konzipierten Feld- und Laborexperimenten erbracht werden können. Aus diesem Grund ist es notwendig, dass Modellentwickler und Experimentatoren eng zusammenarbeiten. Am ZALF arbeiten Wissenschaftler und Wissenschaftlerinnen aus den verschiedensten Sparten daran, neue Modelle zu aktuellen Fragestellungen zu entwickeln und deren Treffsicherheit stetig zu erhöhen.

zalf Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung (ZALF) e.V.

Dr. Claas Nendel, Dr. Ralf Wieland, Dr. Wilfried Mirschel
Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung,
Institut für Landschaftssystemanalyse, Müncheberg

E-Mail: nendel@zalf.de

Präzisionszüchtung gegen Feuerbrand

Entwicklung neuer Strategien für die Züchtung resistenter Apfelsorten

Der Feuerbrand ist eine Quarantänekrankheit, die im Apfel- und Birnenanbau zu großen Problemen führt. Er wird von einem Bakterium, *Erwinia amylovora*, hervorgerufen. Die meisten Apfelsorten sind hochanfällig, wobei effektive Bekämpfungsmöglichkeiten fehlen oder nicht regulär verfügbar sind. Die Züchtung dauerhaft feuerbrandresistenter Apfelsorten mit einer guten Fruchtqualität ist deshalb eine Grundvoraussetzung für die Zukunft eines nachhaltigen und leistungsfähigen Obstbaus. Für die erfolgreiche Umsetzung dieses Vorhabens ist es notwendig, verschiedene Resistenzquellen in Äpfeln zu identifizieren, deren Vererbung zu studieren, Wirkmechanismen aufzuklären und Methoden zu schaffen, die eine zeitnahe Überführung in hochwertiges Zuchtmaterial ermöglichen.

Resistenzquellen und deren Wirkmechanismen im Apfel

Bakterien wie *Erwinia amylovora* injizieren mithilfe einer nadelartigen Struktur in ihrer Zellhülle Proteine, auch Effektoren genannt, in die Zellen der Wirtspflanzen. Ziel ist es, die Stoffwechselwege der pflanzlichen Pathogenabwehr zu blockieren. Resistente Wirtspflanzen haben

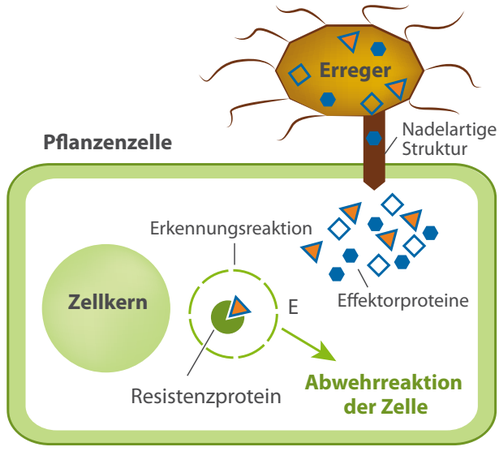


Abbildung 1: Schematischer Ablauf der Induktion einer gezielten Resistenzreaktion in der Pflanzenzelle als Folge der Erkennung eines Effektors des Erregers

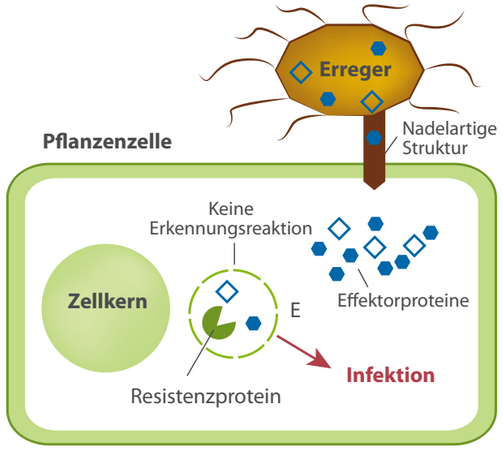


Abbildung 2: Schematischer Ablauf einer erfolgreichen Infektion der Pflanzenzelle, in der es kein Resistenzprotein gibt, welches einen der Effektoren des Erregers erkennen würde

sich diese Strategie ihrer Gegner im Laufe der Evolution zu Nutze gemacht. Sie besitzen Resistenzgene, erkennen solche Effektoren und schalten in der Folge sehr spezifische Abwehrkaskaden in der befallenen Pflanzenzelle an (Abb. 1). Ohne Erkennungsreaktion kann der Erreger den Wirt erfolgreich infizieren (Abb. 2). Durch ein unterschiedliches Repertoire an Effektoren in verschiedenen Stämmen, können am gleichen Genotyp eines Wirtes Anfälligkeit oder Resistenz auftreten. Daher wurden am Julius Kühn-Institut (JKI) zahlreiche Apfelsorten und Apfelwildarten mit verschiedenen Stämmen des Feuerbranderregers infiziert (Abb. 3). Nahezu alle Apfelsorten zeigten sich anfällig gegenüber den getesteten Stämmen. Wirksame Resistenzen wurden in einzelnen Genotypen unterschiedlicher Apfelwildarten der Gattung *Malus* gefunden. Interessant ist, dass der Wildapfel *Malus* × *robusta* 5 anfällig gegenüber einem kanadischen Stamm (Ea3049) des Erregers ist, während andere Stämme diesen Genotyp nicht infizieren können.

Offensichtlich wird der Stamm Ea3049 von *Malus* × *robusta* 5 nicht erkannt. Starke Symptome zeigte *Malus* × *robusta* 5 auch nach Infizierung mit einem Laborstamm der Michigan State Universität. Bei diesem Stamm wurde gezielt ein Effektorgen zerstört. Aufgrund der Zerstörung dieses Gens kann *Malus* × *robusta* 5 den Erreger nicht mehr erkennen und keine Abwehrreaktion auslösen.

Untersuchungen zur DNA-Sequenz des Effektorgens des Feuerbranderregers zeigen, dass sich amerikanische und kanadische Stämme durch den Austausch einer Base von den europäischen Stämmen unterscheiden. Alle Stämme, deren Effektorgen sich in dieser einen Base von den europäischen Stämmen unterscheidet, können *Malus* × *robusta* 5 erfolgreich infizieren. Dies bedeutet, dass es einen genspezifischen Mechanismus gibt, der die europäischen Stämme erkennt und die Feuerbrandresistenz von *Malus* × *robusta* 5 auf einer Gen-für-Gen-Beziehung beruht.

Abbildung 3: Feuerbrandsymptome an Apfel / a: Blütenbüschel nach künstlicher Inokulation des Feuerbranderregers im Gewächshaus / b: Vegetative Triebe nach künstlicher Inokulation des Feuerbranderregers im Gewächshaus / c: Natürlicher Befall eines Baumes mit dem Feuerbranderreger im Freiland

Infektionsversuche mit dem Laborstamm zeigten, dass andere Apfelgenotypen nicht infiziert werden und folglich über eine Resistenz verfügen, die sich in ihrem Wirkprinzip von *Malus* × *robusta* 5 unterscheidet. Das Wissen über verschiedene Wirkprinzipien und Resistenzquellen können für den Aufbau einer dauerhaften Resistenz gegenüber Feuerbrand in neuen Apfelsorten genutzt werden.

Molekulare Marker finden

Um verschiedene Resistenzmechanismen in einer neuen Sorte zu kombinieren, benötigt der Züchter Methoden, um verschiedene Resistenzgene in einer Pflanze aufzuspüren. Eine solche Selektion geht am effizientesten mit molekularen Markern, die eng an eine der Resistenzen gekoppelt sind. Durch Kreuzung der feuerbrandanfälligen Sorte ‚Idared' und den beiden resistenten Wildäpfeln *Malus* × *robusta* 5 sowie *Malus fusca* (MAL0045) werden solche Marker entwickelt. An diesen beiden Populationen untersuchten die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler des JKI die Vererbung der jeweiligen Resistenz und nutzten die Populationen für den Aufbau genetischer Karten. Mithilfe der genetischen Karten konnte für beide Wildapfelarten eine Region auf jeweils einem anderen Chromosom gefunden werden, die bis zu 80 Prozent der Resistenz erklären und von Markern eingegrenzt werden. Pflanzen, die diese Marker besitzen, weisen auch die Region für Feuerbrandresistenz auf. Die jeweiligen Marker stellen ein geeignetes Werkzeug zur Selektion von Nachkommen dar, die über diese Resistenz verfügen.

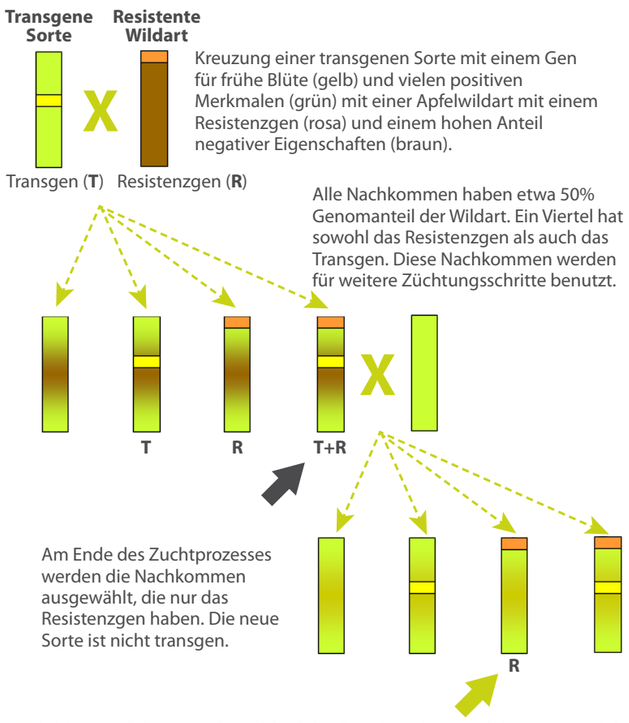


Abbildung 4: Schematischer Ablauf des Fast-Breeding-Verfahrens an Apfel

Nutzung der Resistenzen in der Apfelsortenzüchtung

Wildäpfel wie *Malus* × *robusta* 5 und *Malus fusca* bilden meist sehr kleine Früchte von minderer Qualität. Deshalb werden resistente Nachkommen mit qualitativ hochwertigen Apfelsorten gekreuzt. Somit werden alle negativen Eigenschaften der Wildäpfel durch solche Kreuzungen verdrängt. In der Regel sind sechs bis sieben dieser Kreuzungsschritte notwendig, bis die resistenten Nachkommen Früchte produzieren, die in ihrer Qualität mit den am Markt etablierten Sorten vergleichbar sind. Jeder dieser Kreuzungsschritte dauert fünf bis sechs Jahre. Damit dauert die Züchtung neuer Apfelsorten mit dauerhafter Resistenz viele Jahrzehnte. Die Züchtungsarbeiten mit den beiden Resistenzen aus *Malus* × *robusta* 5 und *Malus fusca* befinden sich derzeit in der zweiten Tochtergeneration (F2). Obwohl zur Beschleunigung des Selektionsprozesses bereits die neu entwickelten molekularen Marker eingesetzt werden, wird es noch vier bis fünf Generationen dauern, bis eine neue Sorte zu erwarten ist und in den Markt eingeführt werden kann. Aus diesem Grund sind Züchter immer auf der Suche nach Verfahren, mit deren Hilfe man den Zuchtprozess beschleunigen kann.

Ein Fast-Breeding-Verfahren

Der Hauptgrund der langwierigen Sortenzüchtung bei Baumobst liegt in der langen Jugendphase des Baumes (fünf bis zehn Jahre). Während dieser Zeit ist der Baum nicht in der Lage, Blüten zu bilden. Erst in der Erwachsenenphase entwickelt der Baum Blüten und Früchte, können Kreuzungsnachkommen bewertet und selektiert werden sowie weitere Kreuzungsschritte an selektierten Nachkommen erfolgen. Eine Verkürzung der Jugendphase würde zu einer enormen Zeitersparnis im Zuchtprozess führen. Daher wurde ein gentechnisches Verfahren etabliert und die Jugendphase des Apfels während des Zuchtprozesses verkürzt. Dieses Verfahren beruht auf der Nutzung einer transgenen Apfelpflanze, die aufgrund einer gentechnischen Veränderung bereits im Jahr der Aussaat blüht. Die nicht-transgene Apfelsorte „Pinova" wurde hierfür mit einem Gen für frühe Blüte aus der Birke (*Betula pendula*) ergänzt. Diese transgene Pflanze wird mit feuerbrandresistenten Wildapfelakzessionen gekreuzt. In der Nachkommenschaft entstehen vier verschiedene Klassen an Genotypen (Abb. 4). Nach fünf bis sieben Kreuzungsgenerationen werden solche Nachkommen ausgewählt, die feuerbrandresistent sind und die gentechnische Veränderung nicht enthalten (R). So werden komplexe Züchtungsprogramme in wenigen Jahren realisiert und nicht-transgenes aber hochwertiges Material mit dauerhafter Resistenz zur Verfügung gestellt. Ob die Nachkommen dennoch in der EU als gentechnisch veränderte Organismen (GVO) zu deklarieren sind, wird derzeit von der Europäischen Kommission geprüft.

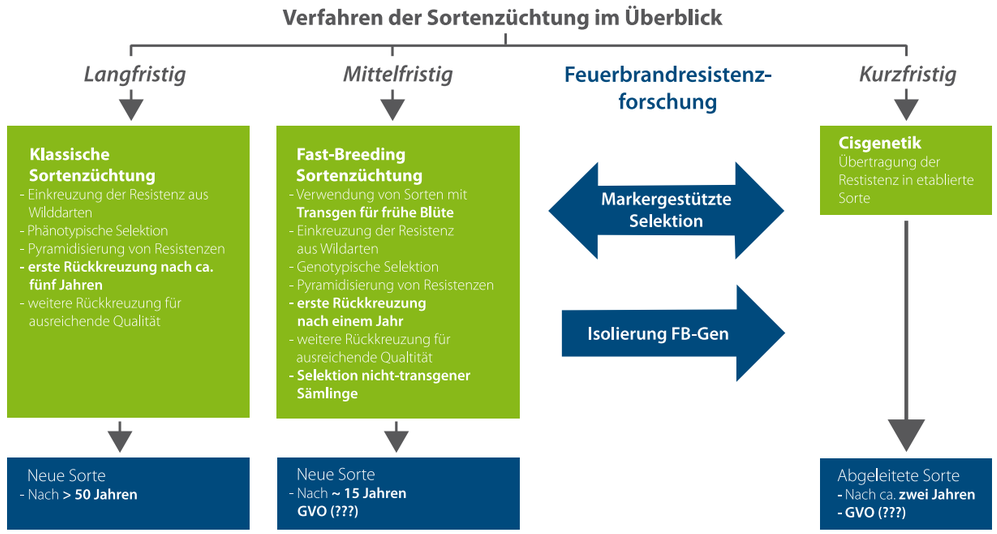


Abbildung 5: Verfahren der Apfelsortenzüchtung

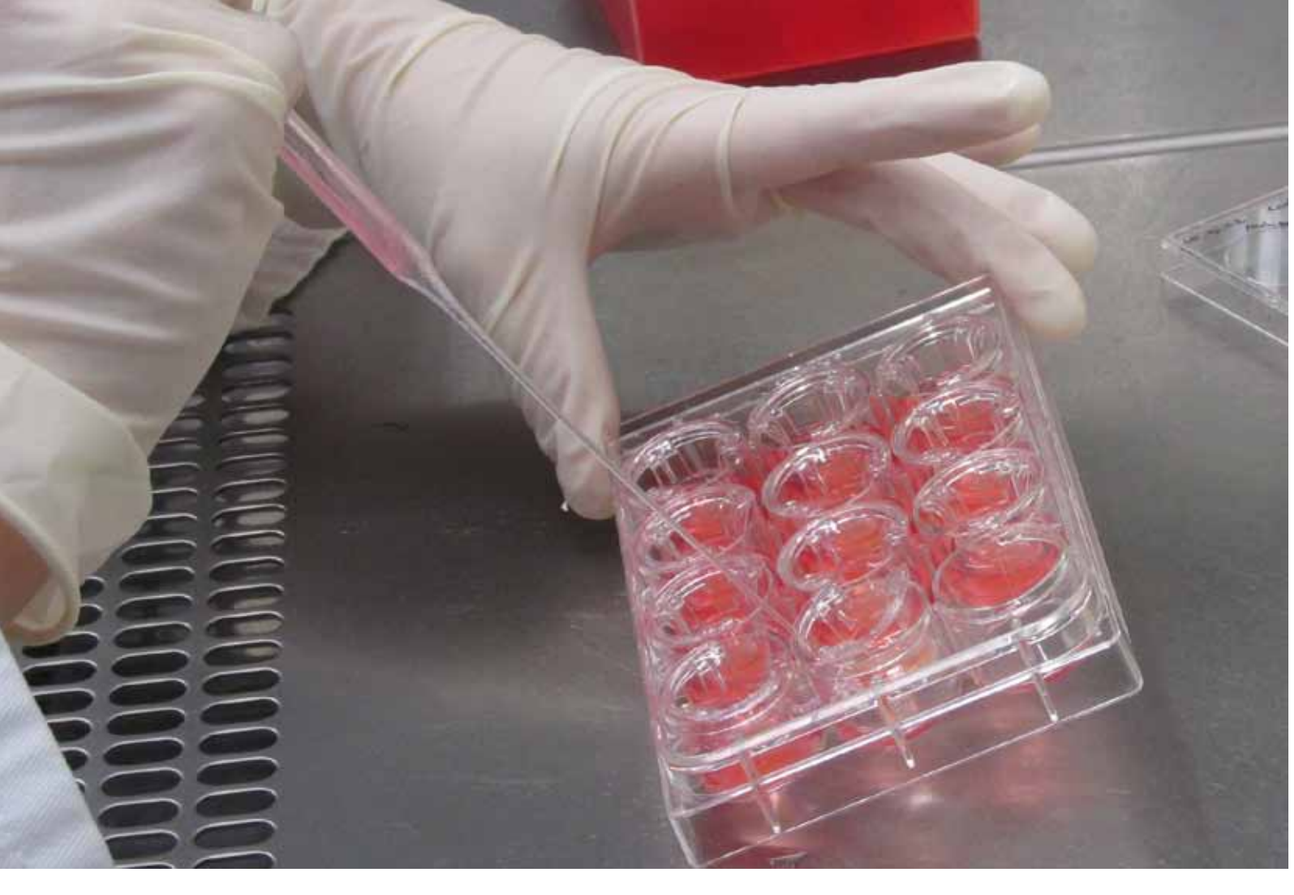
Etablieren der Cis-Gen-Technologie

Eine andere Möglichkeit, dauerhaft resistente Apfelsorten in einem überschaubaren Zeitrahmen zu erzeugen, stellt die Cis-Gen-Technologie dar. Bei dieser Technologie wird das Resistenzgen gezielt aus dem Genom der Wildapfelakzession isoliert und mit all seinen regulatorischen DNA-Sequenzen in das Genom einer erfolgreichen Marktsorte eingebaut. Diese Sorte bleibt auch nach dem Eingriff in all ihren Werteigenschaften erhalten. Lediglich im Merkmal Resistenz wird sie durch die Übertragung eines einzelnen Gens eines anderen Apfels verbessert. Beim Apfel gibt es bislang vier isolierte Resistenzgene. Mit einem dieser vier Resistenzgene wurden am JKI cisgene Linien mit verschiedenen Marktsorten erzeugt. Diese cisgenen Pflanzen zeigten eine deutlich verbesserte Resistenz gegenüber dem pilzlichen Erreger des Apfelschorfs. Traditionell gezüchtete Apfelsorten mit einem einzelnen Schorfresistenzgen können so mit einer deutlich reduzierten Menge an Fungiziden erfolgreich angebaut werden. Cisgene Pflanzen könnten einen Beitrag zu einer umweltschonenden und nachhaltigen Obstproduktion leisten. Derzeit wird bereits an mehrfachresistenten Pflanzen mit verschiedenen Resistenzgenen gearbeitet. Diese Pflanzen sollen auch resistent gegenüber Feuerbrand sein. Eine Übersicht über verschiedene Methoden der Sortenzüchtung ist in Abbildung 5 dargestellt.

Ob die Cis-Gen-Technologie jedoch Eingang in den Obstbau finden kann, hängt primär von den gesetzlichen Bestimmungen für GVO in der EU ab. Diese werden derzeit überarbeitet. Eine abschließende Entscheidung über die rechtliche Stellung cisgener Pflanzen steht noch aus.

Thomas Wöhner, Ofere Emeriewen, Dr. Andreas Peil, Dr. Klaus Richter, Dr. Henryk Flachowsky, Prof. Dr. M.-Viola Hanke
Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an Obst, Dresden und Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Quedlinburg

E-Mail: thomas.woehner@jki.bund.de



Was passiert bei der Aufnahme von Nanopartikeln im Körper?

Ein künstliches Verdauungssystem gibt Aufschluss

Nanopartikel können aufgrund ihrer geringen Größe andere physikalische und chemische Eigenschaften aufweisen als ihre größerskaligen Pendants. Daher sind in einigen Ländern bereits Produkte auf dem Markt zu finden, in denen Nanopartikel angewendet werden. Auch im Lebensmittelbereich werden aktuell schon Nanopartikel in Lebensmitteln eingesetzt. Außerdem ist bei einer steigenden Zahl der Anwendungen davon auszugehen, dass Kontaminationen von Lebensmitteln vorkommen werden. Es bestehen aber noch große Wissenslücken hinsichtlich der oralen Aufnahme von Nanopartikeln mit der Nahrung. So ist beispielsweise nicht geklärt, welchen Einfluss das Verdauungssystem auf die physikalischen und biochemischen Eigenschaften der Nanopartikel hat. Um diese Lücken zu schließen, untersucht die Abteilung Lebensmittelsicherheit des Bundesinstituts für Risikobewertung (BfR) in Kooperation mit der Bundesanstalt für Materialforschung und -prüfung (BAM) den Einfluss der Verdauung auf die Eigenschaften, Aufnahme und Toxizität von Nanopartikeln. Für diese Versuche werden weder Tiere noch Menschen herangezogen, sondern ein künstliches Verdauungssystem etabliert.

Nanopartikel

Nanopartikel sind Partikel, deren räumliche Ausdehnung im Bereich von 1 bis 100 Nanometer liegt. Ein Nanometer ist der milliardste Teil eines Meters. Durch diese geringe Größe, und dadurch vergrößertes Oberfläche-zu-Volumen-Verhältnis, können Nanopartikel andere Eigenschaften als ihre größerskaligen Pendants haben. Darunter fallen physikalische, mechanische, elektrische, magnetische und optische Eigenschaften, aber auch die Toxizität und Aufnahme in Zellen und den Körper. Diese Eigenschaften werden jedoch nicht nur von der Größe der Partikel bestimmt und beeinflusst, sondern hängen auch sehr stark von der Umgebung, in der sie sich befinden, ab. Häufig liegen sie in wässrigen Systemen vor, in denen auch andere Stoffe wie Proteine, Salze, Fette usw. enthalten sind. Die Zusammensetzungen der verschiedenen Umgebungsstrukturen (Matrices), in denen sich Nanopartikel befinden können, zum Beispiel in Lebensmitteln, in Nahrungsergänzungsmitteln, in Getränken, im Speichel im Mund oder im Magen, haben teilweise deutlich unterschiedliche Zusammensetzungen. Änderungen in der Zusammensetzung der Umgebung können wiederum die Eigenschaften der Nanopartikel beeinflussen. Um Verhalten, Aufnahme und Toxizität besser zu verstehen, muss herausgefunden werden, welche Umgebungsbedingungen einen Einfluss auf die Nanopartikel haben. Dabei können die Nanopartikel aneinander haften und so zu größeren Gebilden wie Aggregaten und Agglomeraten werden, denen die typischen Nanopartikeleigenschaften verloren gehen können. Sie können Ionen des Materials freisetzen, aus dem sie bestehen oder sich ganz auflösen. Außerdem können sich auf ihrer Oberfläche Stoffe aus der Umgebung anhaften. Dies können zum Beispiel Proteine sein, die dem Partikel dann ein äußerlich anderes Erscheinungsbild verleihen. Diese Möglichkeiten und Faktoren können wiederum die Wechselwirkung der Nanopartikel mit den Zellen unseres Körpers beeinflussen.

Der Weg von der Hand in den Bauch

Wenn wir Lebensmittel und andere Stoffe wie Nanopartikel zu uns nehmen, gelangen diese in unseren Magen-Darm-Trakt. Sie werden im Mund durch Kauen zerkleinert und eingespeichelt und in schluckbaren Einheiten weitergegeben. Im Magen tötet ein saurer pH-Wert einen Teil der Bakterien und im Darm werden die Nahrungsbestandteile resorbiert. Dies ist möglich, da in den verschiedenen Stationen die Nahrung mechanisch und enzymatisch in ihre Bestandteile zerlegt wird. Aufgrund seiner Hauptfunktion, der Aufnahme von Nährstoffen aus der Nahrung, ist vor allem der Dünndarm von Inte-

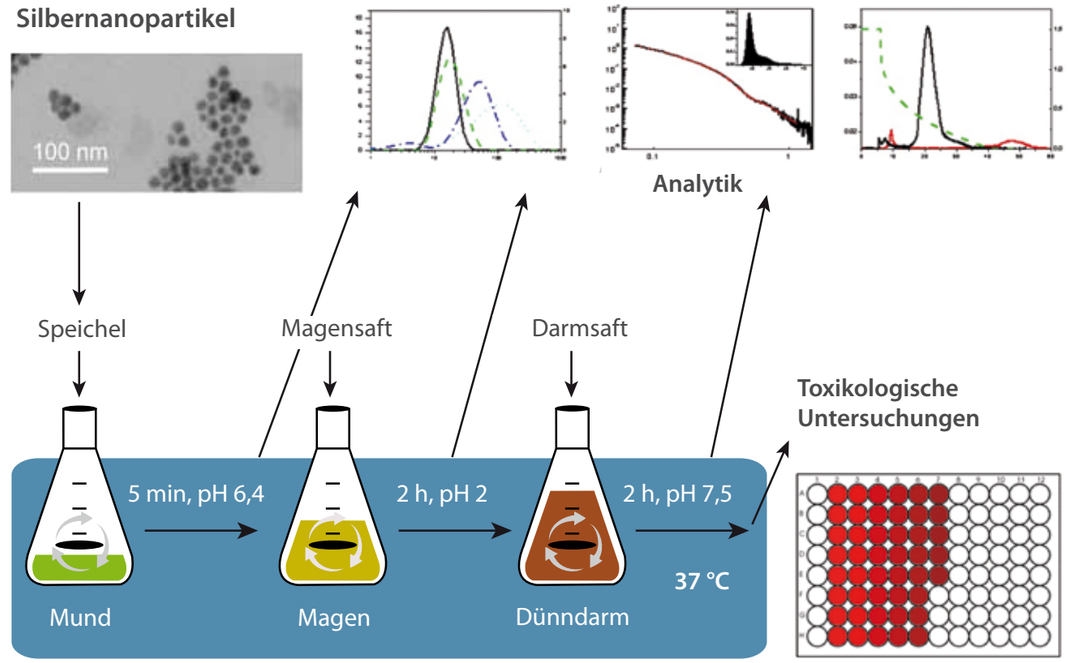


Abbildung 1: Schematischer Aufbau der künstlichen Verdauung von Nanopartikeln mit anschließenden analytischen und toxikologischen Untersuchungen

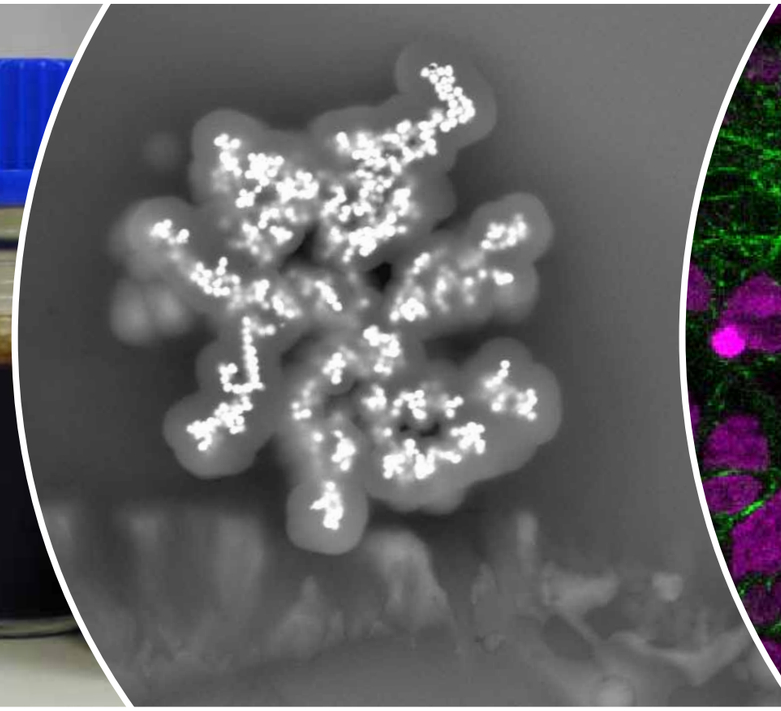


Abbildung 2: Künstliches Verdauungssystem mit Verdauungssäften; mitte: Silbernanopartikel

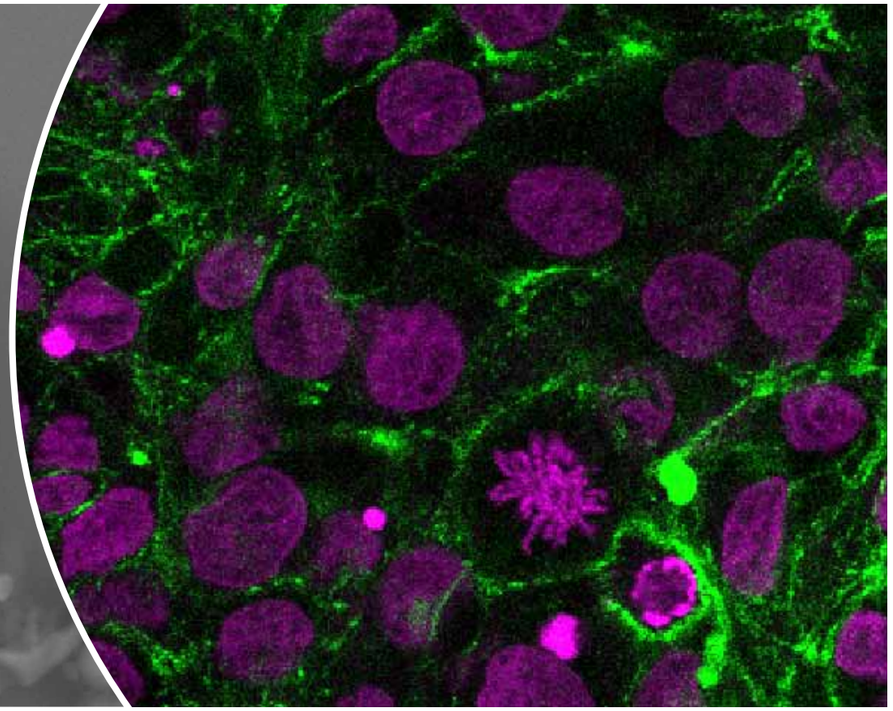


Abbildung 3: Mikroskopische Aufnahme von Caco-2 Zellen. Das Zytoskelett ist grün gefärbt und die Zellkerne lila.

resse bei der Untersuchung der Aufnahme von Nanopartikeln. Die Dünndarminnenwand ist durch vielfache Faltung stark vergrößert, um eine optimale Aufnahme der Nährstoffe zu ermöglichen. Diese Wand ist mit einer Schicht aus Zellen, den Enterozyten, ausgekleidet. Die zum Inneren des Darms zeigende Mukosa-Seite der Enterozyten ist durch die vielfache fingerförmige Ausstülpung der Membran (Mikrovilli) noch einmal erheblich vergrößert und besitzt viele verschiedene Proteine, die für den Transport von Nahrungsbestandteilen in den Körper verantwortlich sind. Der nicht resorbierte Anteil der Nahrung gelangt weiter in den Dickdarm, der vor allem der Rückgewinnung von Wasser und Salzen dient.

Die menschliche Verdauung im Reagenzglas

Für verschiedene Anwendungen und Fragestellungen wurde bereits versucht, möglichst naturgetreue Modelle des Magen-Darm-Traktes zu erstellen. Die Modelle dienten dem Verständnis der im Magen-Darm-Trakt ablaufenden Prozesse und der Untersuchung des Einflusses auf die Bioverfügbarkeit von Stoffen, wie zum Beispiel Schimmelpilzgifte (Mykotoxine). Die Verwendung von Modellen vereinfacht unter anderem die Probenahme während des Verdauungsprozesses. Zudem kann man bei der Untersuchung von Stoffen und Konzentrationen mit möglicherweise nachteiligen Wirkungen auf orale Aufnahmestudien an Menschen verzichten. Die Verwendung von Versuchstieren bedingt immer das Töten der Tiere zu umfangreicheren Untersuchungen der genauen Wirkung. Es ist somit naheliegend ein in vitro-Modell zu verwenden, das ohne Tierversuche auskommt, um die menschliche Verdauung nachzustellen und anhand dessen die Auswirkungen auf Nanopartikel zu studieren.

Der apparative Aufbau (Abb. 1) besteht im Wesentlichen aus einem Wasserbad, das mit Hilfe eines Thermostaten konstant auf einer Temperatur von 37 Grad Celsius gehalten wird. In darin befindlichen Gefäßen werden Silbernanopartikel nacheinander synthetischem Speichel, Magen- und Darmsaft ausgesetzt. Dabei wird jeweils der organspezifische pH-Wert eingestellt und für einen definierten Zeitraum gerührt. Die Aufenthaltszeiten in den entsprechenden Verdauungssäften, die Temperatur sowie die Zusammensetzung dieser Säfte sind dabei natürlichen Verdauungsprozessen nachempfunden. So sind anorganische Bestandteile wie Salze in Mengen enthalten, die dem Salzgehalt natürlicher Verdauungssäfte entsprechen. Auch sind Schleimstoffe (Mucine) und typische Enzyme, wie die im Speichel enthaltene α-Amylase, im Magen das Pepsin und im Darm das Trypsin, enthalten. Dem Darmsaft wird zusätzlich noch Gallenextrakt zugesetzt. Während der einzelnen Schritte können Proben genommen werden und analytische oder biologische Experimente erfolgen. So werden zum Beispiel die verdauten Nanopartikel (Abb. 2) auf ein in vitro-Zellmodell der Darmbarriere (Abb. 3) gegeben, um darin die Aufnahme der Partikel und deren mögliche Toxizität zu untersuchen. Dafür werden die verdauten Partikel und zum Vergleich auch die Verdauungssäfte ohne Partikel in Zellkulturmedium verdünnt und in dieser Form den Zellen zugeführt. Auf diese Weise kann den Fragen nachgegangen werden, in welcher Form Silbernanopartikel im Darm ankommen (ob als Nanopartikel, größere Aggregate oder aufgelöst in Ionen) und wie sich die Verdauung auf die Aufnahme der Nanopartikel im Darm und deren Wirkung auf Darmzellen auswirkt.

Auswirkungen auf die Nanopartikel

Es zeigt sich, dass die Verdauung einen Einfluss auf die Nanopartikel hat. Es lagern sich Stoffe aus den Verdauungsflüssigkeiten an die Nanopartikel an und bilden eine Schicht auf der Oberfläche (Corona). Eine Aggregation der Partikel wird nur zum Teil beobachtet. Somit konnte gezeigt werden, dass Silbernanopartikel bis in den Darm gelangen können und dort mit den Darmzellen in Kontakt kommen. Die toxische Wirkung der Silbernanopartikel auf die Zellen unterscheidet sich nach der Verdauung im Vergleich zu unverdauten Partikeln nur in geringem Maße.

Künstliches Verdauungssystem gut geeignet

Nach ersten eigenen Untersuchungen erscheinen uns Modelle des Verdauungstraktes gut geeignet, um diese auf Nanopartikel anzuwenden. Derzeit wird an der Optimierung dieser Modelle gearbeitet, um sie noch besser den natürlichen Gegebenheiten anzupassen. Nanopartikel werden meist in Verbindung mit Lebensmitteln verzehrt, daher wird das in vitro Verdauungsmodell um ausgewählte Lebensmittelbestandteile ergänzt.

Bundesinstitut für Risikobewertung

Dr. Linda Böhmert, Holger Sieg, Dajana Lichtenstein, Sabine Horzowski, Prof. Dr. Dr. Alfonso Lampen
Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

E-Mail: Alfonso.Lampen@bfr.bund.de

Ein Virus wird entdeckt

Forschung und Diagnostik mit dem Next Generation Sequencing

Milchbauern in Nordrhein-Westfalen verzeichneten 2011 einen deutlichen Rückgang der Milchleistung von Kühen, Fieber und andere Krankheitssymptome. Aber wo lag die Ursache? Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern am Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) gelang es, einem bisher unbekannten Krankheitserreger auf die Spur zu kommen. Mit Hilfe einer modernen molekularbiologischen Methode, der Metagenomanalyse, fanden sie an Proben von erkrankten Tieren Hinweise auf Viren, die bis dahin in Europa nicht aufgetreten waren. Dieses Ergebnis brachte die Wissenschaftler auf die Fährte des unbekannten Virus und ermöglichte dessen Isolierung und Nachweis in Proben weiterer erkrankter Tiere.

Die Genome aller Organismen und Viren bestehen aus Nukleinsäuren (Desoxyribonukleinsäuren, englisch abgekürzt DNA, bzw. Ribonukleinsäuren, englisch abgekürzt RNA) und speichern deren Baupläne. Als solche sind sie wichtige Quellen für Forschung und Diagnostik zur Identifizierung und Charakterisierung eines Organismus. Daher wurde schon bald nach der Identifikation der DNA als dem Informationsspeichermedium der Zellen an der Entschlüsselung dieser Information gearbeitet.

Die Genome bestehen aus vielen hintereinander gehängten Nukleotiden, den Bausteinen, die die Information mithilfe von vier Basen verschlüsseln. Die Basen sind die Buchstaben des DNA-Alphabets. Jeweils drei Basen bilden ein Wort, das als Triplett oder Codon bezeichnet wird. Die im Genom gespeicherten, aus vielen

Tripletts bestehenden, Sätze (= Gene) beinhalten die Information zur Bildung der für den Organismus erforderlichen Eiweiße, die die funktionellen Bestandteile der Zelle sind. Somit gibt die Abfolge der vier Buchstaben des DNA-Alphabets Auskunft über Eigenschaften des Organismus. Aus diesem Grund entwickelten Wissenschaftler Methoden zur Bestimmung der Basenabfolge oder Sequenzierung der DNA. Von den verschiedenen Methoden zur Sequenzierung setzte sich zunächst die Kettenabbruch-Methode nach Sanger durch. Gleichzeitig wurde an alternativen Verfahren zur DNA-Sequenzierung gearbeitet. In den frühen 2000 er Jahren wurden die ersten dieser Verfahren zur Marktreife gebracht und fortan in Abgrenzung zum first generation sequencing, der für hohen Durchsatz optimierten Sequenzierung nach Sanger, unter der Bezeichnung next generation sequencing (NGS) zusammengefasst.

Entschlüsselung des Genoms mit neuen Methoden

Hinter NGS verbergen sich verschiedene Methoden, die allesamt zur Bestimmung der DNA-Sequenz nicht die klassische Kettenabbruchmethode nach Sanger nutzen. Inzwischen werden innerhalb des NGS second und third generation sequencing unterschieden. Wesentlicher Unterschied ist, dass beim second generation sequencing die Vervielfältigung der DNA notwendig ist, um bei der Sequenzierung messbare Signalstärken zu erhalten. Beim third generation sequencing wird die DNA direkt sequenziert. Dies hat den Vorteil, dass die ermittelten Sequenzen weniger Artefakte enthalten, die bei der Vervielfältigung der DNA auftreten.

Ungeachtet der Unterschiede zwischen den Verfahren, gibt es gemeinsame Merkmale. Neben einem deutlich höheren Probendurchsatz gehört zu diesen Gemeinsamkeiten die Möglichkeit, die zu sequenzierende DNA mit molekularbiologischen Verfahren direkt in eine sogenannte DNA-Bibliothek umzuwandeln. Als DNA-Bibliothek wird eine Mischung zahlloser DNA-Moleküle, die die DNA der Ausgangsprobe möglichst genau repräsentieren und für die Sequenzierung geeignet sind, bezeichnet. Da es sich bei den eingesetzten Methoden um ungerichtete Verfahren handelt, die alle DNA-Moleküle mit annähernd identischer Effizienz umsetzen, werden alle enthaltenen DNA-Moleküle mit gleicher Wahrscheinlichkeit in funktionelle Bestandteile der DNA-Bibliothek überführt und sequenziert. Jetzt ist es möglich, die Basenabfolge eines jeden DNA-Moleküls ohne jegliche Vorkenntnisse zu bestimmen. Die großen Datensätze erlauben es entweder, Genome mit großer Zuverlässigkeit der untersuchten DNA-Abschnitte zu sequenzieren oder einen breiten Überblick über die Zusammensetzung der DNA einer Probe zu erhalten. Durch die genannten Merkmale ergeben sich diverse Einsatzgebiete für die zur Verfügung stehenden NGS-Verfahren. Insbesondere die großen Datensätze, die generiert werden, sind dabei von herausragender Bedeutung, weil sie einen enormen Informationsgehalt bergen.

Abbildung 1: Besonders betroffene Arten: Rinder und Schafe

Wie funktioniert NGS?

Das Verfahren des Genome Sequencers wird beispielhaft in Abbildung 2 beschrieben. Die DNA-Moleküle werden auf eine für die Sequenzierung passende Länge fragmentiert (A). Anschließend wird die DNA in einem molekularbiologischen Verfahren enzymatisch mit speziellen Adaptern versehen und so in eine DNA-Bibliothek umgewandelt (B, C). Diese Adapter dienen der sortenreinen Vervielfältigung der Moleküle der DNA-Bibliothek, um bei der Sequenzierung messbare Signalstärken zu erhalten. Die Amplifizierung erfolgt in einer sogenannten Emulsions-Polymerase Kettenreaktion (emPCR®). In der emPCR® ist jedes Wassertröpfchen der Wasser-in-Öl-Emulsion ein individueller Mikroreaktor, in dem sich jeweils ein DNA-Bead (ein kleines Kügelchen, das die DNA binden kann) und ein Molekül der DNA-Bibliothek befinden (D). Dadurch wird die Sortenreinheit der Vervielfältigung gewährleistet. Nach der PCR (E) sind alle synthetisierten Kopien des Ausgangs-DNA-Moleküls fest an die Oberfläche der DNA-Beads gebunden. Diese Sammlung von Millionen Kopien eines einzelnen DNA-Moleküls wird als DNA-Klon bezeichnet. Im Anschluss an die emPCR® werden die Beads mit den an ihrer Oberfläche gebundenen Kopien eines Moleküls der ursprünglichen DNA-Bibliothek gereinigt und für die Sequenzierung vorbereitet (F). Dazu werden die Beads in eine sogenannte Pico Titer Platte (PTP) geladen (G). Diese PTP hat mehrere

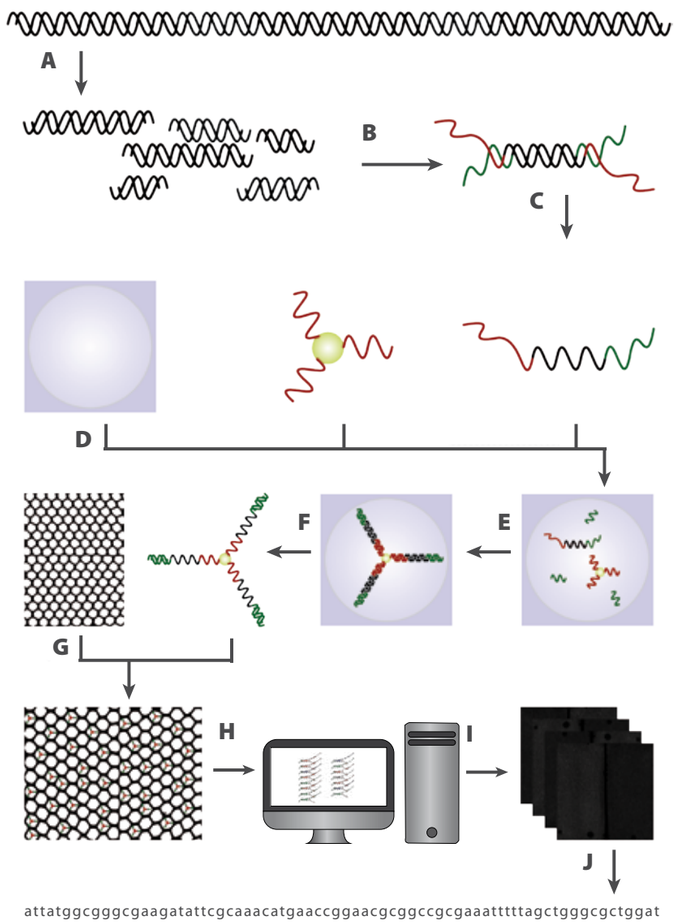


Abbildung 2: Prinzip des Next Generation Sequencing am Beispiel des Genome Sequencer FLX

Millionen kleine Vertiefungen die Wells genannt werden. In den Wells sind die DNA-Beads für die Dauer der Sequenzierung fixiert. Die beladene PTP wird ins Gerät überführt (H), das die Sequenzierung durchführt. Infolge eines Nukleotideinbaus wird ein Lichtsignal generiert, das von einer hochempfindlichen CCD-Kamera für alle Wells der PTP simultan detektiert und als Bilddatei gespeichert wird (I). Die Lichtmenge ist direkt proportional zur Anzahl der eingebauten Nukleotide. Daher kann aus dem durch die Kamera detektierten Signal die Anzahl der in einem Schritt eingebauten Nukleotide berechnet werden. Zusammen mit der Kenntnis des Nukleotids, das zur Lichtemission führte, kann die Gerätesoftware die Basensequenz jedes einzelnen, in einem Well der PTP befindlichen, DNA-Klons berechnen (J).

Der Krankheit auf der Spur

Ein wichtiges Einsatzgebiet des NGS ist die sogenannte Metagenomanalyse. Diese dient dazu, die Zusammensetzung einer Population im Hinblick auf die enthaltenen Organismen und Viren zu untersuchen. Das primäre Ziel ist in diesem Fall aber nicht die detaillierte Beschreibung einzelner Organismen, sondern die Identifizierung möglichst vieler der enthaltenen Organismen, um einen umfassenden Überblick über die Diversität der Population zu erhalten. Die NGS ergibt aufgrund ihrer Vorteile ein nahezu verzerrungsfreies Bild der untersuchten Population. Abbildung 3 zeigt schematisch den Ablauf der Untersuchung. Zunächst wird eine geeignete Probe gewonnen und in eine sogenannte DNA-Bibliothek überführt. Diese DNA-Bibliothek repräsentiert alle Bestandteile der gesamten Population gleichermaßen. Bei der Sequenzierung der DNA-Bibliothek wird eine große Anzahl (bis zu mehrere Millionen für eine Probe) kurzer DNA-Sequenzabschnitte gewonnen. Die Identifikation der in der Probe vorkommenden Organismen geschieht auf der Basis der ermittelten DNA-Sequenzen durch Vergleich mit bekannten Sequenzen bekannter Organismen. Dies ist möglich, weil die Genomsequenzen für bestimmte Organismen spezifisch sind. Daher geht man bei Ähnlichkeit zweier Sequenzen von einem ähnlichen Ursprung aus.

Die Metagenomanalyse wurde im Jahr 2011 eingesetzt, um die Ursache eines vielfach in Nordrhein-Westfalen beobachteten Rückganges der Milchleistung bei Kühen aufzuklären. Die Symptomatik der Erkrankung war unspezifisch, so dass gezielte Untersuchungen auf bestimmte, zu den Symptomen passende, Krankheiten ohne Ergebnis blieben. Daher wurden Proben von betroffenen Tieren in einer Metagenomanalyse untersucht. Bei der Analyse der mittels NGS erhaltenen Sequenzen gelang auch die Zuordnung von Sequenzen zu Viren, die bis dahin in Europa nicht aufgetreten waren. Diese Viren

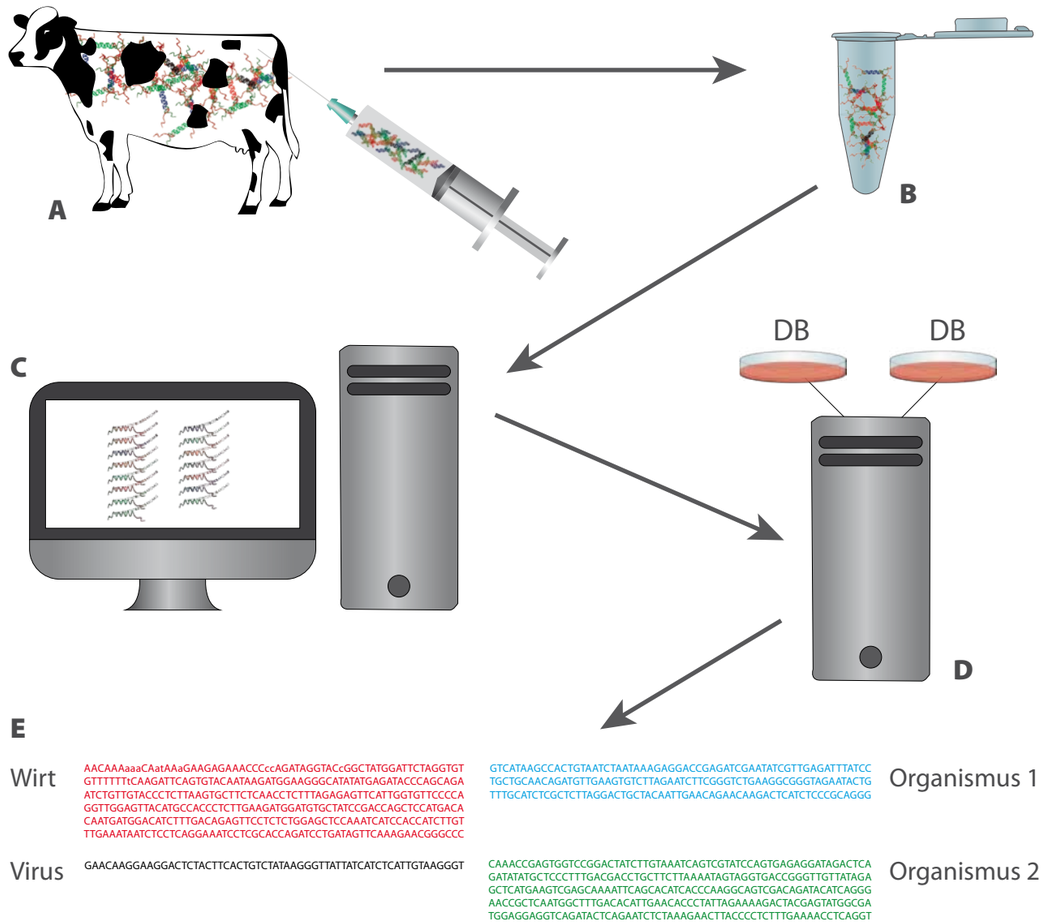


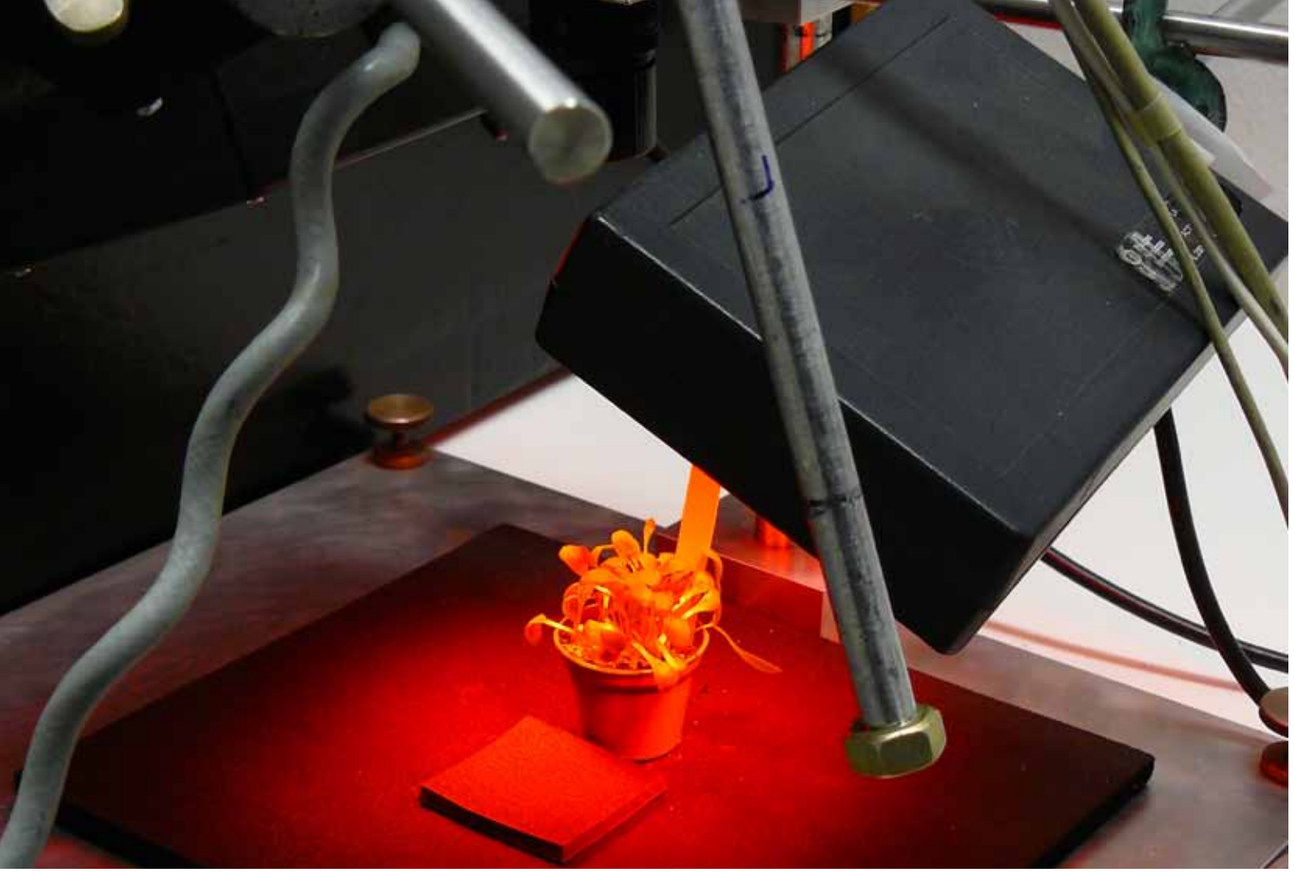
Abbildung 3: Übersicht über die wichtigsten Schritte einer diagnostischen Metagenomanalyse. Aus der Probe eines erkrankten Tieres werden alle Nukleinsäuren isoliert und daraus eine DNA-Bibliothek hergestellt (A, B). Anschließend wird die individuelle Basensequenz der einzelnen Moleküle der DNA-Bibliothek ermittelt (C). Der erzeugte Datensatz enthält bis zu einigen Millionen individueller DNA-Sequenzen. Diese werden dann mit Hilfe geeigneter bioinformatischer Prozeduren den nächstverwandten Taxa zugeordnet (D-E).

gehörten zu den Arten Akabane- und Shamonda-Virus, die zur Familie der Bunyaviren gehören. Viren der gefundenen Arten traten bis dahin nur in Asien, Australien und Afrika auf und verursachen eine wie in Nordrhein-Westfalen beobachtete Symptomatik. Aufgrund dieser eindeutigen Hinweise war es in der Folge sowohl möglich, das Virus in einer passenden Zellkultur zu kultivieren als auch entsprechende RNA-Moleküle in Proben weiterer infizierter Tiere nachzuweisen. Das neu entdeckte Virus wurde wie bei der Benennung neuer Viren üblich nach seinem Fundort Schmallenberg Virus genannt.

FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT
FLI
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Federal Research Institute for Animal Health

Dr. Dirk Höper
Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik,
Greifswald – Insel Riems

E-Mail: dirk.hoeper@fli.bund.de



Hilfe für die Züchter

Erkennung widerstandsfähiger Salatpflanzen durch eine neue Bildanalyse-basierte Schnellmethode

Falscher Mehltau ist in vielen gärtnerischen Kulturen ein Problem und seine Bekämpfung äußerst schwierig. Bei Salat werden resistente Sorten angebaut, um den Ertrag zu sichern. Aufgrund des Vorkommens einer Vielzahl an physiologischen Rassen, die der pilzliche Erreger bildet, wird in der Züchtung nach immer neuen Resistenzen gesucht. Im Züchtungsprozess sind daher Methoden erforderlich, die eine schnelle, einfache und sichere Auswertung von Pflanzen hinsichtlich ihrer Befallsfreiheit ermöglichen. Daher sollte geprüft werden, ob die bisherigen visuellen Auswerteverfahren durch neuere leistungsfähige Methoden ersetzt werden können. Hierfür wurde die Chlorophyllfluoreszenzbildanalyse (CFBA) im Wirt-Pathogen-System Salat/ *Bremia lactucae* erprobt und erfolgreich für die objektive Schnellerkennung widerstandsfähiger Salatpflanzen optimiert und angepasst.

Im Salatanbau hat *Bremia lactucae*, der Erreger des Falschen Mehltaus, wegen seines ausgeprägten Schadenspotentials große Bedeutung. Die Salatzüchtung steht vor der großen Herausforderung, in kurzer Zeit Sorten zu entwickeln, die gegenüber den neu auftretenden Erregerrassen widerstandsfähig sind. Eine Vielzahl an Einzelpflanzen muss gegenüber den verschiedenen Erregern auf ihre Resistenz geprüft werden. Die momentan in der Züchtungspraxis eingesetzten visuellen Auswerteverfahren sind jedoch arbeits- und zeitintensiv. In enger Zusammenarbeit untersuchen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler des Leibniz-Instituts für Agrartechnik

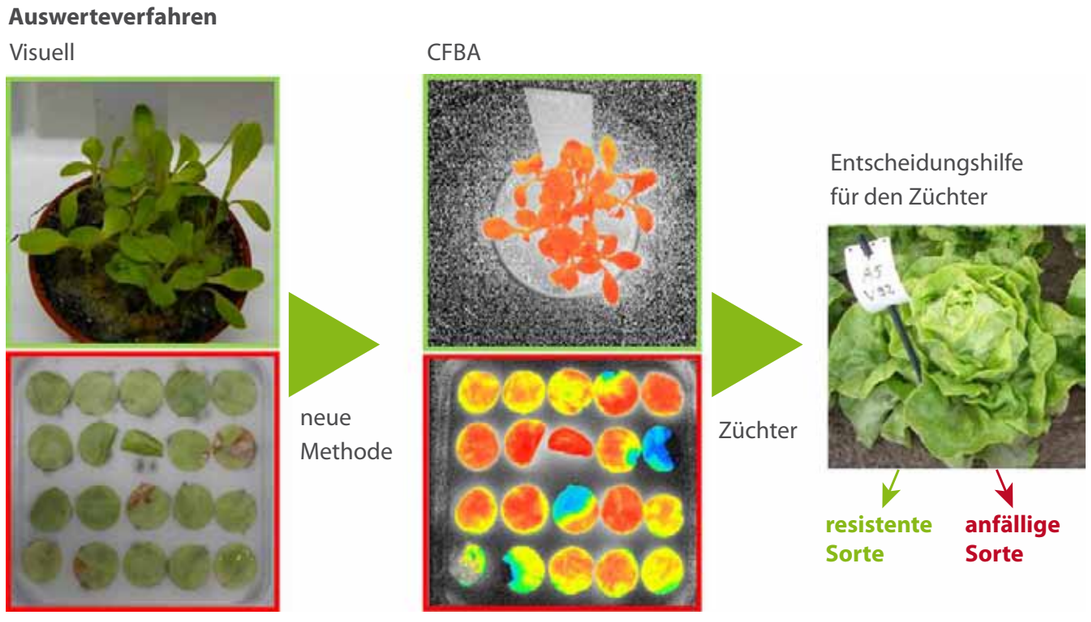


Abbildung 1: Die Analyse der mit CFBA ermittelten photochemischen Effizienz soll dem Züchter helfen, nicht befallene von befallenen Pflanzen schnell zu unterscheiden

Potsdam-Bornim e.V. und des Julius Kühn-Institutes eine Möglichkeit, Infektionen der Salatpflanzen schnell nachzuweisen. Da der Erreger das Wirtsgewebe im Verlauf der Infektion schädigt, ist die Analyse der Photosyntheseaktivität eine gute Möglichkeit zur Erkennung von *Bremia lactucae*-Infektionen. Außerdem können resistente und anfällige Salatlinien frühzeitig und objektiv unterschieden werden. In diesem Zusammenhang bietet sich der Einsatz der CFBA als eine berührungslos und zerstörungsfrei einsetzbare, d. h. nicht-invasive Methode zur Charakterisierung metabolischer Veränderungen kranker Pflanzen an.

Ein einfach bestimmbarer Fluoreszenzparameter ist die potenzielle photochemische Effizienz des Photosystems II (F_v/F_m, **v**ariable **F**luoreszenz/**m**aximale **F**luoreszenz). Er kann die Photosyntheseaktivität erfassen und damit eine frühzeitige Schädigung des Photosyntheseapparates der Pflanze durch den Erreger aufzeigen (Abb. 1).

Im Rahmen des vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft geförderten Projektes „SalatBild" wurde die CFBA-Methode zur Unterscheidung von Befall - Nicht-Befall und folglich von Anfälligkeit bzw. Resistenz genutzt. Hierfür wurden die in der Züchtung üblichen Resistenzprüfmethoden an Sämlingen bzw. auf Blattscheiben angewendet. In die Untersuchungen wurden Kopfsalat- und Batavialinien bzw. -sorten einbezogen, die sich in ihren Resistenzen gegenüber dem Falschen Mehltau unterscheiden. In den Versuchen wurden verschiedene Erregerrassen sowie ein Feldisolat eingesetzt.

Prüfung an Sämlingen

Mit diesem Test können rassenspezifische Resistenzen, also die Widerstandsfähigkeit einer Salatsorte gegenüber einer bestimmten Erregerrasse, getestet werden. Dazu wurden Sämlinge im Alter von sieben Tagen mit einer Erregerlösung übersprüht und kultiviert.

Die Bewertung der Resistenz gegenüber Falschem Mehltau erfolgte zum einen visuell anhand der Sporenbildung (Sporulation) des Pilzes auf den Keimblättern und zum anderen durch CFBA-Messungen. Immer dann, wenn der Pilz nicht oder nur spärlich Sporen auf den Keimblättern bildet, besteht Resistenz. Für die Erarbeitung von Algorithmen war es zunächst notwendig, mit beginnendem Infektionsprozess täglich die CFBA-Messungen an den Sämlingen durchzuführen. Für die Unterscheidung von infizierten und nicht infizierten Pflanzen konnten geeignete Parameter mittels CFBA validiert werden. Diese zeigten, dass bereits nach vier bis acht Tagen eine Detektion der Infektion möglich ist. Damit können anstelle der visuellen Auswertung durch Analyse der photochemischen Effizienz stark anfällige

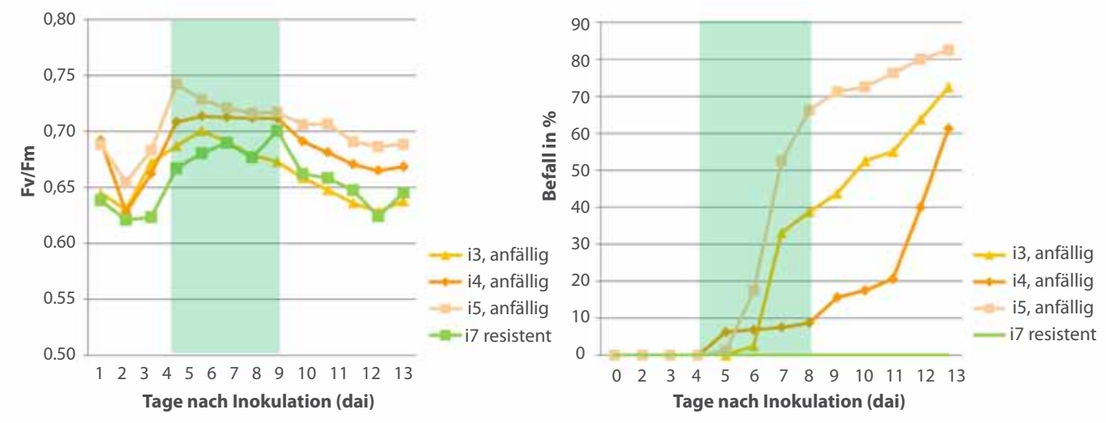


Abbildung 2: Photochemische Effizienz (F_v/F_m, **v**ariable **F**luoreszenz/**m**aximale **F**luoreszenz) (links) und Befallsentwicklung (rechts) bis 13 Tage nach Inokulation bei ausgewählten Sorten. Eine Unterscheidung zwischen resistenten und anfälligen Sorten kann zwischen dem 4. und 8. Tag nach Inokulation erfolgen (Mittelwertdarstellung, je Sorte n = 8)

und resistente Sorten voneinander unterschieden werden. Bei stark befallenen Sämlingen nahm die photochemische Effizienz zwischen dem 4. und dem 8. Tag nach Infektion ab, bei Pflanzen der resistenten Sorten stieg der Wert dagegen leicht an (Abb. 2).

Bei einem langsameren Infektionsverlauf, wie er bei der Salatlinie i4 mit unter zehn Prozent Befall bezogen auf die gesamte Blattfläche nach vier bis acht Tagen vorlag, ist eine Einschätzung mit der CFBA unter den gegebenen Testbedingungen in dem markierten Zeitraum nicht gegeben. Erfolgen die Messungen wie in den Testreihen nicht täglich, sondern zu den als optimal herausgefundenen Zeitpunkten, ist das Testsystem insgesamt stabiler. Folglich ist bei anfälligen Sorten mit höheren Befallswerten zu rechnen, die sich dann wieder mit CFBA erfassen lassen. Dies wird derzeit in weiteren Untersuchungen erprobt und die Methode hinsichtlich ihrer Praxisanwendung überprüft. Insgesamt zeigte sich, dass die in der CFBA als anfällig bewerteten Sorten bzw. Linien auch nach visueller Einschätzung anfällig waren. Derzeit wird geprüft, inwieweit die Übertragbarkeit des Ansatzes auf die Testung verschiedener Rassen gelingt.

Prüfung auf Blattscheiben

Mit der Testung auf Blattscheiben aus ausdifferenzierten Blättern lassen sich weitere Resistenzeigenschaften erfassen. So können z. B. Eigenschaften der Salatsorte wie die Blattkonsistenz eine Rolle spielen, die unabhängig von der Erregerrasse zu einer Abwehr führen. Der Blattscheibentest ist wesentlich aufwändiger in seiner

Abbildung 3: Ausstanzen von Blattscheiben

Durchführung durch die Anzucht der Jungpflanzen sowie das Ausstanzen und Auflegen der Blattscheiben auf eine Unterlage (Abb. 3).

Um die CFBA-Ergebnisse mit dem visuell geschätzten Befallsgrad vergleichen zu können, wurde die photochemische Effizienz (F_v/F_m-Werte) über jedes Fluoreszenzbild gemittelt und verglichen bzw. die Blattscheiben einzeln bildanalytisch ausgewertet. Die Auswertung berücksichtigt, dass pilzinfizierte erkrankte Stellen niedrige F_v/F_m-Werte besitzen. Eine Häufung von Bildpixelwerten im unteren Wertebereich lässt auf eine verringerte Vitalität (geschädigte, anfällige Sorten) und eine Häufung im oberen Bereich auf eine hohe Vitalität (gesunde, resistente Sorten) der Blattscheiben schließen.

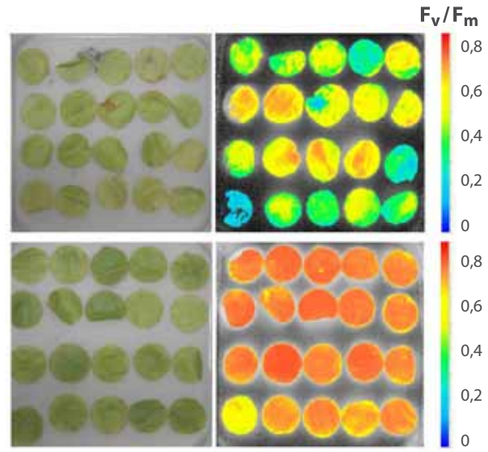


Abbildung 4: Blattscheiben einer anfälligen Sorte (oben) und einer resistenten (unten) am 14. Tag nach Inokulation (Farbgebung: rot -hohe Vitalität, blau - geringe Vitalität)

Bei den Blattscheibentests variiert bei anfälligen Salatsorten die maximale photochemische Effizienz der Blattscheiben mit Fortschreiten der *Bremia*-Infektion sehr stark (Abb. 4, oben); bei resistenten Sorten (Abb. 4, unten) ist der Wert dagegen relativ gleichmäßig.

Mit Hilfe der mehltauinfizierten Blattscheiben sind anfällige Salatsorten ab dem 10. Tag nach Inokulation detektierbar (Abb. 5).

Die deutlich sichtbaren Unterschiede in Höhe und lokaler Verteilung der F_v/F_m-Werte können mithilfe der hinterlegten Pixelwerte analysiert und klassifiziert und damit eine Beurteilung der Anfälligkeit gegenüber Falschem Mehltau erzielt werden. So lag der prozentuale Anteil niedriger F_v/F_m-Werte bei den Kontrollen und resistenten Kopfsalatsorten mit weniger als fünf Prozent deutlich unter denen der anfälligen Sorten (15 Prozent).

Die nächsten Schritte

Am Beispiel der Wirt-Pathogen-Beziehung Salat/*Bremia lactucae* konnte gezeigt werden, dass mit Hilfe der CFBA eine objektive und automatisierbare Erkennung von Pilzkrankheiten möglich ist. Bei Salat war hiermit Falscher Mehltau bereits nach vier bis acht Tagen detektierbar, bei visueller Auswertung nach sieben bis maximal 14 Tagen. Für jedes Wirt-Pathogen-System sind jedoch spezifische Auswert-Algorithmen zu erarbeiten und auf die jeweilige Erregerinfektion abzustimmen. Um die Ergebnisse in die praxistaugliche Anwendung zu bringen, müssen daher weitere Pflanzen-Schaderreger-Kombinationen untersucht werden. Für ein einsatzreifes Gerätesystem

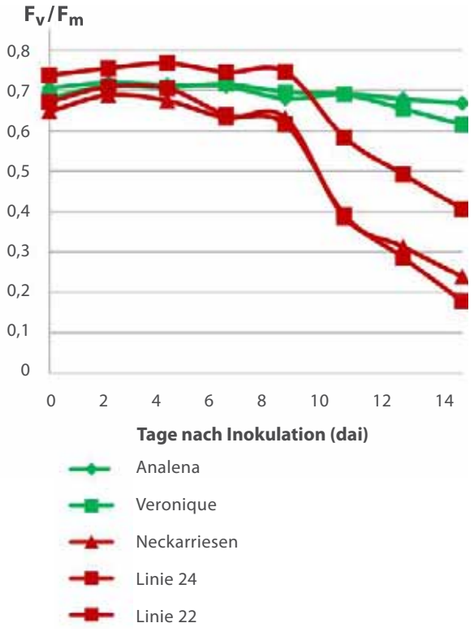


Abbildung 5: Verlauf von F_v/F_m bei inokulierten Blattscheiben anfälliger (rot) und resistenter Salatsorten (grün)

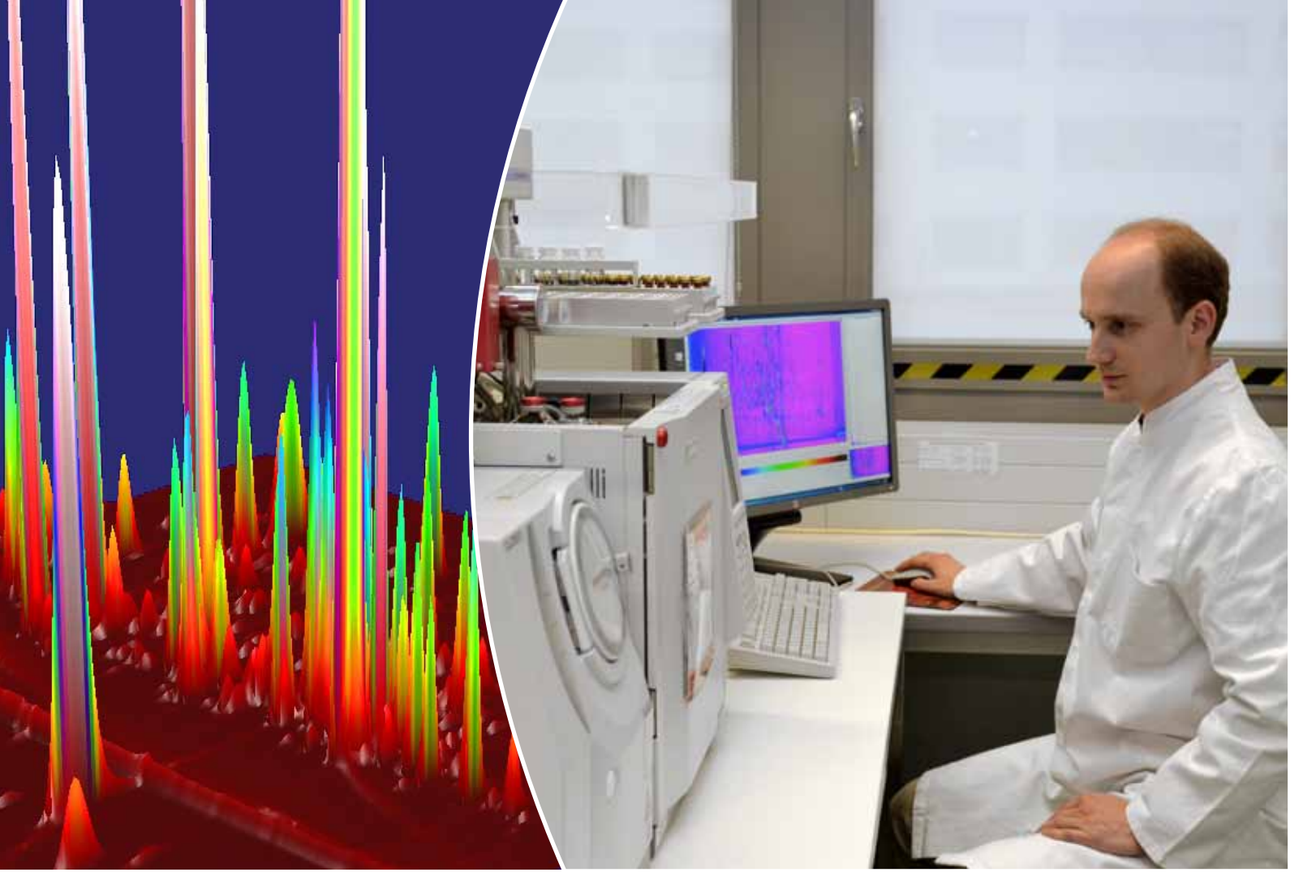
ist es außerdem nötig, die Chlorophyllfluoreszenz-Aufnahme- und Analysetechnik entsprechend anzupassen. So ist z. B. denkbar, durch geeignete fahrbare Gerätesysteme und durch Optimierung der Aufnahmetechnik in kürzerer Zeit mehr Pflanzen untersuchen zu können, als es momentan möglich ist. Die hier vorgestellte Technik bietet Möglichkeiten, den gesamten Prozess in der Auswertung zu automatisieren und damit den Prüfaufwand erheblich zu senken.

Dr. Elke Bauriegel[1], Dr. Werner B. Herppich[1], Dr. Ute Gärber[2]

[1] Leibniz-Institut für Agrartechnik Potsdam-Bornim e.V. (ATB), Abteilung Technik im Gartenbau

[2] Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst, Kleinmachnow

E-Mail: ebauriegel@atb-potsdam.de



Metabolomics: Ungerichtete Analysen bei Lebensmitteln

Ein neuer Ansatz in der Qualitäts- und Sicherheitsforschung

Die Globalisierung der Lebensmittelmärkte, sich verändernde Lebensbedingungen, der steigende Anspruch an die saisonunabhängige Verfügbarkeit vieler Lebensmittel oder der Wunsch nach gesunden Lebensmitteln nehmen großen Einfluss auf das Lebensmittelangebot, deren Produktion und insbesondere die Entwicklung neuer Produkte. Diese Veränderungen stellen auch die Sicherheits- und Qualitätsforschung von Lebensmitteln vor große, mitunter neue und auch wachsende Herausforderungen. Das Max Rubner-Institut (MRI) sieht in der ungerichteten Analyse niedermolekularer Stoffwechselprodukte, der Metabolite, ein großes Potential, diesen Anforderungen auch in der Zukunft gerecht zu werden.

Metabolomics gewinnt in der Medizin und den Lebens- und Biowissenschaften zunehmend an Bedeutung. Durch eine möglichst umfassende Charakterisierung der Metaboliten und ihrer Wechselwirkungen kann der Einfluss innerer wie äußerer Faktoren auf ein biologisches System untersucht werden.

Charakteristisch für Metabolomics sind ungerichtete Metabolom-Analysen. Ziel ist es, mit einer einzigen Analyse eine möglichst große Zahl von Metaboliten, in der Regel 200 bis 500, zu erfassen. Ob diese bekannt sind und ad hoc identifiziert werden können, ist dabei zunächst nicht relevant. Viel wichtiger ist die generelle, ergebnisoffene Herangehensweise, um auch unerwartete stoffliche Veränderungen erkennen zu können.

Die Zukunft wird es zeigen

Metabolomics wird zukünftig als ein weiteres leistungsfähiges Instrument bei der Qualitäts- und Sicherheitsbewertung von Lebensmitteln und bei der Erforschung ihrer Wirkung eine wichtige Rolle spielen. Aus diesem Grund werden Metabolomics-Methoden derzeit nicht nur in Forschungsinstituten, sondern auch von Lebensmittelüberwachungsbehörden und der Industrie etabliert. Grund genug, in der Ressortforschung ebenfalls die entsprechenden Weichen zu stellen, um gerüstet zu sein. Denn neben vielen Anwendungen in der Grundlagenforschung wird Metabolomics gerade in der Lebensmittelforschung einen hohen praktischen Nutzen haben.

Mögliche Anwendungen von Metabolom-Analysen sind in diesem Bereich vielfältig:

- Erfassung des Einflusses von Verarbeitungsprozessen und neuen Technologien auf die Inhaltsstoffe eines Lebensmittels
- Optimierung von Lagerungsbedingungen und Reifungsprozessen bei Früchten oder Fleisch und Fleischwaren
- Detektion von chemischen wie mikrobiellen Kontaminationen
- Vergleich von Anbaubedingungen, z. B. ökologisch oder konventionell, um Nachweismethoden zu entwickeln
- Unterscheidung und Charakterisierung von Sorten, z. B. um Züchtungen zu optimieren
- detaillierte Analyse der Auswirkungen genetischer Modifikationen von Nutzpflanzen auf das Profil der Inhaltsstoffe
- Prüfung der Authentizität von Lebensmitteln

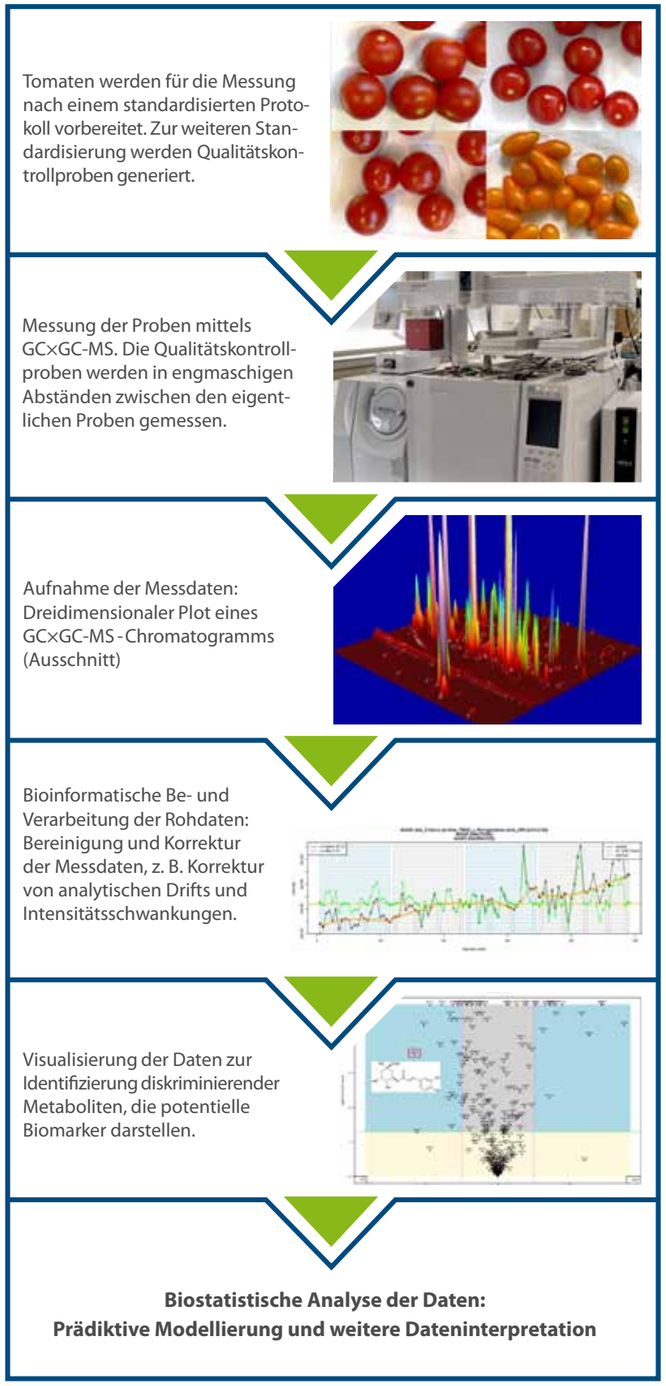


Abbildung 1: Workflow einer Metabolom-Analyse: Von der Probenvorbereitung bis zur statistischen Analyse ist jeder Schritt bedeutend.

Abbildung 2: Wachstum des Schadpilzes *Alternaria alternata* auf den Tomatensorten Resi (oben) und Schmucktomate (unten).

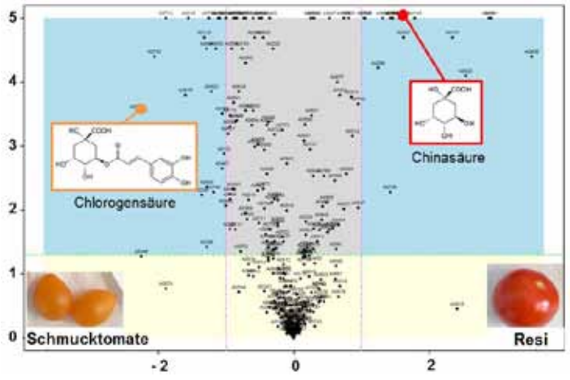


Abbildung 3: Vergleich der Metabolitenprofile der Sorten Schmucktomate und Resi mittels eines Volcano-Plots. Signifikante, sortenabhängige Unterschiede in der Konzentration von Metaboliten, die charakteristischen Verbindungen (jeder Punkt symbolisiert einen Metaboliten) liegen in den hellblauen Feldern. Für die Sorten Schmucktomate und Resi waren dies u. a. die Verbindungen Chlorogensäure und Chinasäure.

Ergebnisoffene Analytik

Metabolom-Analysen (Abb. 1) ermöglichen es, durch die ergebnisoffene Herangehensweise neue Arbeitshypothesen zur Beantwortung einer Fragestellung zu generieren. Dies soll am Beispiel der unterschiedlichen Resistenz von Tomatensorten gegenüber dem Befall mit dem Schadpilz *Alternaria alternata* gezeigt werden.

Unterschiedliche Pilzresistenz von Tomatensorten

Alternaria alternata ist ein Schadpilz, der häufig auf Tomaten vorkommt und das Pilzgift (Mykotoxin) Alternariol bildet. Tomatenprodukte enthalten daher häufig geringe Mengen dieses Mykotoxins. Die Züchtung resistenter Sorten ist daher im Sinne des Verbraucherschutzes von Bedeutung.

Vor diesem Hintergrund startete das MRI ein Kooperationsprojekt mit den Universitäten Göttingen und Hohenheim. Von den Kooperationspartnern wurden ausgewählte Tomatensorten im Freiland angebaut, die im MRI hinsichtlich ihrer Pilzresistenz untersucht wurden. Nach Beimpfen der Tomaten mit dem Pilz, zeigten sich große Unterschiede hinsichtlich der Widerstandsfähigkeit der Tomatensorten. So konnte der Pilz auf den Früchten der Sorte Schmucktomate nur langsam wachsen, während die rote Sorte Resi schnell besiedelt wurde. Außerdem ließen sich deutlich höhere Mengen des Mykotoxins Alternariol nachweisen (Abb. 2).

Zur Charakterisierung der Tomatensorten wurde eine zweidimensionale gaschromatographische Analyse mit massenspektrometrischer Detektion (GC×GC-MS) durchgeführt und hierbei 267 Metaboliten erfasst. Die Metabolitenprofile der Sorten Resi und Schmucktomate wurden statistisch miteinander verglichen. Welche Inhaltsstoffe die beiden Sorten unterscheiden und welche für die Pilzhemmung verantwortlich sein könnten, zeigt Abb. 3. Ein Unterschied war besonders markant: Während die Früchte der resistenteren Schmucktomate größere Mengen des sekundären Pflanzeninhaltsstoffs Chlorogensäure enthielten, wurde in den Früchten der empfindlichen Sorte Resi vor allem die biosynthetische Vorstufe der Chlorogensäure, die Chinasäure, in höheren Mengen nachgewiesen.

Auf Basis dieser Ergebnisse wurde die Hypothese aufgestellt, dass Chlorogensäure für die Resistenz von besonderer Bedeutung ist. In nachfolgenden Experimenten wurde bestätigt, dass Chlorogensäure im Gegensatz zu Chinasäure stark pilzhemmend wirkt. Weitere Analysen verdeutlichten, auf welchem Wege Chlorogensäure das Pilzwachstum und die Bildung des Pilzgiftes Alternariol hemmt (Abb. 4): Chlorogensäure unterbindet die Bildung des Enzyms Polyketidsynthase, welches der Pilz für die Biosynthese von Alternariol benötigt. Zudem fördert Alternariol bei *Alternaria alternata* die Besiedelung und das Wachstum des Pilzes auf der Tomate. Der Pilz bildet in Gegenwart von Chlorogensäure nur wenig Alternariol und wächst infolgedessen langsam. Trotzdem zeigt sich bei der Schmucktomate keine vollständige Resistenz. Der Pilz wird durch hohe Chlorogensäurekonzentrationen angeregt, Enzyme zum Abbau der Chlorogensäure zu bilden.

Das Beispiel zeigt, dass ungerichtete Metabolom-Analysen ein wichtiges Werkzeug sind, um Unterschiede in biologischen Systemen zu erfassen und Metaboliten mit besonderer Relevanz, sei es als Marker für eine biologische Funktion oder als Marker einer unerwünschten Veränderung, zu identifizieren. In unserem Projekt konnten grundlegende mechanistische Einblicke in die Interaktionen zwischen Pflanzen und Schadpilzen gewonnen werden. Auf dieser Basis können resistentere Sorten gezüchtet werden, um Ernteausfälle zu minimieren und die Mykotoxinbelastung pflanzlicher Lebensmittel zu verringern.

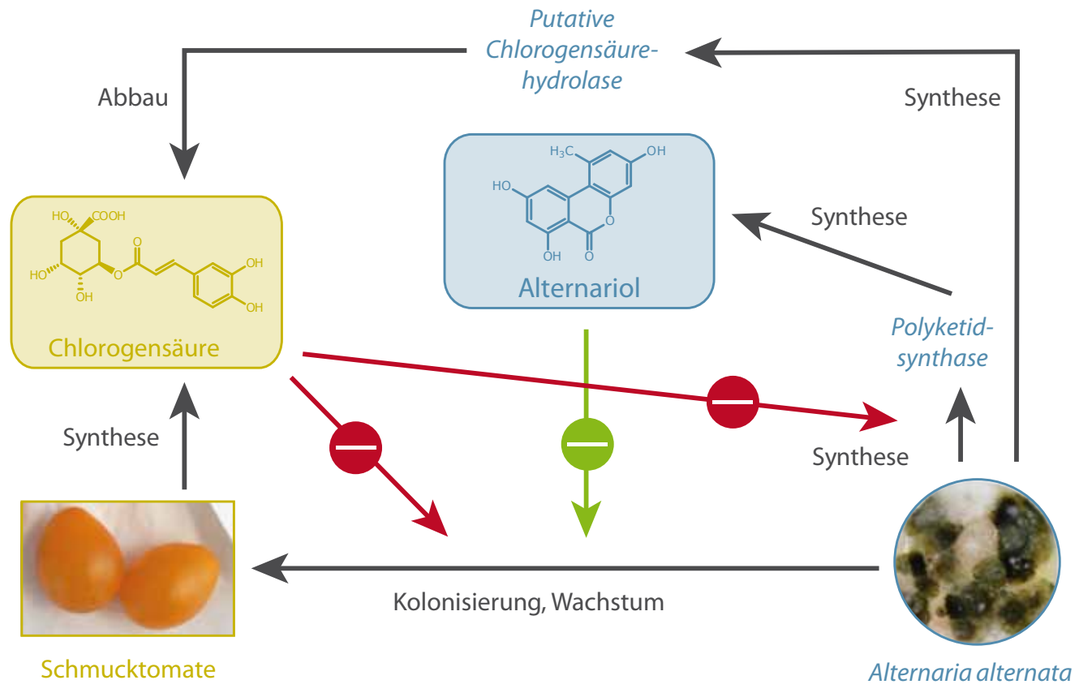


Abbildung 4: Mechanismus der pilzhemmenden Wirkung von Chlorogensäure sowie der Gegenmaßnahmen des Pilzes zur Beseitigung dieser pilzhemmenden Verbindung. Hemmende und fördernde Wirkungen sind durch rote bzw. grüne Pfeile gekennzeichnet.

Metabolom-Analysen sind umso aussagekräftiger, je repräsentativer das jeweilige Metabolom erfasst werden kann. Die große Anzahl an Verbindungen (mehrere Tausende), die unterschiedlichen physikochemischen Eigenschaften sowie hohe Konzentrationsunterschiede im Vorkommen der Metabolite machen es erforderlich, verschiedene Analysentechniken kombiniert anzuwenden.

Metabolom-Analysen am MRI

Am MRI wurde aus diesem Grund eine analytische Plattform etabliert: Neben der bereits routinemäßig genutzten GC×GC-MS-Methode, wird in Kooperation mit dem Karlsruher Institut für Technologie auch die Kernspinresonanz (NMR)-Spektroskopie für die ungerichtete Analytik eingesetzt. Gerichtete Methoden aus der klassischen Analytik sind dabei eine wichtige Ergänzung.

Für jede Art von Lebensmitteln, seien es pflanzliche oder tierische, aber auch für sonstige biologische Materialien wie Plasma oder Urin aus Tierstudien oder humanen Interventionsstudien steht die Plattform zur Verfügung. Neben ihrem Einsatz im Bereich der Lebensmittel wird sie auch in der Ernährungsforschung genutzt, um besser zu verstehen, wie Lebensmittel oder einzelne Inhaltsstoffe wie bei Nahrungsergänzungsmitteln im menschlichen Körper wirken. Metabolomics ist ein vielseitiges und effektives Werkzeug, auf das die Ressortforschung künftig nicht mehr verzichten kann.

MRI
Max Rubner-Institut

Prof. Dr. Sabine E. Kulling, Dr. Christoph Weinert, Prof. Rolf Geisen, Prof. Bernhard Watzl, Prof. Gerhard Rechkemmer
Max Rubner-Institut, Karlsruhe

E-Mail: Sabine.Kulling@mri.bund.de

Energieholzproduktion im Agroforstsystem

Wann lohnt sich ein solches System?

Die Bedeutung nachwachsender Rohstoffe nimmt in der Landwirtschaft stetig zu. Die Bundesregierung hat sich zum Ziel gesetzt, im Jahr 2035 zwischen 55 und 60 Prozent des Stroms aus erneuerbaren Energien zu erzeugen. Agroforstsysteme mit Energieholzstreifen liefern zum einen erneuerbare Energie aus Biomasse, zum anderen erhöhen sie die strukturelle Vielfalt in der Landschaft, bieten vielen Tierarten neuen Lebensraum sowie einen Windschutz für angrenzende Ackerkulturen. Mit der Reform der Gemeinsamen Agrarpolitik ist jeder landwirtschaftliche Betrieb verpflichtet, ab 2015 fünf Prozent seiner Ackerfläche als ökologische Vorrangfläche auszuweisen, wobei Energieholzstreifen als Vorrangfläche anerkannt werden. Daher leisten diese Anbausysteme einen Beitrag zur Erfüllung von energie- und umweltpolitischen Zielen.

Agroforstsysteme sind Anbausysteme, die Bäume und Ackerkulturen auf einer Fläche kombinieren. Eine besondere Form dieses Systems ist das „Alley-Cropping"-System, in dem Baumstreifen und Ackerstreifen linienförmig nebeneinander angelegt sind. Die neu in die Landschaft eingebrachte Struktur kann verschiedene Funktionen erfüllen, zum Beispiel die Förderung der Biodiversität oder den Erosions- und Klimaschutz. Die Baumstreifen können mit schnellwachsenden Gehölzen wie Pappeln zur Energieerzeugung bepflanzt und extensiv bewirtschaftet werden. Dieses System bringt

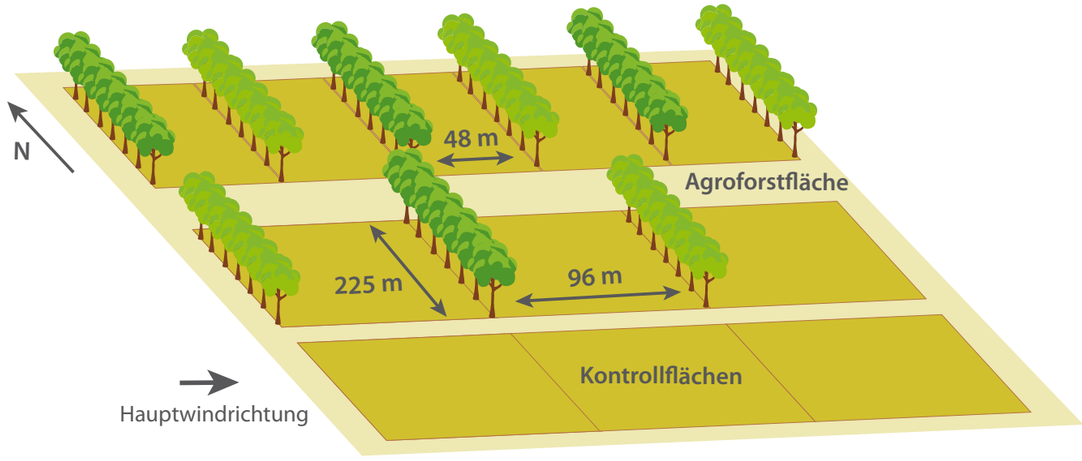


Abbildung 1: Skizze der Versuchsanlage in Wendhausen; dunkelgrün sechsjähriger, hellgrün dreijähriger Erntezyklus

daher auch eine neue Einkommensquelle für den Landwirt, da die Nahrungsmittelproduktion auf der landwirtschaftlichen Fläche weiterhin stattfindet. Frühere Studien zur Windschutzwirkung von Hecken haben gezeigt, dass der Ertrag der Ackerkulturen durch die Windreduzierung steigt.

Vom Versuch in die Praxis

Seit 2008 beschäftigen sich Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler des Julius Kühn-Instituts (JKI) im Projekt AgroForstEnergie zur Bewertung von Agroforstsystemen mit der Produktion von Energieholz. Die Versuchsfläche befindet sich in Wendhausen (Landkreis Helmstedt, Niedersachsen). Hier wurde die Produktivität von verschiedenen Gestaltungsvarianten zwischen 2008 und 2013 untersucht: zwei Ackerbreiten und zwei Erntezyklen der Baumstreifen (Abb. 1). Die Ergebnisse liefern erste Hinweise über Vor- und Nachteile der einzelnen Gestaltungsmöglichkeiten von Agroforstsystemen mit Energieholzproduktion für die landwirtschaftliche Praxis.

Allgemein lohnt sich die Agroforstbewirtschaftung in Deutschland auf großen, betriebsnahen Flächen in Betrieben mit eigener Energieversorgung, so sind die Fahrtwege möglichst kurz. Dies spart besonders während der Holzernte Kosten ein. Wenn der Betrieb das Holz nicht selbst energetisch verwertet, sollte sich in der Anbauregion ein Energieholzabnehmer befinden. Dadurch werden die Transportkosten reduziert, die aufgrund des Gewichts von Holz mit über 50 Prozent Wassergehalt relativ hoch sein können.

Himmelsrichtung wichtig für den Windschutz

Die Hauptwindrichtung in unseren Regionen ist West. Daher wird empfohlen, die Baumstreifen in Nord-Süd-Richtung anzulegen, um optimierte Windschutzbedingungen zu erreichen. Die Anzahl der Baumstreifen ist abhängig von der Form und Geometrie des Feldes. Um einen effektiven Windschutz für die gesamte Parzelle zu erhalten, müssen mindestens zwei Baumstreifen gepflanzt werden.

In dieser Gestaltung wird morgens die Luv-Seite (windzugewandte Seite) und nachmittags die Lee-Seite (windgeschützte Seite) beschattet. Dementsprechend sind die klimatischen Bedingungen in der Nähe der Baumstreifen modifiziert. An klaren, sonnigen Sommertagen erwärmt sich der schattige Luv-Bereich der Ackerstreifen nur langsam, während sich die Lee-Seite aufgrund der Sonneneinstrahlung bereits am Vormittag schnell erwärmt. Westliche Winde werden durch die Baumstreifen bis etwa 20 Meter ins Feld gebremst (fünf Mal Heckenhöhe), sodass die kühlende Wirkung auf der Lee-Seite ebenfalls entfällt. Nachmittags wird die Lee-Seite beschattet und die Luv-Seite kann sich durch die Sonneneinstrahlung erwärmen. Temperaturmessungen im Rahmen von AgroForstEnergie haben gezeigt, dass sich die Windschutzzone nicht so stark abkühlt wie der Luv-Bereich, was für beide Kulturen in diesem Bereich von Vorteil ist (Abb. 2).

Die Ackerflächen

Der Abstand zwischen zwei Baumstreifen ist als Vielfaches der größten Maschinenarbeitsbreite zu wählen. Besitzt zum Beispiel ein Betrieb einen Mähdrescher von sechs Metern Arbeitsbreite und einen Düngerstreuer von 24 Metern, so müssen die Abstände zwischen zwei Baum-

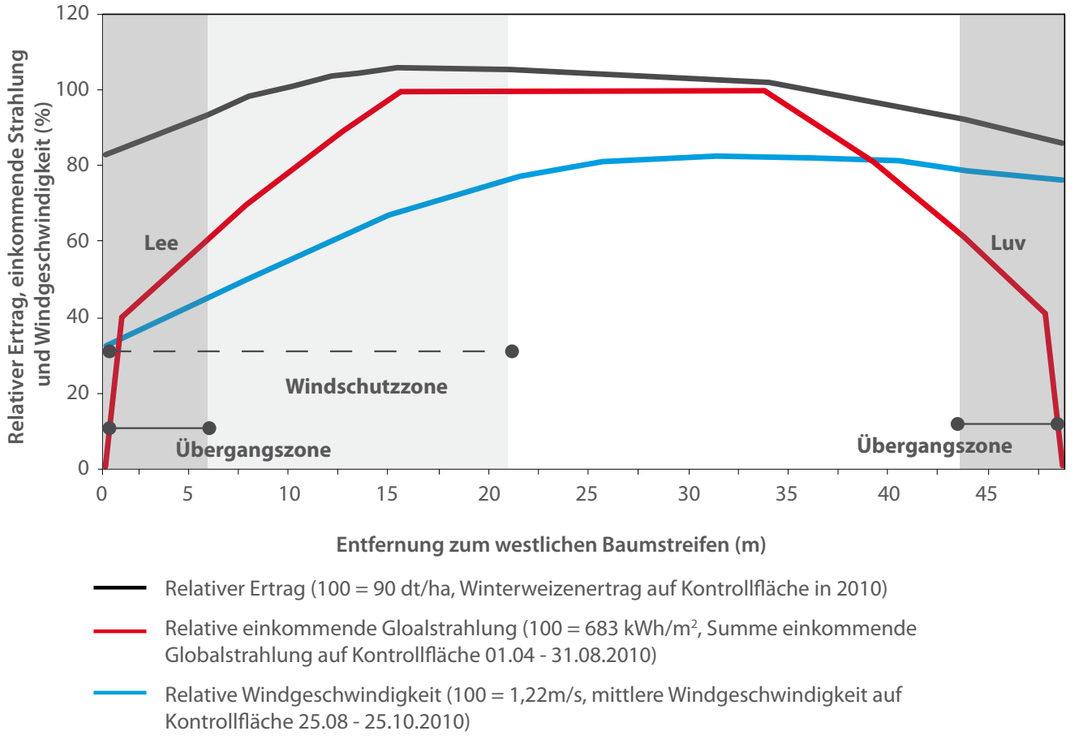


Abbildung 2: Verlauf des relativen Ertrags des Winterweizens, der relativen einkommenden Globalstrahlung und der relativen Windgeschwindigkeit vom westlichen Baumstreifen zum östlichen Baumstreifen in 2010. Die Baumhöhe beträgt 4,5 Meter.

streifen 48, 72, 96 Meter oder größer sein. Aber um einen effektiven Windschutz zu gewährleisten darf dieser Abstand das 25-Fache der Heckenhöhe nicht überschreiten. Wenn die Pappeln im Kurzumtrieb, wie in unserem Versuch, im Durchschnitt über die Standzeit von drei Jahren eine Höhe von vier Metern erreichen, sollte die maximale Ackerbreite also nicht größer als 100 Meter sein.

In den Lee- und Luv-Übergangszonen werden die Ackerkulturen von den Bäumen beschattet und müssen um die Ressourcen Wasser, Nährstoffe und Raum konkurrieren. In diesem Bereich, der bis ungefähr fünf Meter ins Feld hineinreicht (Abb. 2), wachsen die Ackerkulturen in geringerer Dichte und sind kleiner als in weiterer Entfernung der Baumstreifen. Im Getreide befinden sich in dieser Zone mehr Blattläuse und die Pflanzen weisen niedrigere Erträge und erhöhte Kornfeuchtigkeit bei der Ernte auf. Allerdings wurde kein erhöhter Krankheitsbefall in der Nähe der Baumstreifen beobachtet. Aufgrund dieser Ertragsdepression der Ackerkulturen in diesem Bereich und um den Arbeitsaufwand erträglich zu halten, sollte die Breite der Ackerstreifen nicht zu gering (mindestens 40 Meter) gewählt werden.

Um den Windschutz so wie die Produktivität der Ackerkulturen zu optimieren, sollte die Ackerfläche eine Breite zwischen 40 und 100 Meter haben. Die genaue Breite wird an der Arbeitsbreite der landwirtschaftlichen Maschinen bzw. an der Geometrie des Feldes und Anzahl der Baumstreifen angepasst. Ergebnisse aus dem Projekt haben gezeigt, dass keine Ertragsunterschiede zwischen einem Feld mit 48 Metern und einem mit 96 Metern Abstand entstehen.

Die Baumstreifen

Ergebnisse aus einer reihenspezifischen Ernte der Baumstreifen zeigten, dass die Bäume in den Randreihen, insbesondere im windgeschützten Bereich eine höhere Produktivität aufweisen als im mittleren Bereich. Aufgrund der erhöhten Verfügbarkeit von wichtigen Wachstumsfaktoren wie Platz, Licht und Wasser weisen die Pappeln am Rand größere Durchmesser, mehr Triebe und einen höheren Verästelungsgrad auf. Für die Baumstreifen wird empfohlen wenige (zwei bis drei) Baumreihen anzulegen, um die Produktivität zu erhöhen, aber mindestens zwei, um den Windschutz zu garantieren.

Abbildung 3: Häcksler bei der Ernte der Baumstreifen. 152 Tonnen Hackschnitzel mit einem Wassergehalt von ca. 55 % wurden auf der 18 ha großen Agroforstanlage (1,9 ha Baumstreifen) in Wendhausen im Januar 2014 geerntet. Das Holz wurde in einem 7 km entfernten Biomasseheizkraftwerk in Braunschweig zur Wärmeerzeugung verwendet. Die Menge reichte für 500 Megawattstunden, damit können etwa 375 Drei-Personen-Haushalte einen Monat lang mit Fernwärme versorgt werden.

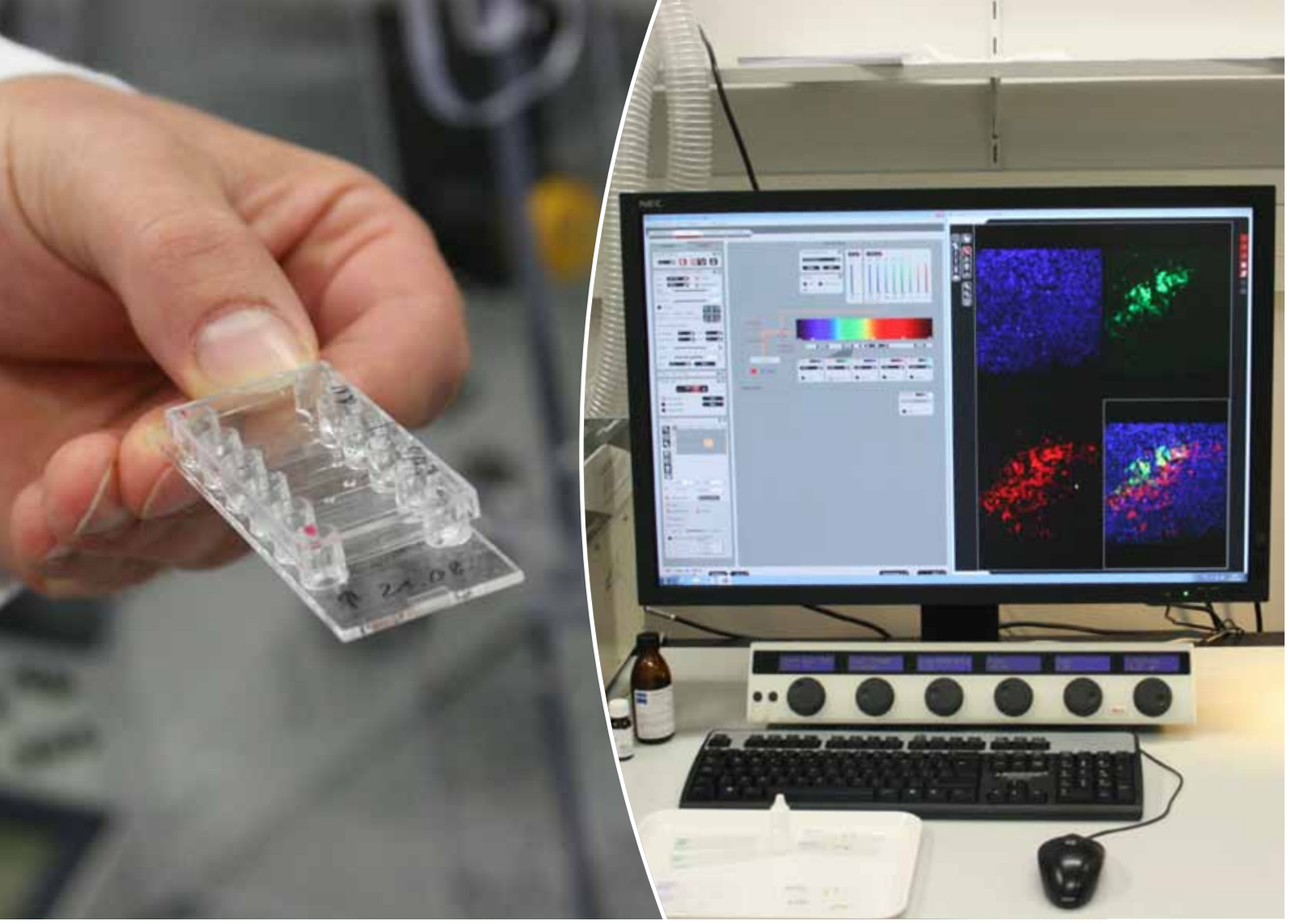
Die Länge des Erntezyklus (auch Rotationszyklus genannt) steuert direkt die Höhe der Bäume in den Streifen. Die Höhe bestimmt wiederum die Größe der beschatteten Fläche und der Windschutzzone. In der Regel werden Pappeln zur Energieholzproduktion alle drei bis fünf Jahre geerntet. Es wird hier empfohlen einen kurzen Erntezyklus zu wählen (maximal drei Jahre), um die Höhe der Baumstreifen zu begrenzen. Regelmäßige Ernten verhindern, dass eine zu große Konkurrenz zwischen den einzelnen Baumreihen innerhalb eines Streifens entsteht. Außerdem haben unsere Ergebnisse gezeigt, dass Baumstreifen mit dreijährigen Erntezyklen in der zweiten Rotation ähnliche Biomasseerträge wie Baumstreifen mit einem sechsjährigen Umtrieb in der ersten Rotation aufweisen. Darüber hinaus vereinfachen kurze Erntezyklen die Ernte, da die Häcksler in der Regel nur bei Wurzelhalsdurchmessern kleiner als 20 Zentimetern eingesetzt werden können.

Nicht für alle Flächen empfehlenswert

Agroforstwirtschaft ist nicht auf jedem Schlag lukrativ und die Umsetzung muss gut überlegt werden. Die Anzahl der Baum- und Ackerstreifen sowie die Breite der Ackerstreifen sind abhängig von der Arbeitsbreite der Maschinen, der Form und Größe des Feldes. Von Fall zu Fall muss ein Kompromiss gefunden werden zwischen einer hohen Anzahl an Baumstreifen mit wenigen Reihen einerseits und einer ausreichenden Breite der Ackerstreifen andererseits. So wird der Anteil an Grenzbereichen zwischen Baum- und Ackerstreifen verträglich gehalten. Auch wenn Agroforstsysteme nicht unbedingt einen ökonomischen Mehrwert bringen, fördern sie doch die Diversifizierung des landwirtschaftlichen Einkommens sowie die strukturelle Vielfalt in der Agrarlandschaft mit positiven Folgen für Agrarökosysteme. Das Einbringen dieses neuen Lebensraums in die Landschaft hat sich z. B. auf der Versuchsfläche in Wendhausen positiv auf die Revieranzahl verschiedener Brutvogelarten ausgewirkt. Durch den Windschutz können Agroforstsysteme den Bodenabtrag infolge von Winderosion vermindern.

Justine Lamerre, Dr. Maren Langhof, Dr. Kai-Uwe Schwarz und Prof. Dr. Jörg-Michael Greef,
Julius Kühn-Institut,
Institut für Pflanzenbau und Bodenkunde, Braunschweig

E-Mail: justine.lamerre@jki.bund.de



Den Viren auf der Spur

Hochauflösende Mikroskopie in der Zelle

Wir besuchen die älteste virologische Forschungsstätte der Welt. Sie wurde 1910 von Friedrich Loeffler aufgebaut und ist heute Hauptstandort des gleichnamigen Bundesforschungsinstituts für Tiergesundheit (Friedrich-Loeffler-Institut, FLI). Bei bestem Wetter kommen wir auf der Insel Riems im Greifswalder Bodden an. Im Institut für molekulare Virologie und Zellbiologie des FLI werden wir von PD Dr. Stefan Finke empfangen. Uns führt eine besonders interessante Methode, mit der die Forscherinnen und Forscher den Weg von Viren in lebenden Zellen verfolgen können, auf die Insel. Gemeint ist die „Hochauflösende Lebendzell Video-Mikroskopie“.

„Wir möchten die Krankheitserreger und die von ihnen ausgehenden Risiken verstehen, um sie gezielt bekämpfen zu können.“, erklärt uns Stefan Finke zu Beginn unseres Rundgangs. Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler erforschen hier im Labor Infektionsstrategien von Viren und beschäftigen sich mit Fragen wie: „Wie gelangt das Virus vom Ort der Infektion zum Zielort, zum Beispiel dem Gehirn oder andere Organen?“ oder „Welche Zellen werden dann im Gehirn infiziert?“ An ausgewählten, veterinärmedizinisch relevanten Viren werden die Erreger-Wirtszell-Interaktionen untersucht.

Und so funktioniert‘s

Im Labor erläutert uns Stefan Finke die Funktionsweise der angewendeten optischen Methode. Bei der Laserscanning Fluoreszenzmikroskopie regen ein oder mehrere Laser durch Licht aktivierbare Fluorophore an. Das können sowohl fluoreszierende Substanzen als auch fluoreszierende Proteine sein. „Auf Basis des grün fluoreszierenden Proteins einer Qualle (*Aequorea victoria*) und anderer natürlich vorkommender Fluoreszenzproteine wurden in den letzten Jahren unterschiedlichste und in verschiedenen Farben fluoreszierende Proteine entwickelt.“, erklärt Stefan Finke. „In Kombination mit Proteinen in Viren oder Zellen können die auf diese Weise „fluoreszenzmarkierten“ Proteine und Proteinkomplexe direkt unter dem Fluoreszenzmikroskop in lebenden Zellen untersucht werden.“ Dabei werden die Präparate kontinuierlich mit Laserlicht bestrahlt und so die fluoreszierenden Proteine angeregt. Die zeitgleiche Detektion des freigesetzten Fluoreszenzlichtes ermöglicht die schnelle Lokalisation der Fluorophore im dreidimensionalen Raum der Zellen. Entsprechend können dynamische Vorgänge bzgl. des intrazellulären Transportes von Proteinen, Proteinkomplexen oder vollständigen Viren über die Zeit visualisiert und in deren Dynamik analysiert werden.

Die Kombination der konfokalen Laserscanmikroskopie, bei der Streulicht durch eine winzige Lochblende abgefangen wird und nur Lichtsignale aus dem scharf abgebildeten Bereich der Probe zum Detektor durchgelassen wird, mit sehr schnellen und extrem sensitiven Scanverfahren, bei denen einzelne Photonen detektiert werden können, ermöglicht „Live Virus Imaging“ in Echtzeit.

„Wir messen optische Ebenen mit Schichtdicken von 0,7 Mikrometern. Streulicht aus anderen Ebenen wird blockiert.“, beschreibt Stefan Finke. „Das Licht um den fokussierten Lichtpunkt gelangt zum Detektor und es entstehen optische Schnittbilder mit hohem Kontrast und einer optischen Auflösung von ca. 180 Nanometern. Bildpunkte, die weiter als 180 Nanometer voneinander entfernt sind, werden als zwei individuelle Punkte wahrgenommen. Oft werden mehrere optische Ebenen umfassende Bildstapel aufgenommen, die mit speziellen Computerprogrammen zu 3D-Animationen rekonstruiert werden können und so einen dreidimensionalen Einblick in die Struktur einer Zelle erlauben.“

Die Auflösungsgrenze optischer Mikroskope lag lange Zeit knapp unterhalb von 200 Nanometer. Der Physiker Ernst Abbe begründete 1873 diese untere Grenze mit der Wellenlänge des sichtbaren Lichtes. Sobald der Abstand zweier Objekte kleiner ist als die halbe Lichtwellenlänge, kann das Auge sie aufgrund der Beugung des Lichtes nicht mehr voneinander unterscheiden. Sie verschwimmen zu einem Objekt. Neue Entwicklungen in der Fluoreszenzmikroskopie führten in den letzten Jahren zur Entwicklung von „Superresolution“-Mikroskopen, mit denen die Auflösungsgrenze in der Lichtmikroskopie auf ca. 30 Nanometer reduziert wurde. Für die Entwicklung der „Superresolution“-Mikroskopie und deren Nutzen für die Bearbeitung zellbiologischer Fragen gab es in diesem Jahr den Nobelpreis für Chemie für einen deutschen und zwei amerikanische Forscher. Entsprechende Mikroskope werden von Partnern des FLI, wie der Tel Aviv Universität, betrieben und innerhalb von Kooperationen genutzt.

Der Trick mit der Fluoreszenz

„Um die Wege von Viren in lebenden Zellen verfolgen zu können, werden sie zunächst genetisch so verändert, dass sie fluoreszenzmarkierte Proteine produzieren. Mit Lasern bestimmter Wellenlänge werden diese photoaktivierbaren Proteine dann angeregt und leuchten. So werden die Viren sichtbar gemacht.“, zeigt uns der begeisterte Virologe auf einem Bildschirm (Abb. 1).

info

invasive Methoden = zerstörende Methoden

Zerstören die Gewebe oder Untersuchungsobjekte, um z. B. nachzuweisende Stoffe in Agenzien zu lösen. Untersuchungsobjekte meist nur einmal verwendbar.
Beispiele:
Chemische Analyse von Inhaltsstoffen
ELISA-Test
DNA-Analysen

nicht-invasive Methoden = nicht-zerstörende Methoden

Indirekte Messung von physiologischen oder chemischen Eigenschaften; wirken von außen auf das Objekt ein und verletzen bzw. schädigen nicht; für Untersuchungen lebender Zellen geeignet
Beispiele:
Chlorophyllfluoreszenzanalyse
Spektroskopie in UV und sichtbaren (UV/VIS) Wellenlängenbereich sowie im Nahinfrarot (NIR)
Ultraschallmessung

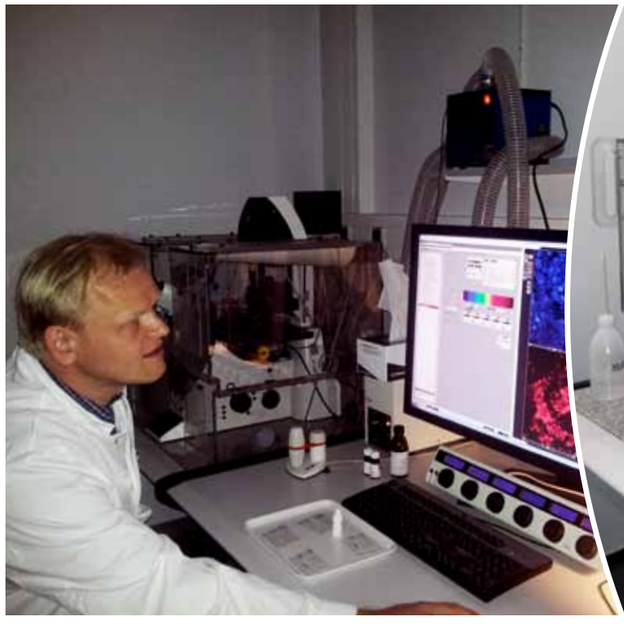


Abbildung 1: Auswertung am Monitor

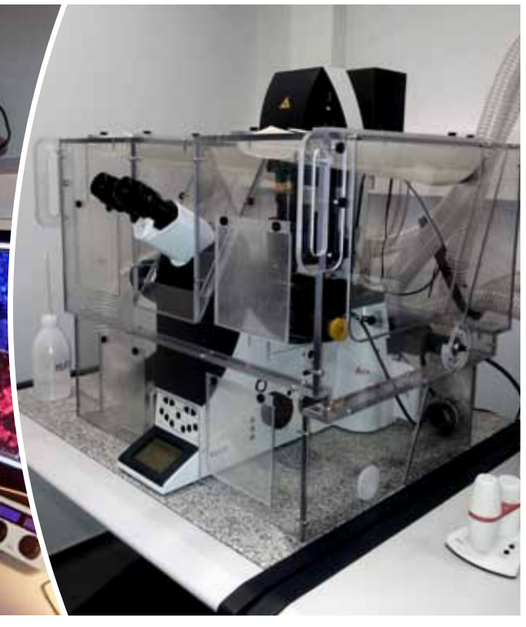


Abbildung 2: Inkubator

Das Tollwutvirus, mit dem sich die Forschergruppe von Stefan Finke überwiegend beschäftigt, ist stäbchenförmig, 160 Nanometer lang und 60 Nanometer im Durchmesser. „Es ist also etwas zu klein um direkt mit unserem Mikroskop gesehen zu werden.“, stellt Stefan Finke klar. „Durch die Fluoreszenzmarkierung leuchten die Viren allerdings mit einem Durchmesser von ungefähr 400 Nanometer und werden so für uns sichtbar. Beobachten wir die fluoreszierenden Viruspartikel in lebenden Zellen, sprechen wir auch gerne von „Live Virus Imaging““.

Bewegung der Viren in lebenden Zellen

Herkömmliche fluoreszenzmikroskopische Methoden oder elektronenmikroskopische Analysen, sind „invasive Methoden“. Hierbei werden die beobachtete Zielzelle und alle darin stattfindenden Prozesse fixiert. Beim Live Cell Imaging, als einer „nicht-invasiven“ Untersuchungsmethode, wirkt lediglich das Anregungslicht auf die Zelle ein. Zelltötende Präparationsschritte sind nicht notwendig. Durch die Verwendung von sehr sensitiven Photodetektoren und eine optimierte optische Ausstattung können Vorgänge in lebenden Zellen bei minimalem Anregungslicht untersucht werden, ohne dass phototoxische Effekte auf die Zelle zu erwarten sind.

„Wir versuchen Infektionsschritte in den lebenden Zellen direkt zu beobachten und dynamische Interaktionen mit Zellstrukturen aufzuklären. Da wir lebende Zellen untersuchen, müssen wir optimale Konditionen für sie unter dem Mikroskop schaffen“, erklärt Stefan Finke und weist auf ein durchsichtiges Gehäuse in dem sich das Live-Cell Mikroskop befindet (Abb. 2). „Die Zellen dürfen dabei nicht zerstört werden. Die Haube aus Plexiglas stellt einen Inkubator dar, in den 37 Grad Celsius warme Luft geblasen wird. So können wir die Temperatur optimal und konstant einstellen.“

Einige Viren haben erstaunliche Strategien entwickelt, um vom Ort der Infektion zum Gehirn zu gelangen. „Das Tollwutvirus nutzt Transportmechanismen innerhalb der Nervenbahnen, die wir noch nicht in allen Details kennen. Um diesen Mechanismen auf die Spur zu kommen, züchten wir in speziellen Objektkammern Nervenzellen, die quer durch die „Kammer“ hindurch Zellfortsätze (Axone) bilden. Diese lebenden Nervenzellen infizieren wir mit fluoreszenzmarkierten Viren und verfolgen dann unter dem Mikroskop ihre Bewegungen.“

Über die Geschwindigkeit der Bewegungen kann man sehen, welche Mechanismen beteiligt sind. Das Tollwutvirus bewegt sich sowohl anterograd – vom Zellkörper zum Ende des Axons – als auch retrograd also genau entgegengesetzt. Wobei der Transport vom Zellkörper weg mit ungefähr 3,4 Mikrometer pro Sekunde fast doppelt so schnell geht, wie in die andere Richtung. Für beide Transportrichtungen werden sogenannte Motorproteine

Abbildung 3: Weide Insel Riems

benutzt. „Die genaue Charakterisierung der Transportvorgänge ist für unsere Forschung besonders wichtig. Welche Zellstrukturen sind beteiligt oder ist das Virus sogar in der Lage, zelluläre Transportvorgänge für die eigene Ausbreitung zu manipulieren?“ Tatsächlich konnte die Arbeitsgruppe um Stefan Finke zusammen mit Kooperationspartnern in einem aktuellen Beitrag in der Zeitschrift PLOS Pathogens zeigen, dass das Tollwutvirus nicht nur die Motorproteine nutzt, sondern die Geschwindigkeit dieser Transportprozesse offensichtlich beeinflusst und so einen effizienteren Virustransport erzielt.

Grundlagenforschung für die spätere Impfstoffentwicklung

Die Lebendzell-Fluoreszenzmikroskopie ist eine wichtige Technologie zur Erforschung dynamischer Prozesse in Zellen. Insbesondere können Virusinfektionen und der Einfluss von Virus-Wirt-Interaktionen und deren Dynamik auf die Vermehrung der Krankheitserreger in Zellen, deren Ausbreitung im Organismus und auf die Fähigkeit, Krankheiten auszulösen einen entscheidenden Einfluß haben. Kenntnisse über diese Vorgänge können in Zukunft wichtige Grundlagen für die zielgerichtete Entwicklung von neuen Impfstoffen und für neuartige Ziele antiviraler Therapien sein.

Die Lebendzell-Mikroskopie allein reicht trotz ihrer vielfältigen Methoden nicht aus, komplexe Wirt-Virus-Interaktionen umfassend zu erforschen“, betont Stefan Finke. „Weitere Methoden wie die Massenspektrometrie als Nachweis- und Analysemethode für Proteine und Proteinkomplexe und Techniken zur gezielten Herstellung gentechnisch veränderter Virusmutanten sind für die Erforschung molekularer Virus-Wirt Interaktionen unabdingbar.“

Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler des FLI versuchen Synergieeffekte zwischen humanmedizinischer und veterinärmedizinischer Forschung zu schaffen und zu nutzen. Mit den verwendeten Infektionsmodellen werden Eigenschaften unterschiedlicher Viren verglichen und auf Basis dieser Untersuchungen neue Strategien im Bereich der angewandten Forschung ermöglicht. „Letztlich machen wir in unserem Labor Grundlagenforschung. Wir wollen verstehen, welche Eigenschaften der Viren die Krankheit auslösen. Haben wir diese Fragen geklärt, können wir sie gentechnisch verändern und gezielt abgeschwächte Viren mit verminderter Infektionskraft herstellen. Damit bereiten wir den Weg für die Impfstoffentwicklung oder die Herstellung von neuartigen Medikamenten.“

Für den ForschungsReport unterwegs waren Dr. Antje Töpfer und Dr. Michaela Nürnberg

FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT
FLI
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Federal Research Institute for Animal Health

PD Dr. Stefan Finke
Friedrich-Loeffler-Institut,
Institut für Molekulare Virologie und Zellbiologie,
Greifswald – Insel Riems

E-Mail: stefan.finke@fli.bund.de

Univ.-Prof. Dr. med. Gilbert Schönfelder

Facharzt für Pharmakologie und Toxikologie sowie für Klinische Pharmakologie.
Abteilungsleiter der Abteilung Experimentelle Toxikologie und ZEBET und W3 Professur für Experimentelle Toxikologie und Alternativen zum Tierversuch an der Charité-Universitätsmedizin Berlin.

Für mehr Tierschutz

Alternativen für Tierversuche

FoRep: In der Abteilung „Experimentelle Toxikologie und ZEBET" arbeiten Toxikologen eng mit dem seit über zwei Jahrzehnten etablierten Bereich der Zentralstelle zur Erfassung und Bewertung von Ersatz- und Ergänzungsmethoden zum Tierversuch (ZEBET) am Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) zusammen. Prof. Schönfelder, Sie leiten die Abteilung ZEBET. Warum gehören Toxikologen genau an diese Stelle?

Prof. Dr. Gilbert Schönfelder: Etwa neun Prozent der Tierversuche in Europa werden in der Toxikologie durchgeführt. Es geht um die Risikobewertung von Stoffen und den Einsatz von solchen Methoden, sowohl bei der Chemikalienbewertung als auch in der Arzneimittelzulassung. Von der Ausbildung her bin ich Arzt und habe die Facharztausbildung für Pharmakologie und Toxikologie, aber auch für Klinische Pharmakologie. Als Pharmakologe und Toxikologe hat man Erfahrung mit Tierversuchen und meine Ausbildung befähigt mich insbesondere zu dem Thema Alternativmethoden auch etwas sagen zu können. Es ist wichtig, dass man aus dem Gebiet kommt und die Kernthemen identifiziert. Forschung zu Alternativen zum Tierversuch bedeutet, dass man zunächst überlegt, wo werden Tierversuche eingesetzt?

Wir dürfen natürlich nicht vergessen, dass der Großteil der Tierversuche (etwa 45 Prozent) im Bereich der biomedizinischen Grundlagenforschung durchgeführt wird. Als Forscher an universitären Einrichtungen bin ich vertraut mit der Grundlagenforschung, verstehe die Probleme, weshalb es so schwierig ist Alternativ- und Ersatzmethoden zum Tierversuch zu entwickeln. Letztlich sollen dort alle Tierversuche ersetzt werden. Darum ist an der Stelle die interdisziplinäre Zusammenarbeit zwischen der Grundlagenforschung und Wissenschaftlern auf dem Gebiet der Alternativmethoden wichtig. Dieser translationale Ansatz ist für die Arbeit des BfR von großer Bedeutung. Medizinischer Sachverstand und fachliches Hintergrundwissen wird hier zusammengebracht.

Es gab den Trend, dass immer weniger Mediziner im Bereich der Toxikologie versiert waren, dafür aber immer mehr Naturwissenschaftler. Wenn es aber um die Wirkung einer Substanz im Organismus geht, dann liegt der Fokus nicht mehr allein auf der Betrachtung des Moleküls. Da ist es entscheidend zu verstehen, wie Krankheiten entstehen, wie überhaupt der Mensch als Organismus funktioniert und wie der Wirkstoff in ihm arbeitet.

FoRep: Die ZEBET erforscht, entwickelt und validiert im eigenen Labor Alternativmethoden nach dem 3R Prinzip …

Prof. Dr. Gilbert Schönfelder: Das Drei-R-Prinzip bedeutet: REPLACEMENT, also der komplette Ersatz von Tierversuchen durch Alternativmethoden; REDUCTION, die Anzahl der Tiere zu reduzieren; REFINEMENT, das Vermeiden von Schmerz und Leiden beim Tier im Versuch. In allen drei Bereichen können wir Fortschritte machen. Seit Jahren engagieren wir uns intensiv auf dem Gebiet der Forschung zum Replacement und der Reduction. Die Wissenschaftler der ZEBET haben eine große wissenschaftliche Reputation. Im Labor entwickeln sie Ersatzmethoden für die Toxikologie und zunehmend Alternativmethoden für die Grundlagenforschung, z. B. mit Projekten in den Neurowissenschaften und der Entwicklungsbiologie.

„Das Angebot, dass wir der Bevölkerung jetzt machen können, ist völlig neu: Jeder kann sich nun informieren und recherchieren . "

Die ZEBET forscht auch auf dem Gebiet der Informationswissenschaften. Es werden neue Suchstrategien zu Alternativ- und Ersatzmethoden zum Tierversuch entworfen. Es soll eine neue Internet-basierte Suchmaschine entstehen, die dem Anwender helfen wird, schneller, zuverlässiger und gewichtet Alternativ- und Ersatzmethoden zum Tierversuch weltweit zu finden.

Bei der Forschung nach dem 3R-Prinzip dürfen wir aber nicht das dritte R „das Refinement" vergessen. Wenn Tierversuche durchgeführt werden, dann entstehen Schmerzen und Leiden bei den Tieren mit unterschiedlichem Schweregrad und Belastungen. Das wollen wir nicht. Daher muss dafür gesorgt werden, dass es dem Tier im Moment des Versuchs so gut wie möglich geht. Das bedeutet beispielsweise den Eingriff und die Techniken des Eingriffs verbessern und auf der anderen Seite den Tieren Schmerzmedikamente geben. Das klingt alles sehr trivial. Die Erfahrung lehrt uns aber, wie kompliziert eine optimale Schmerztherapie bei Versuchstieren ist. Diese medikamentöse Therapie soll Schmerzen beim Tier lindern, darf aber gleichzeitig den Versuch nicht stören oder behindern. Stört oder behindert sie, sind die Versuchsergebnisse qualitativ und quantitativ nicht aussagekräftig genug. Folglich müssten die Tierversuche eventuell wiederholt werden. Wenn wir Methoden entwickeln, mit deren Hilfe wir vorschlagen können, welches der Schmerzmittel in welcher Dosierung für welche der einzelnen Fragestellungen am besten einsetzbar ist, hilft das dem Experimentator, Schmerzen und Leiden im Versuch zu senken und gleichzeitig die Zahl der Tierversuche deutlich zu reduzieren.

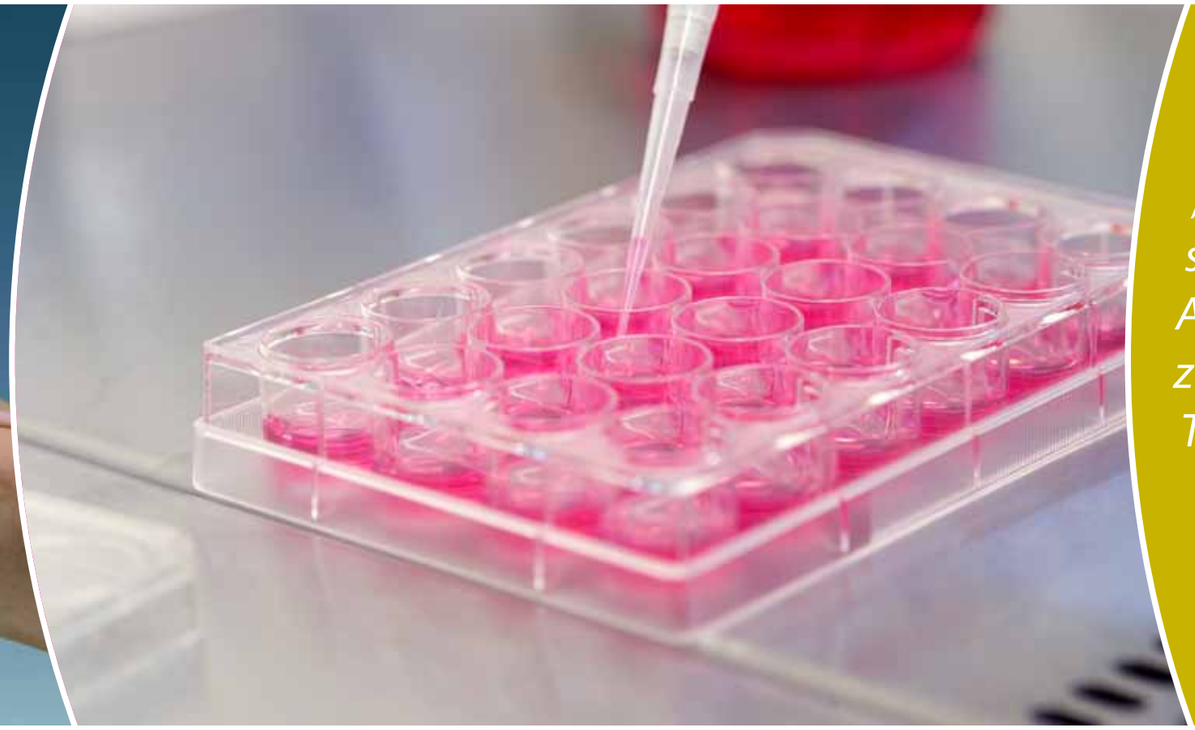
FoRep: Mit der Novellierung des Tierschutzgesetzes im August 2013 sind neue Aufgaben hinzugekommen. Welche?

Prof. Dr. Gilbert Schönfelder: Meine Abteilung als ausführende Abteilung im BfR hat vier Kernaufgaben zu erfüllen. Das ist erstens die Veröffentlichung der nicht-technischen Projektzusammenfassung.

Mit der Novellierung der europäischen Direktive zum Tierschutz und der Umsetzung ins deutsche Gesetz sind die Mitgliedstaaten in Europa verpflichtet, die Öffentlichkeit aufzuklären zu welchem Zweck Tiere im Versuch eingesetzt werden. In allgemeinverständlicher Sprache muss gezeigt werden, warum, zu welchem Zweck und an welchem Tier ein Tierversuch durchgeführt wird und was die potentielle Belastung für das Tier ist. Diese nichttechnische Projektzusammenfassung muss das BfR, für alle Tierversuche, die in Deutschland stattfinden veröffentlichen. Dabei muss das geistige Eigentum und personenbezogene Angaben geschützt werden. Es gilt zu vermeiden, dass sich andere Länder Wettbewerbsvorteile verschaffen können. Im November wurden die Berichte der nicht-technischen Projektzusammenfassung das erste Mal veröffentlicht.

Das war eine große Herausforderung, jetzt haben wir das gut gemeistert. Wir hatten ursprünglich mit jährlich 6.000 bis 10.000 Tierversuchsanträgen gerechnet. Die zu dokumentieren, ist ziemlich aufwendig. Man muss die Inhalte prüfen und dann noch indexieren, damit sie recherchiert werden können. Bisher gab es kein Formular, wie so etwas aussehen soll. Auf meine Intention hin haben wir ein internetbasiertes System aufgebaut. Wir werden über eine Datenbank, die einmalig in Europa sein wird, ein recherchierbares System anbieten. Wichtig war es, die Bundesländer davon zu überzeugen, dass sie das System nutzen. Im Nachhinein hat es geholfen, ihre Prozesse zu verschlanken.

Das Angebot, dass wir der Bevölkerung jetzt machen können, ist völlig neu: Jeder kann sich nun informieren und recherchieren .



„Wir erwarten ein weiter steigendes Interesse an Alternativmethoden zum Tierversuch, eine Trendwende im Interesse für diese Forschungsrichtung."

Die zweite Aufgabe ist die beratende Funktion zu Alternativmethoden. Wir beraten die Bundesländer und die entsprechenden Tierschutzausschüsse hinsichtlich Alternativen zu Tierversuchen. Wenn jemand einen Tierversuchsantrag stellt, muss er nachweisen, dass er richtig recherchiert hat und ausschließen kann, dass zu diesem beantragten Tierversuch keine Alternativmethode existiert. Existiert eine Alternativmethode, darf der Tierversuch nicht durchgeführt werden. Die Frage, was eine Alternative zum Tierversuch ist und was nicht, kann die Länder und ihre unterschiedlichen Sachbearbeiter an ihre Grenzen bringen. Dazu haben wir eine beratende Funktion, denn wir schauen als übergeordnete Spezialisten darauf. Das ist eine sehr anspruchsvolle und umfangreiche Aufgabe. Thematisch kann das gesamte Spektrum der Biowissenschaften möglich sein. Je nach Thema bedarf die Bearbeitung unterschiedliche Zeit.

Als dritte Aufgabe sind wir im Rahmen der internationalen Chemikalienpolitik in die Entwicklung von Teststrategien und die Validierung von Verfahren integriert.

Bewertungsmethoden sind Techniken, mit denen der Hersteller nachweisen muss, dass eine Unbedenklichkeit von einem Produkt ausgeht. Für die Prüfung gibt es Vorschriften und Richtlinien. Jedes dieser einzelnen Gesetze – Kosmetik, Arzneimittelverordnung, Bedarfsgegenstände, Pestizide – schreibt vor, ob überhaupt noch ein Tierversuch durchgeführt werden darf. Bei Kosmetik ist das nicht mehr erlaubt. Wenn in den anderen Bereichen ein Tierversuch durchgeführt wird, gilt immer das 3R-Prinzip. – Wenn es keine Alternative gibt, dann darfst du, sonst musst du Alternativen einsetzen.

Die Frage ist, welche Alternativen gibt es und wie werden sie weiterentwickelt? Unsere tägliche Arbeit am BfR basiert darauf, dass wir naturwissenschaftliche Ergebnisse interpretieren müssen, von denen wir ableiten, dass keine gesundheitlichen Bedenken bestehen. Dazu gibt es regulierende Gesetze. Die Testprüfrichtlinien, sind biologische Versuche, die erforscht und bearbeitet werden müssen.

Unsere vierte Aufgabe ist ebenfalls eine Kernaufgabe und betrifft den Nationalen Ausschuss in der EU-Direktive. Für uns bedeutet das, die Aufgaben des nationalen Ausschusses der EU-Direktive zum Tierschutz zu übernehmen. Wir sind eine übergeordnete Institution, die Behörden und Ausschüsse zu Erwerb, Zucht, Unterbringung, Pflege und Verwendung von Wirbeltieren und Kopffüßern in allen Belangen berät. Wir haben in einem Workshop daran gearbeitet, erste vernünftige Belastungskriterien für transgene Mäuse und Ratten zu entwickeln und festzulegen, wie die Erhebungsbögen dafür aussehen müssen. Das hört sich einfach an, aber manchmal ist ja gerade das Simplifizieren von komplizierten Sachverhalten das Schwierige. Es sollte am Ende praktikabel sein und so viele Daten liefern können, dass der Ausschuss damit auch arbeiten kann. Das haben wir in der Fachzeitschrift Nature dieses Jahr publiziert, ein wirklich sehr schöner Erfolg.

FoRep: Was erwarten Sie bezüglich der weiteren Entwicklung zu Alternativen zum Tierversuch?

Prof. Dr. Gilbert Schönfelder: Wir haben gesehen, dass die Anzahl der Tierversuche von 2011 zu 2012 statistisch gestiegen ist. Wir sind in Deutschland 2012 bei 3,1 Millionen.

Wir erwarten ein weiter steigendes Interesse an Alternativmethoden zum Tierversuch, eine Trendwende im Interesse für diese Forschungsrichtung. Das Thema ist attraktiv und gesellschaftlich wichtig, es ist Zeit, darüber mehr zu reden. Ich glaube, dass wir in nächster Zeit gut vorankommen werden. Aber dass wir morgen oder übermorgen gar keinen Tierversuch mehr brauchen, bleibt eine Illusion. Für bestimmte Bereiche, gerade die Toxikologie, gibt es bereits berechtigte Hoffnung auf weniger Tierversuche.

Im Rahmen der Haltung und der Zucht von Versuchstieren werden wir große Fortschritte machen. Das ist an der Veränderung der Tierhaltung sehr deutlich zu sehen. Wenn wird die Situation heute mit den Zuständen in den 1960 er Jahren vergleichen, haben sich die Bedingungen für das Tier deutlich verbessert, z. B. durch Vergrößerung der Käfige. Die Haltungsbedingungen sind insgesamt moderner und tierschutzgerechter geworden. In den nächsten Jahren erwarten wir noch mehr Innovation und das wird die Belastung der Tiere weiter senken.

Biometrische Verfahren helfen uns und werden uns auch weiterhin helfen, die Tierversuchszahlen zu reduzieren. Das liegt auch daran, dass wir das umfangreiche Datenmaterial besser auswerten können.

Vielen Dank für das Gespräch!

Das Interview für den ForschungsReport
führte Monique Luckas.

Trotz Inventur geöffnet

Die Bundeswaldinventur – ein Schaufenster in den Wald

Weitgehend unbemerkt von der Öffentlichkeit haben Forstfachleute zwei Jahre lang im Wald Bäume gezählt und vermessen. Koordiniert und ausgewertet hat diese Inventur eine kleine Gruppe von Wissenschaftlern des Thünen-Instituts für Waldökosysteme in Zusammenarbeit mit Länderexperten. Die Ergebnisse informieren über die Waldfläche in Deutschland sowie über die Strukturvielfalt und den Holzvorrat in den Wäldern. Sie setzen Impulse für die Gestaltung der Rahmenbedingungen für die Forstwirtschaft.

Eine Stichprobe für 7,6 Milliarden Bäume

Manchmal ist es nicht einfach, die im Wald versteckte Markierung wiederzufinden. Doch sobald das eindringliche Piepen des Metalldetektors ertönt, ist es geschafft. Dank Satellitennavigation hat der zweiköpfige Inventurtrupp den vorgegebenen Probepunkt wiedergefunden. Nun beginnt die Datenerhebung: Probebäume identifizieren, Baumarten bestimmen, Durchmesser und Baumhöhen messen – insgesamt über 150 Merkmale.

Natürlich kann niemand die 11,4 Millionen Hektar Wald mit seinen vielfältigen Strukturen und Funktionen vollständig erfassen. Deshalb haben die Begründer der Bundeswaldinventur schon in den 1980 er Jahren ein Stichprobennetz über Deutschland gelegt. An denselben Punkten wie in den Jahren 1986-1988 und 2001-2002 haben Inventurtrupps 2011-2012 wieder Probebäume ausgewählt und vermessen. Insgesamt haben 60 Inventurtrupps an 60.000 Probepunkten etwa 420.000 Bäume erfasst. Diese Daten sind der Rohstoff, aus dem vielfältige Informationen über die Wälder errechnet werden.

Die Wissenschaftler haben zum Beispiel ermittelt, dass es in deutschen Wäldern insgesamt 7.567.126.590 Bäume mit mindestens sieben Zentimeter Durchmesser gibt. Dies ist nur eines aus einer riesigen Menge von Ergebnissen. Schließlich soll die Inventur umfassende Informationen liefern, mit denen Politiker, Führungskräfte der Forst- und Holzwirtschaft, Waldeigentümer, Naturschützer und Wissenschaftler Entscheidungen zur nachhaltigen Nutzung und zum Schutz der Wälder treffen müssen.

Die Wälder ändern sich

Die Inventur zeigt, wie sich die Wälder in den letzten zehn Jahren entwickelt haben:

Es gibt mehr Laubbäume. Diese Entwicklung ist forst- und umweltpolitisch gewollt, denn Laubwälder stabilisieren die Wälder und befördern die biologische Vielfalt. Allerdings wird von der Holzindustrie vor allem Nadelholz nachgefragt.

Die Wälder sind 4,5 Jahre älter geworden und es gibt mehr dicke Bäume. Inzwischen stecken 23 Prozent des gesamten Holzvorrates in den Bäumen mit einem Brusthöhendurchmesser ab 50 Zentimeter. Ursachen dafür sind neben Naturschutzgründen auch technische Herausforderungen bei der Holzernte und begrenzte Absatzmöglichkeiten für dickes Holz. Möglicherweise werden viele dieser dicken Bäume bis an ihr Ende im Wald verbleiben und dort zerfallen. Das kann die biologische Vielfalt der Wälder fördern, reduziert jedoch die nutzbare Rohholzmenge.

Die Waldeigentümer haben zwar deutlich mehr Holz genutzt als in früheren Jahren, jedoch weiterhin weniger, als nachgewachsen ist. Deshalb ist der Holzvorrat weiter angestiegen und heute mit 336 Kubikmeter pro Hektar so hoch, wie seit Jahrhunderten nicht mehr. Insbesondere die Privatwaldeigentümer haben ihren Holzeinschlag gesteigert. Im Landeswald hat der Holzeinschlag nicht weiter zugenommen.

Nur der Fichtenvorrat ist um fast vier Prozent kleiner geworden, weil mehr Fichten genutzt wurden oder auf natürliche Weise abgestorben sind, als nachwachsen konnten. Ursachen sind die große Nachfrage nach Fichtenholz aber auch die besondere Gefährdung durch Sturm, Trockenheit und Borkenkäfer. Frei gewordene Fichtenflächen werden häufig mit Laubbäumen aufgeforstet, aus denen sich naturnähere und stabilere Wälder entwickeln sollen. Anderseits wird damit jedoch eine künftige Verknappung des stark nachgefragten Fichtenholzes eingeleitet.

Im deutschen Wald gibt es mit 20,6 Kubikmeter pro Hektar erstaunlich viel Totholz. Das sind 18 Prozent mehr als vor 10 Jahren. Totholz gehört zum natürlichen Kreislauf im Wald und trägt zur Artenvielfalt bei. Denn abgestorbene und verrottende Bäume bieten Lebensraum für viele Pflanzen und Tiere.

Der Wald in vierzig Jahren

Mit den Daten der Bundeswaldinventur wagen die Wissenschaftler auch einen Blick in die Zukunft. Mit einem mathematischen Modell berechnen sie, wie sich der Wald entwickeln könnte und wieviel Holz er liefern kann. Dabei verwenden sie unterschiedliche Szenarien der Waldbehandlung. Damit werden Handlungsoptionen aufgezeigt, wie die vielfältigen gesellschaftlichen Bedürfnisse hinsichtlich biologischer Vielfalt, Kohlenstoffbindung und Rohstoffproduktion erfüllt werden könnten.

Abbildung 1: Datenerhebung im Wald : Eine wichtige Kenngröße ist der Baumdurchmesser in 1,30 Meter Höhe.

Nach der Inventur ist vor der Inventur

Die Bundeswaldinventur ist ein Gemeinschaftswerk von Bund und Ländern. Dazu verpflichtet sie § 41a des Bundeswaldgesetzes: Die Länder erheben die Daten, der Bund stellt sie zusammen und wertet die Daten aus. Die nächste Inventur soll nach zehn Jahren stattfinden. So ist es im Gesetz vorgeschrieben. Deshalb werden in den Jahren 2021/2022 wieder Inventurtrupps mit ihren Metalldetektoren im Wald nach versteckten Markierungseisen suchen.

Die Bundesinventur im Internet:
www.bundeswaldinventur.de; https://bwi.info

Dr. Heino Polley
Thünen-Institut für Waldökosysteme, Eberswalde

E-Mail: heino.polley@ti.bund.de

Zahlen lassen einen Sachverhalt objektiv zutreffend und bedeutsam erscheinen

Martin Petrick

Methoden für die Vielseitigkeitsforschung

Prof. Dr. Martin Petrick ist stellvertretender Leiter der Abteilung „Rahmenbedingungen des Agrarsektors und Politikanalyse“ am Leibniz-Institut für Agrarentwicklung in Transformationsökonomien (IAMO) und seit 2013 außerplanmäßiger Professor am Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg. Er forscht und lehrt zu Themen der internationalen Agrarentwicklung, mit Schwerpunkten in den Bereichen Agrarstrukturentwicklungen und Agrarpolitik in den Nachfolgestaaten der ehemaligen Sowjetunion, ländlichen Faktormärkten sowie EU-Agrarpolitik.

Als international ausgerichtetes agrarökonomisches Institut betreibt das IAMO grundlagen- und anwendungsorientierte Forschung. Es werden agrarpolitische Rahmenbedingungen und Gestaltungsmöglichkeiten, die Märkte im Agrar- und Ernährungssektor sowie die Entwicklung der Betriebe und Strukturen im ländlichen Raum analysiert. Betriebliche und agrarpolitische Entscheidungen sowie Marktprozesse beeinflussen dabei auch die Mensch-Umwelt-Beziehungen in ländlichen Räumen. Von Ökonomen erwartet man, dass sie mit Zahlen jonglieren und Gewinne und Verluste ausrechnen. Steht das auch bei Ihrer wissenschaftlichen Tätigkeit als Agrarökonom im Vordergrund?

Ja, es stimmt, auch in meiner Arbeit spielen quantitative Analysen eine große Rolle. In der Entwicklung der wirtschaftswissenschaftlichen Disziplinen kam der Landwirtschaft sogar eine besondere Bedeutung zu. Johann Heinrich von Thünen, einer der Pioniere der wissenschaftlichen Ökonomik in Deutschland, stand einem landwirtschaftlichen Musterbetrieb in Mecklenburg vor. Er sammelte dort eine Vielzahl von Daten über betriebswirtschaftliche Zusammenhänge und wertete sie aus. Auch heute gehört der Agrarsektor weltweit zu denjenigen Wirtschaftsbereichen, über die besonders umfangreiche und aussagekräftige Datensätze zur Verfügung stehen.

Worauf beruht die Faszination der Zahlen und der quantifizierbaren Aussagen?

Ich denke, dass Zahlen einen Sachverhalt objektiv zutreffend und bedeutsam erscheinen lassen. Aus der Alltagserfahrung und dem wissenschaftlichen Berufsleben wissen wir natürlich, dass das oft nicht stimmt. Aber ich empfinde tatsächlich eine innere Begeisterung, wenn meine Analysen sich in nachvollziehbaren und aussagekräftigen Zahlen verdichten lassen. Besonders Grafiken oder Diagramme entfalten meiner Meinung nach eine ausgeprägte Überzeugungskraft.

Sie glauben an nichts, was Sie nicht messen können?

Als Agrarökonom verstehe ich mich als Sozialwissenschaftler und unsere soziale Umwelt ist zu komplex, um sie allein mit Zahlen erfassen zu können. Eines meiner Hauptforschungsgebiete sind die Umstrukturierungs- und Entwicklungsprozesse der Landwirtschaft in den Nachfolgestaaten der ehemaligen Sowjetunion. Wir möchten zum Beispiel wissen, ob diese Gesellschaften sich selbst ernähren können oder sogar Überschüsse für die Weltmärkte erzeugen. Da helfen Zahlen, aber noch wichtiger ist es, die Alltagsprobleme der Landwirte in diesen Ländern zu verstehen. Mir ist es ein großes Anliegen, immer wieder den direkten Kontakt mit den Akteuren zu suchen und im Gespräch vor Ort zu erfahren, wo die Engpässe liegen. Aus solchen qualitativen Eindrücken, die selbstverständlich auch methodisch reflektiert und analysiert werden, ergibt sich im Zusammenspiel mit vermeintlich objektiv gemessenen Fakten ein Mosaik von Wahrnehmungen. Das ist für ein umfassendes Verständnis unerlässlich.

Sie beraten auch politische Entscheidungsträger in ihren Untersuchungsregionen. Welchen Einfluss haben die von Ihnen verwendeten Methoden auf den Erfolg dieser Bemühungen?

Für die sozialistischen Planer der Sowjetzeit erschienen Wissenschaft und Technologie als Schlüssel für wirtschaftliche Entwicklung und Wohlstand. Ihnen schwebte daher vor, die Wirtschaft nach wissenschaftlich fundierten Prinzipien zu steuern und auf diese Weise den menschlichen Faktor auszuschalten. Dieser technokratische Ansatz begegnet mir auch heute noch in vielen Gesprächen mit Verantwortlichen vor Ort. Da geht es dann darum, wie viele moderne Mähdrescher eingesetzt werden und wie man die Kräfte der Natur kontrollieren kann. Aus diesem Grund wird die Bedeutung von wissenschaftlicher Arbeit auch weithin anerkannt. Technisch anmutende oder in statistischen Kennzahlen ausgedrückte Forschungsergebnisse kommen diesem Verständnis tendenziell entgegen. Schwieriger ist es darzulegen, dass auch Größen wie Vertrauen oder Transparenz für den wirtschaftlichen Erfolg einer Gesellschaft erforderlich sind.

Können denn einzelne Wissenschaftler überhaupt die ganze Bandbreite der Methoden überblicken und beherrschen?

Ja und nein. Ein besonderes Merkmal der Agrarwissenschaften besteht ja darin, dass sie sich mit komplizierten Systemen befassen, die eine Vielzahl natur-, ingenieur- und sozialwissenschaftlicher Disziplinen berühren. Ich fand es beispielsweise im Studium sehr spannend, das Zusammenspiel dieser verschiedenen Sichtweisen zu erkennen und zu verstehen. Agrarwissenschaftler kommen gar nicht umhin, sich als Vielseitigkeitsforscher zu verstehen und sich daher auch einen Einblick in viele methodische Vorgehensweisen zu verschaffen. Andererseits ist die Wissenschaftslandschaft heutzutage so ausdifferenziert, dass ein einzelner tatsächlich nur noch den aktuellen Wissensstand in Spezialfeldern verfolgen oder gar beherrschen kann. Da ist es dann gut, Synergieeffekte in größeren Forschungszentren oder -verbünden zu erzielen. Obwohl wir am IAMO hauptsächlich agrarökonomische Forschung betreiben, decken die Kolleginnen und Kollegen im Institut bereits eine erstaunliche Bandbreite an Modellen und Analyseverfahren ab. So beschäftigen sich Arbeitsgruppen zum Beispiel mit agentenbasierten Simulationsverfahren oder der statistischen Auswertung von Daten der geographischen Fernerkundung. Im Verbund mit anderen Einrichtungen lassen sich diese Analysekapazitäten dann noch vervielfachen.

Eine Kernaufgabe des Instituts ist die Qualifizierung des akademischen Nachwuchses aus den Partnerländern. Wie sieht die Ausbildung der jungen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus?

Je nach bisherigem Ausbildungsgang kommen die jüngeren Kollegen mit unterschiedlichen Vorkenntnissen, sie sind aber durchweg hoch motiviert Neues zu lernen. Alle Doktoranden nehmen im Rahmen der IAMO Graduate School am Promotionskolleg Agrarökonomik teil, einem überregionalen Ausbildungsprogramm, das einen Schwerpunkt auf anwendungsorientierte Methodenvermittlung legt. Die praktische Methodenvermittlung erfolgt dann in der Regel in der täglichen Zusammenarbeit mit einem erfahrenen Wissenschaftler anhand konkreter Forschungsfragen.

Prof. Dr. Martin Petrick
Leibniz-Institut für Agrarentwicklung
in Transformationsökonomien (IAMO)

E-Mail: petrick@iamo.de

Leibniz-Institut für Agrarentwicklung in Transformationsökonomien, IAMO

Russland kann zur weltweit führenden Weizenexportnation aufsteigen

Angesichts einer steigenden Weltbevölkerung und begrenzten natürlichen Ressourcen ist die Sicherung der weltweiten Ernährung eine der größten Herausforderungen der Menschheit. Russland kann dazu beitragen die Welternährung zu sichern, da es über riesige und häufig sehr fruchtbare Ackerflächen verfügt. Allerdings bleiben die Getreideerträge deutlich unter den technisch möglichen Erträgen zurück. Zudem liegen in Russland ungefähr 40 Million Hektar Ackerland brach, welche zu Sowjetzeiten noch genutzt wurden. Das gewaltige Ausmaß der Brachflächen zusammen mit den niedrigen Erträgen verspricht erhebliches Potenzial zur Steigerung der Agrarproduktion.

IAMO-Wissenschaftler Florian Schierhorn hat gemeinsam mit weiteren Kollegen des Instituts das Potenzial Russlands zur Steigerung der Getreideproduktion systematisch berechnet. Grundlage dafür ist ein Pflanzenwachstumsmodell, das zur Simulation optimierter Bewirtschaftung für 28 Hauptanbaugebiete von Weizen angewendet wurde. Die Studie zeigt, dass durch optimierte Nährstoffdüngung die Weizenerträge um 1,2 bis 3,0 Tonnen pro Hektar gesteigert werden können. Optimierte Düngung bei gleichzeitiger Bewässerung würde die Erträge sogar um 1,8 bis 4,6 Tonnen pro Hektar steigern. Diese Erkenntnisse wurden vor kurzem in der Fachzeitschrift Environmental Research Letters veröffentlicht.

Basierend auf den Ertragssimulationen und auf Karten der Brachflächen hat das Forscherteam des IAMO in einem zweiten Paper, publiziert in der Fachzeitschrift Global Food Security, das Potenzial Russlands zur Steigerung der Weizenproduktion aufgezeigt. Zentrales Ergebnis dieser Studie ist, dass durch die optimierte Bewirtschaftung die Getreideerträge gesteigert und damit die gesamte Getreideproduktion erhöht werden könnte. Der größte Teil der Brachflächen in Russland ist seit mehr als zehn Jahren ungenutzt und erhebliche Mengen Kohlenstoff sind daher in der Sukzessionsvegetation und im Boden gespeichert. Die Rekultivierung würde diesen Kohlenstoff wieder freisetzen und erhebliche klimarelevante Emissionen verursachen. Die zusätzliche Weizenproduktion in Russland, die durch realistisch erzielbare Ertragssteigerungen und bei geringen Emissionen infolge der Rekultivierungerreicht werden kann, beziffern die Forscher auf bis zu 32 Millionen Tonnen. Im Vergleich dazu, wird in Deutschland jährlich etwa 25 Millionen Tonnen Weizen produziert. Somit könnte Russland der weltweit größte Weizenexporteur werden, wenn die Produktivitätslücken im Land geschlossen sowie die erheblichen Investitions- und Modernisierungsdefizite beseitigt werden.

Johann Heinrich von Thünen-Institut, TI

Bislang kein Hinweis auf Botox-Bakterien in niedersächsischen Biogasanlagen

Landwirtschaftliche Biogasanlagen vergären organische Reststoffe und pflanzliche Biomasse zu Methan, das als Energiequelle genutzt wird. Der Gärungsprozess wird durch das Zusammenwirken einer komplexen Mikroorganismen-Gemeinschaft verursacht, die typischerweise viele Clostridien enthält. In der Gruppe der Clostridien gibt es neben vielen harmlosen Arten auch einige, die im Zusammenhang mit Vergiftungen und Krankheiten bei Mensch und Tier stehen.

Ob niedersächsische Biogasanlagen mit ihren typischen Substraten (Gülle, Silage, Hühnertrockenkot) auch problematische Clostridien enthält, vor allem den Produzenten des gefährlichen Botulinum-Toxins („Botox"), *Clostridium botulinum*, und ob sich diese vermehren können, untersucht eine Arbeitsgruppe am Thünen-Institut für Biodiversität in Braunschweig in Zusammenarbeit mit der Hochschule für Angewandte Wissenschaft und Kunst (HAWK), Fakultät Ressourcenmanagement (Göttingen). Die Arbeiten werden durch das Niedersächsische Landwirtschaftsministerium gefördert.

Die Thünen-Forschergruppe unter der Leitung von Prof. Dr. Christoph Tebbe setzt für ihre Untersuchungen neuartige molekulare Methoden ein. Sie sequenziert einzelne Abschnitte der Erbsubstanz (DNA), um so Hinweise auf das Vorkommen von *C. botulinum* zu erhalten. Der einzig gültige Beweis, ob *C. botulinum* vorhanden ist, muss allerdings im Mäuse-Test erfolgen, denn nur im lebenden Tier kann die Wirksamkeit bewiesen werden. „Dank unseres molekularen Verfahrens können Mäuse-Tests für die Untersuchung von Umweltproben extrem eingeschränkt werden", so Tebbe.

Bisher wurden in dem Projekt eine halbe Millionen Gene aus den Substraten, Fermentern und Nachgärern untersucht, wie Tebbe am 12.11.2014 auf dem Biogasforum Niedersachsen in Hannover erläuterte. Tatsächlich fanden sich Gene, die auf *C. botulinum* hinweisen, wenn auch nur in sehr niedriger Häufigkeit: Je nach Probe zwischen 0,003 bis 0,18 Prozent aller Clostridien. Gene für das Botulinum-Toxin konnten dabei nicht nachgewiesen werden. Auch die Mäusetest mit ausgewählten verdächtigen Proben, durchgeführt von einem zertifizierten Labor, gaben Entwarnung: Alle getesteten Proben waren für Mäuse nicht giftig. Tebbe: „Der molekulare Nachweis zeigt, dass es eng verwandte Bakterien von *C. botulinum* gibt, die keine Botulinum-Toxine bilden können".

Noch steht die Analyse weiterer 50 Millionen Gene aus; das Projekt soll bis Ende 2014 abgeschlossen sein. Bis heute weist jedoch kein einziges Ergebnis des gesamten Projekts darauf hin, dass sich Toxin-bildende *C. botulinum* Bakterien oder andere problematische Clostridien in einer Biogasanlage vermehren und so eine Gefahr für die Gesundheit von Mensch und Tier darstellen können.

Friedrich-Loeffler-Institut, FLI

Professor Mettenleiter mit der Ostertag-Plakette geehrt

Anlässlich ihres 60 jährigen Bestehens zeichnete die Bundestierärztekammer (BTK) Professor Dr. Dr. h.c. Thomas C. Mettenleiter mit der Robert-von Ostertag-Plakette aus. Der Präsident des Friedrich-Loeffler-Instituts (FLI) wurde damit im November 2014 für seine Verdienste um den Berufsstand geehrt. Insbesondere sein langjähriges Engagement für den Ausbau des FLI zu einem der modernsten Forschungszentren seiner Art weltweit solle mit diesem Ehrenzeichen gewürdigt werden. Dies betonte Dr. Rolf Pietschke, Präsident der Landestierärztekammer Mecklenburg-Vorpommern, in seiner Laudatio anlässlich einer Feierstunde in Berlin.

Rolf Pietschke lobte zudem die Arbeit Mettenleiters als Mittler zwischen Forschung und Praxis: „Es ist im besonderen Maße hervorzuheben, dass Prof. Dr. Mettenleiter zu jeder Zeit die aktuellen wissenschaftlichen Erkenntnisse seiner Forschungen und die der Mitarbeiter seines Hauses zeitnah der Bundestierärztekammer und den 17 Landes- und Tierärztekammern zur Verfügung stellt." Damit habe er in herausragender Weise die Entwicklung des tierärztlichen Berufsstandes in der Fort-und Weiterbildung mitgestaltet.

„Ich freue mich sehr über diese Auszeichnung, die für einen Nicht-Tierarzt eine ganz besondere Ehre darstellt", so Prof. Mettenleiter in seiner Dankesrede. Die BTK verleiht die Robert-von-Ostertag-Plakette bereits seit 1964 in Gedenken an den Veterinärmediziner Robert von Ostertag. Dieser befasste sich als einer der ersten Tiermediziner bereits Ende des vorletzten Jahrhunderts intensiv mit Fragen der Lebensmittel- und Fleischhygiene sowie der Tierseuchenbekämpfung. Neben seiner wissenschaftlichen Arbeit wirkte Ostertag am Aufbau des staatlichen Veterinärwesens im frühen 20. Jahrhundert mit. Er entwickelte das nach ihm benannte freiwillige, staatlich anerkannte Tuberkulosetilgungsverfahren, das sowohl in Deutschland als auch in der Schweiz zur Anwendung kam. Zudem war Ostertag maßgeblich an der Formulierung des ersten deutschen Fleischbeschaugesetzes beteiligt, das bis heute als fundamentaler Bestandteil des tierärztlich überwachten Verbraucherschutzes in Deutschland anzusehen ist.

Julius Kühn-Institut, JKI

Virus mit Handicap

Im biologischen Pflanzenschutz werden natürlich vorkommende Insektenviren zur Bekämpfung verschiedener Schadinsekten eingesetzt. Die Mittel gelten als sicher und umweltfreundlich, so auch das weltweit bedeutendste Präparat gegen den Apfelwickler, das Apfelwicklergranulovirus (CpGV). Es tötet junge Larven des Schadschmetterlings gezielt ab, bevor sich diese in den Apfel einbohren können. Seit 2005 häuften sich in Europa Fälle, in denen das kommerzielle Produkt mit dem Virusstamm CpGV-M nicht mehr wirkte. Wie die Resistenz entstand, blieb zunächst unklar. Die Forscher um Prof. Johannes Jehle am JKI und am Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum (DLR) Rheinpfalz fanden zunächst neue Virus-Stämme, die auch gegen resistent gewordene Apfelwickler wirken. Einige dieser resistenzbrechenden Viren werden mittlerweile ebenfalls erfolgreich im Obstbau eingesetzt. Mit vergleichenden genetischen Analysen des Virus stellten sie jetzt fest, dass bei dem teilweise unwirksam gewordenen Virustamm CpGV-M im Gen pe38 eine genetische Variation vorliegt. Demnach liegt im Virus selbst die Ursache dafür, dass die Insekten eine Resistenz gegen das bewährte Biomittel entwickeln konnten.

Seit 2005 wurden in Europa in rund 40 Apfelplantagen Apfelwicklerlarven dokumentiert, die gegen das Apfelwickler-Granulovirus, kurz CpGV genannt, resistent geworden waren. CpGV-Präparate sind biologische Pflanzenschutzmittel, die ausschließlich den Apfelwickler befallen. Sie sind damit besonders umweltschonend und dürfen auch im ökologischen Obstbau eingesetzt werden. Die resistent gewordenen Apfelwickler zeigten eine bis zu 100.000-fache geringere Empfindlichkeit. Dies war der erste Fall einer Resistenz von Insekten gegenüber einem biologischen Pflanzenschutzmittel, das auf Viren basiert. Gemeinsame Forschungsarbeiten des JKI, des DLR-Rheinpfalz und der Herstellerfirmen führten zur Entwicklung neuer Präparate mit anderen wirksamen CpGV-Stämmen. Diese neuen Präparate sind mittlerweile zugelassen und bekämpfen Apfelwickler erfolgreich.

„Auch wenn unser erstes Interesse dem Auffinden neuer wirksamer Viren galt, wollten wir doch die Ursache für die äußerst ungewöhnliche Resistenz aufklären. Immerhin sind Mittel mit dem insektenspezifischen Virus zur Bekämpfung des Apfelwicklers in 34 Ländern weltweit registriert. Nachdem wir die Genome mehrerer CpGV-Stämme, die gegen resistente Apfelwickler wirksam sind, vollständig sequenziert und mit dem Genom des unwirksamen Virusstamms CpGV-M verglichen hatten, erhärtete sich der Verdacht, dass die Resistenz der Apfelwicklerlarven mit dem Gen pe38 des Virus in Verbindung steht. Das Gen pe38 spielt für den Verlauf einer Infektion eine wichtige Rolle", erläutert Jehle.

Die Forscher fanden, dass im Gen pe38 des unwirksam gewordenen Virusstammes (CpGV-M) 24 zusätzliche Nukleotide eingebaut sind, die in den wirksamen Viren nicht vorkommen. Der endgültige Nachweis, dass diese Veränderung im Gen pe38 mitverantwortlich für die Virusresistenz der Apfelwickler ist, gelang den Forschern folgendermaßen: Wurde das Gen pe38 komplett aus dem Genom des unwirksamen Virus CpGV-M entfernt, konnten selbst empfindliche Apfelwicklerlarven nicht mehr infiziert werden. Das Gen pe38 ist demnach für den Infektionsprozess essentiell. Reparierten die Wissenschaftler das Genom von CpGV-M mit pe38 aus einem wirksamen Virusstamm, wurden alle Apfelwickler – auch resistente – erfolgreich infiziert.

Das Team um Jehle konnte somit eindeutig nachweisen, dass das virale Gen pe38 für die Infektion der Larven mit CpGV verantwortlich ist. Sie gehen weiter davon aus, dass in den zusätzlichen 24 Nukleotiden bei CpGV-M der Schlüssel liegt, warum die Apfelwicklerlarven resistent werden konnten. Allerdings ist noch unklar, welche Anpassungen auf genetischer Ebene in den resistenten Insekten erfolgt sind.

Der Senat

Der **Senat der Bundesforschungsinstitute des BMEL** koordiniert die einrichtungsübergreifenden wissenschaftlichen Aktivitäten im Forschungsbereich des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL). Ihm gehören vier Bundesforschungsinstitute, das Bundesinstitut für Risikobewertung sowie sechs Forschungseinrichtungen der Leibniz-Gemeinschaft an (www.bmel-forschung.de, Tel: 030/8304-2605/-2031).

Julius Kühn-Institut (JKI), Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Quedlinburg
Das JKI arbeitet und forscht in den Bereichen Pflanzengenetik, Pflanzenzüchtung, Pflanzenbau, Pflanzenernährung, Bodenkunde, Pflanzen- und Vorratsschutz und Pflanzengesundheit. In 15 Fachinstituten werden Konzepte z. B. für den nachhaltigen Anbau der Kulturpflanzen entwickelt, alternative Pflanzenschutzstrategien erforscht und Züchtungsforschung betrieben, um Pflanzen fit für die Anforderungen der Zukunft zu machen. In den verschiedenen Instituten werden land- und forstwirtschaftliche Kulturen ebenso bearbeitet wie Kulturen des Garten-, Obst- und Weinbaus und des Urbanen Grüns (www.jki.bund.de, Tel.: 03946/47-0).

Johann Heinrich von Thünen-Institut (Thünen-Institut), Bundesforschungsinstitut für Ländliche Räume, Wald und Fischerei, Braunschweig
Das Thünen-Institut entwickelt Konzepte für die nachhaltige und wettbewerbsfähige Nutzung unserer natürlichen Lebensgrundlagen in den Bereichen Felder, Wälder, Meere. Mit seiner ökologischen, ökonomischen und technologischen Expertise erarbeitet es wissenschaftliche Grundlagen als politische Entscheidungshilfen. Das Institut nimmt deutsche Interessen in internationalen Gremien wahr und führt – teils eingebunden in internationale Netzwerke – wichtige Monitoringtätigkeiten durch (www.ti.bund.de, Tel.: 0531/596-0).

Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Insel Riems
Im Mittelpunkt der Arbeiten des FLI stehen die Gesundheit und das Wohlbefinden lebensmittelliefernder Tiere sowie der Schutz des Menschen vor Infektionen, die von Tieren auf den Menschen übertragen werden. Das FLI arbeitet grundlagen- und praxisorientiert in verschiedenen Fachdisziplinen insbesondere auf den Gebieten der Tiergesundheit, der Tierernährung, der Tierhaltung, des Tierschutzes und der tiergenetischen Ressourcen (www.fli.bund.de, Tel.: 038351/7-0).

Max Rubner-Institut (MRI), Bundesforschungsinstitut für Ernährung und Lebensmittel, Karlsruhe
Das MRI hat seinen Forschungsschwerpunkt im gesundheitlichen Verbraucherschutz im Ernährungsbereich. Vier der acht Institute des MRI und die Arbeitsgruppe Analytik arbeiten „produktübergreifend". Forschungsschwerpunkte sind: Die Untersuchung der ernährungsphysiologischen und gesundheitlichen Wertigkeit von Lebensmitteln, Arbeiten im Bereich der Lebensmittelqualität und -sicherheit oder der Bioverfahrenstechnik. Die Forschungsaufgaben der anderen vier Institute beziehen sich auf Lebensmittelgruppen wie Getreide, Gemüse, Milch und Fleisch. An diesen Instituten steht die gesamte Lebensmittelkette im Fokus. (www.mri.bund.de, Tel.: 0721/6625-201).

Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
Für die gesundheitliche Bewertung von Lebensmitteln, Bedarfsgegenständen und Chemikalien ist das BfR zuständig. Es trägt maßgeblich dazu bei, dass Lebensmittel, Stoffe und Produkte sicherer werden. Die Aufgaben umfassen die Bewertung bestehender und die frühzeitige Identifizierung neuer gesundheitlicher Risiken, die Erarbeitung von Empfehlungen zur Risikobegrenzung und die Kommunikation dieser Prozesse. Das BfR berät die beteiligten Bundesministerien sowie andere Behörden auf wissenschaftlicher Basis. In seinen Empfehlungen ist das BfR frei von wirtschaftlichen, politischen und gesellschaftlichen Interessen (www.bfr.bund.de, Tel.: 030/18412-0).

Deutsche Forschungsanstalt für Lebensmittelchemie, Leibniz-Institut (DFA), Freising
Die Bedeutung so genannter funktioneller Lebensmittel mit einem besonderen gesundheitlichen Nutzen hat in den letzten Jahren stetig zugenommen. Aroma, Geschmack und Textur bestimmen neben den gesundheitlichen Aspekten die Qualität von Lebensmitteln. Die DFA untersucht Inhaltsstoffe und Qualität von Lebensmitteln (www.dfal.de, Tel.: 08161/712-932).

Leibniz-Institut für Agrartechnik Potsdam-Bornim e. V. (ATB)
Das ATB ist ein Zentrum agrartechnischer Forschung – eines komplexen, interdisziplinären Arbeitsfeldes. Global gilt es, mehr hochwertige Lebensmittel sowie Agrarrohstoffe für stoffliche und energetische Nutzungen zu produzieren und dabei die natürlichen Ressourcen effizient und klimaschonend zu nutzen. In der hierfür notwendigen Anpassung und Weiterentwicklung von Verfahren und Technologien für eine ressourceneffiziente Nutzung biologischer Systeme sieht das ATB seine zentrale Aufgabe (www.atb-potsdam.de, Tel.: 0331/5699-0).

Leibniz-Institut für Gemüse und Zierpflanzenbau Großbeeren/Erfurt e. V. (IGZ)
Das IGZ erarbeitet wissenschaftliche Grundlagen für eine ökologisch sinnvolle und wirtschaftliche Erzeugung von Gartenbauprodukten. Wobei auf eine Balance zwischen Grundlagenforschung und angewandter, praxisorientierter Forschung im Gartenbau geachtet wird (www.igzev.de, Tel.: 033701/78-0).

Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung (ZALF) e. V. , Müncheberg
Das ZALF erforscht Ökosysteme in Agrarlandschaften und die Entwicklung ökologisch und ökonomisch vertretbarer Landnutzungssysteme. Es richtet sein Hauptaugenmerk darauf, aus aktuellen und antizipierten gesellschaftlichen Diskussionen heraus Perspektiven für eine nachhaltige Nutzung der Ressource Landschaft im Kontext der Entwicklung ländlicher Räume am Beispiel seiner Modellregionen aufzuzeigen. (www.zalf.de, Tel.: 033432/82-200).

Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN), Dummerstorf
Der systemische Forschungsansatz am FBN betrachtet das Tier (1) als Teil einer Population auf allen biologischen Ebenen der Merkmalsausprägung und (2) als Element des jeweils betrachteten Systems und den sich daraus ergebenden Wechselwirkungen. Dieser interdisziplinäre Forschungsansatz ist Voraussetzung für die nachhaltige Gestaltung einer zukunftsfähigen Nutztierhaltung. Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler des FBN versuchen die genetisch-physiologischen Grundlagen funktionaler Biodiversität zu verstehen und leiten darauf aufbauend innovative Züchtungs- und Handlungsstrategien ab (www.fbn-dummerstorf.de, Tel.: 038208/68-5).

Leibniz-Institut für Agrarentwicklung in Transformationsökonomien (IAMO), Halle
Das IAMO widmet sich der Analyse von wirtschaftlichen, sozialen und politischen Veränderungsprozessen in der Agrar- und Ernährungswirtschaft sowie in den ländlichen Räumen. Sein Untersuchungsgebiet erstreckt sich auf die Transformationsländer Mittel-, Ost- und Südosteuropas sowie Zentral- und Ostasiens. Mit diesem Forschungsfokus ist das IAMO eine weltweit einmalige agrarökonomische Forschungseinrichtung. (www.iamo.de, Tel.: 0345/2928-0)

Das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), Berlin/Bonn
Das BMEL unterhält diesen Forschungsbereich. Es werden wissenschaftliche Grundlagen als Entscheidungshilfen für die Ernährung und Landwirtschaft der Bundesregierung erarbeitet und damit die Erkenntnisse zum Nutzen des Gemeinwohls erweitert (www.bmel.de, Tel.: 0228/99529-0).

Bundesministerium
für Ernährung
und Landwirtschaft

Impressum

ForschungsReport
Ernährung – Landwirtschaft – Verbraucherschutz
FoRep 2/2014 (Heft 50)

Herausgeber und Redaktionsanschrift:
Senat der Bundesforschungsinstitute des Bundesministeriums
für Ernährung und Landwirtschaft
Königin-Luise-Straße 19
14195 Berlin
Tel.: 030/8304-2605
Fax: 030/8304-2601
E-Mail: senat-bundesforschung@jki.bund.de
Internet: www.bmel-forschung.de, www.forschungsreport.de

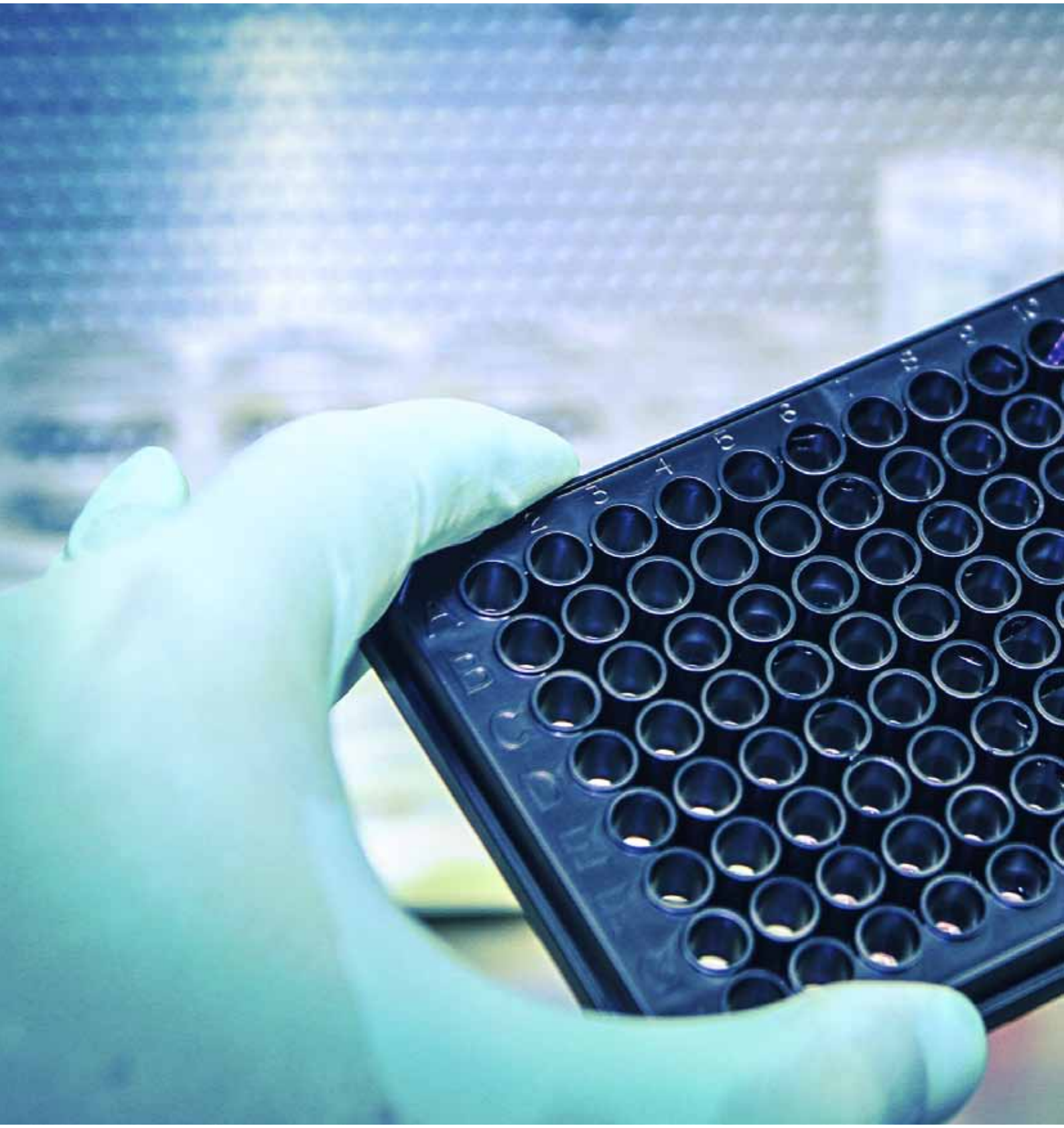
Redaktion:
Dr. Suzan Fiack, BfR
Helene Foltan, ATB
Monique Luckas, ZALF
Dr. Michaela Nürnberg, Senat
Elke Reinking, FLI
Dr. Antje Töpfer, Senat (verantw. Redakteurin)

Gestaltung/Satz:
Design meets Science
ein Service der neoplas GmbH
Walther-Rathenau-Straße 49a
17489 Greifswald
www.design-meets-science.de

Druck:
Steffen Druck Gmbh
www.steffendruck.de

Bildnachweise:
Sofern nicht anders angegeben, liegen die Rechte bei den Autoren, den Forschungseinrichtungen oder bei der neoplas GmbH.
Titelbild/Cover: thinkstock.de
shutterstock.com: S. 3, mitte; S. 4, links; S. 20, rechts; S. 48, beide
agrarfoto.com: S. 5, unten; S. 12, rechts
Max Rubner-Institut: S. 18-19, mitte
Christina Waitkus: S. 44-45

Erscheinungsweise:
Zweimal jährlich
Nachdruck, auch auszugsweise, mit Quellenangabe zulässig.
(Belegexemplar erbeten)
Möchten Sie den ForschungsReport kostenlos abonnieren?
Wenden Sie sich an die Redaktion.
ISSN 1863-771X

Senat Bundesforschung
Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft