

Von der Einfalt der Wissenschaft und der Vielfalt der Mikroben

HERIBERT CYPIONKA

Biologie als offenes Buch?

Die Biologie hat in der jüngsten Vergangenheit gewaltige Fortschritte zu verzeichnen. Besonders die Molekularbiologie hat uns ungeahnte Einblicke eröffnet. Das Genom des Menschen ist entschlüsselt. Ein Gewaltverbrecher muss damit rechnen, auch noch nach Jahrzehnten anhand von DNA-Spuren aus wenigen Zellen identifiziert zu werden. Kürzlich wurde festgestellt, dass der Gletschermann Ötzi vor 5000 Jahren als letzte Mahlzeit Rotwild gegessen hatte. In meiner eigenen Arbeitsgruppe versuchen wir, Bakteriengemeinschaften in mehrere hunderttausend Jahre alten marinen Sedimenten zu analysieren (Coolen et al. 2002). In der Forschung und der Biotechnologie lassen sich zu Testzwecken Mutanten herstellen, die molekulare Reaktionsmechanismen aufklären helfen oder die Massenproduktion von Enzymen oder Hormonen ermöglichen. So entsteht der Eindruck, dass die Biologie nun wie ein offenes Buch vor uns liegt. Ihre wichtigsten Fragen scheinen leicht beantwortbar geworden zu sein. Manchmal entsteht der Eindruck, es gäbe kaum noch wirklich neue wichtige Fragen.

Im Folgenden möchte ich diesem Eindruck mit einigen Vorbehalten, mit Bescheidenheit, Selbstkritik, aber auch mit neuer Hoffnung begegnen. Ich möchte Ihnen beweisen, dass die Biologie nicht vor ihrem erfolgreichen Abschluss steht, indem nur noch brav Messdaten in bereits angelegte Tabellen eingefügt werden,

sondern dass wichtige Fragen noch offen sind und neue wichtige dazu kommen werden. Dabei werde ich ein wenig Wissenschaftskritik üben und zeigen, dass wissenschaftliches Arbeiten uns gerade in der Biologie in die Irre führt, dass wir kein endgültiges vollständiges Wissen erwerben können, dass Wissenschaft uns geradezu systematisch einfältig macht. Nur ein Aspekt unter vielen ist dabei die Frage nach der ungeheuren Diversität der Mikroben, auf die ich ein wenig ausführlicher eingehen werde.

Das Maikäfer-Experiment

Lassen Sie uns betrachten, wie wissenschaftliches Arbeiten vor sich geht, und zwar an Hand des Maikäfer-Experiments (an dessen die Herkunft in der Literatur ich mich leider nicht mehr erinnere): Ein Wissenschaftler setzt einen Maikäfer auf seinen Handrücken, haucht ihn an, sagt "Maikäfer flieg" und beobachtet, wie der Brummer kurz darauf davon fliegt. Er wiederholt das Experiment mit mehreren Käfern und macht genaue Notizen. Dann schneidet er dem Maikäfer die Flügel ab und stellt fest, dass er nun nicht mehr fliegt. Seine Eintragung in das Protokollbuch: "Ein Maikäfer, dem man die Flügel abschneidet, kann nicht mehr hören."

Wer darüber lacht, sollte sich klar machen, dass unser Forscher wissenschaftlich gearbeitet hat. Die Methode entsprach der Vorschrift. Auch inhaltlich hätte er ja sogar Recht haben können. Viele Insekten hören

immerhin mit den Fühlern, manche erzeugen Töne mit ihren Flügeln. Das falsche Ergebnis ist durch die Art der implizierten Fragestellung (Hypothese) und die einfache Schlussfolgerung bedingt. Wir sollten uns selbst klar machen, dass wir in vielen Fällen ohne entsprechendes Vorwissen ebenso kläglich mit unserer Wissenschaft scheitern, und zwar besonders leicht in der Biologie, und dort besonders, wenn wir uns mit Mikroben beschäftigen. Die Einzeller stellen nämlich vollständige Organismen dar. Alle Lebensfunktionen sind auf kleinstem Raum untergebracht. Viele Bestandteile der Zelle haben ganz offensichtlich vielfältige Funktionen. Und die Frage nach einer Funktion ist ebenso schlecht gestellt wie die nach der Funktion einer menschlichen Hand.

Weshalb ist der Frosch grün?

Die Frage, weshalb der Frosch grün ist, scheint leicht zu beantworten. Natürlich, damit er sich im Gras besser vor dem Storch verstecken kann. Diese Antwort ist allerdings falsch. Der Frosch selbst weiß wahrscheinlich nicht, dass und weshalb er grün ist. Auch die meisten Menschen - die sich doch als intelligente als "Krone der Schöpfung" empfinden - wissen wohl nicht, dass sie in der Tränenflüssigkeit einen Stoff namens Lysozym absondern, "um" damit Bakterien auf der Augenoberfläche aufzulösen.

Eine richtige, aber sicher unbefriedigende Antwort auf die oben gestellte Frage wäre etwa: Der Frosch ist grün, weil er entsprechende Pigmente in seiner Haut hat. Ein wissenschaftlicher Erklärungsversuch müsste hingegen etwa so lauten: Von allen Farbvarianten, die zufällig im Laufe der Evolution aufgetreten sind, hatten grün pigmentierte Exemplare die höchsten

Überlebens- und Fortpflanzungsraten, wahrscheinlich, weil sie besser getarnt waren als anders gefärbte Exemplare. Die wissenschaftliche Erklärung gibt keine Begründung, weshalb etwas so geworden ist, wie wir es vorfinden, sondern beruht auf der Annahme, dass es dem Organismus Vorteile gebracht haben dürfte, dass es so ist. Sie geht davon aus, dass die Evolution nicht zielgerichtet (final, teleologisch), sondern aufgrund zufälliger Veränderungen und einer anschließenden Selektion abläuft. Es ist also letztendlich konservierter Zufall, dass der Frosch grün ist. Diese Erklärung lässt uns doch ein wenig unbefriedigt, weil sie das Sinnhafte der Farbe, das uns so offensichtlich erscheint, nicht berücksichtigt.

Wie lange wird es den *Homo sapiens* noch geben?

Die 'richtige Wissenschaft' scheint also nicht nach Sinnzusammenhängen zu fragen, sondern wissenschaftliche Daten korrekt auszuwerten. Und so bin ich heute (nach einem Artikel von Gott, 1993) in der glücklichen Lage, Ihnen mitteilen zu können - und zwar mit 90 % Wahrscheinlichkeit - wie lange es noch Menschen auf der Erde geben wird.

Gebrauchsgegenstände wie ein Sofa, Socken oder eine Tube Zahnpasta haben eine Lebensspanne, die jeweils typisch für sie ist. Dasselbe kann man auch für Arten von Lebewesen annehmen. Wenn Sie nun durch die Wohnungen in Ihrer Stadt gehen, werden Sie wenige ganz neue und wenige sehr alte Gegenstände finden. Zu einem in keiner Weise hervorgehobenen Zeitpunkt gilt im Mittel ganz einfach: 5 % der Gegenstände befinden sich in den ersten 5 % ihres Daseins, 5 % in den letzten 5%, der Rest also 90 %, dazwischen. Dasselbe gilt

für das Alter der Leute, die man auf einem Markplatz trifft, jedenfalls an einem 'normalen' Zeitpunkt, wo nicht etwa ein Rock-Konzert für eine Selektion des Publikums sorgt.

Wenn ich nun weiß, wie alt etwas ist, kann ich wissenschaftlich korrekt (nach Gott!) eine wahrscheinliche Lebenserwartung berechnen. Eine Tube Zahnpasta, die seit 10 Tagen in Benutzung ist, hat demnach mit 90 % Wahrscheinlichkeit eine weitere Lebenserwartung von mehr als 0.5 Tagen ($[10/0.95] - 10$) und weniger als 190 Tagen ($[10/0.05] - 10$). Angewendet auf die Species *Homo sapiens*, die es seit etwa 270 000 Jahren gibt, gilt entsprechend: Die Lebenserwartung des *Homo sapiens* liegt mit 90 % Wahrscheinlichkeit zwischen weiteren 14 200 und 5.13 Millionen Jahren. Die erste Zahl scheint ja für die nächsten Generationen beruhigend, die zweite doch enttäuschend niedrig. Die Erde beherbergt immerhin seit 3 800 Millionen Jahren Leben. Das verblüffend einfache Vorgehen lässt einen jedoch unbefriedigt. Die Berechnung ist korrekt. Aber das Wissen, das hinein gesteckt wurde, ist minimal, lediglich das aktuelle Alter. Als Biologe weiß ich, dass Populationen sich nur sehr wenige Generationen lang in einer exponentiellen Wachstumsphase befinden können wie die Menschheit im Moment. Oft kommt es dann am Ende dieser Phase zum katastrophalen Zusammenbruch. Außerdem ist in keiner Weise berücksichtigt, dass die Menschheit seit 50 von den 270 000 Jahren die technische Möglichkeit 'gewonnen' hat, alles Leben - vielleicht bis auf das der Mikroben - an einem Tag auszulöschen. Auch würde die Lebenserwartung eines Menschen nach diesem Verfahren von Jahr zu Jahr größer werden, auch wenn Gebrechlichkeit und Krankheiten zunehmen. Das Berücksichtigen weiterer Informationen ist

im Rahmen dieser statistischen Herangehensweise nicht erlaubt. Das bedeutet: Die schönsten wissenschaftlichen Berechnungen gelten nur, solange wir uns dumm stellen.

Tragen wir alle Rollstuhl-Gene?

Nachdem nun das Genom des Menschen wie das inzwischen zahlreicher anderer Organismen entschlüsselt ist, scheint es so, als ob Funktionszusammenhänge nun leicht durchschaut werden können. So kennt man einzelne Mutationen, die mit hoher Wahrscheinlichkeit bestimmte Krankheiten auslösen, etwa eine bestimmte Krebserkrankung. So wurde etwa ein 'Brustkrebs-Gen' und auch eines für 'Vergesslichkeit' entdeckt. Allerdings muss man sich klar machen, dass das Verständnis der Ursache einer Fehlfunktion - obwohl es segensreiche Heilungsmöglichkeiten eröffnen kann - noch lange nicht erklärt, welche Funktion das entsprechende Gen normalerweise erfüllt. So müsste man - entsprechend der Folgen im Falle einer Fehlfunktion - die Gene, die die Entwicklung unserer Beine auslösen, als Rollstuhl-Gene bezeichnen. Die einfache monokausale Funktions-Zuweisung greift offensichtlich zu kurz.

Die Kenntnis des Genoms liefert nämlich zunächst nur eine lineare Zeichenkette von etwa drei Milliarden Zeichen aus einem Alphabet mit vier Buchstaben. Nur ein geringer Teil davon scheint beim Menschen aus sinnvollen Sequenzen zu bestehen, die tatsächlich in Proteine umgesetzt werden. Beim Menschen sind es etwa 40 000 Gene, übrigens nur etwa zehnmal mehr als bei einem Bakterium. Die meisten der Gene lassen sich sogar einer Funktion oder Funktionsgruppe zuweisen. Und wir kennen damit fast alle Moleküle die unsere

Lebensfunktionen tragen. Allerdings lässt sich aus der Gensequenz nicht das Leben verstehen, das in der mehrdimensionalen Raum-Zeit abläuft. Unser tägliches Leben verläuft in der Regel gesetzeskonform und verstößt nicht gegen Vorschriften des bürgerlichen Gesetzbuches oder gar des Strafgesetzbuches. Trotzdem würde ich nicht versuchen, das Leben eines Menschen und schon gar nicht das Zusammenleben in der Gesellschaft aus Gesetzbüchern - oder dem Genom - rekonstruieren zu wollen.

Wodurch unterscheiden wir uns vom Affen?

Ihr Nachbar ist Ihnen, was die Gensequenzen seines Genoms betrifft, zu mehr als 99.9 % ähnlich. Trotzdem sind die Unterschiede zwischen einzelnen Menschen offensichtlich. Worauf sind die zurückzuführen? Sicher spielen Erziehung oder andere Einflüsse aus der Umwelt eine Rolle, aber wie können sie sich ausprägen angesichts fast gleicher Gene? Dies sind natürlich Fragen der Entwicklungsbiologie und damit der Regulation. Tatsächlich besteht ein großer Teil der Gene aus solchen, die mit Regulation zu tun haben. Wie die Regulationsmechanismen funktionieren und zusammen arbeiten, wird die große Frage der Biologie bleiben. Auch der Nobelpreis 2002 für Medizin ist an Sydney Brenner und Kollegen für Arbeiten vergeben worden, die sich mit Fragen der Regulation (in diesem Fall dem programmierten Zelltod, der so genannten Apoptose) beschäftigen.

Die DNA-Sequenzen eines Schimpansen unterscheiden sich von denen des Menschen nur um etwa 5 %. Der Schimpanse gehört einer anderen Gattung an. Später werden wir sehen, dass bei den Bakterien bis zu 30 % Unterschiede in der DNA-Sequenz in einer Art akzeptiert

werden. Was aber macht den Unterschied zwischen Mensch und Affe aus? Hierzu sind kürzlich sehr interessante Versuche veröffentlicht worden. Man hat geprüft, welche Proteine in Leber und Gehirn von Mensch und Schimpanse nachweisbar sind. Dabei sollte klar sein: Jedem Protein entspricht ein Gen, und das gesamte Genom befindet sich in jeder Zelle sowohl der Leber als auch des Gehirns. Es zeigte sich nun, dass die Proteine der Leber von Mensch und Affe sehr ähnlich waren, während im Gehirn sehr große Unterschiede nachzuweisen waren. Offensichtlich werden also in der Leber für die Stoffwechsel-Grundfunktionen dieselben Proteine benötigt und ausgeprägt. Im Gehirn des Menschen sind jedoch andere Gene angeschaltet als bei Affen. Wir unterscheiden uns also wesentlich durch Regulationsmechanismen vom Affen.

Vom Einfachen zum Komplexen

Die letzten Jahrhunderte war das naturwissenschaftliche Denken von der Physik geprägt. Diese ist auf ganz wenige grundlegende Gesetze zurückzuführen. Newton hat gesagt: Nature is pleased with simplicity. Und noch heute suchen die Physiker nach der einen Weltformel, die alle elementaren Kräfte in Beziehung setzen soll.

Lassen Sie uns eine kleine Aufgabe zur Demonstration lösen: Ergänzen Sie die Zahlenreihe 3, 4, 6, 9, ... Mit geschultem Blick werden Sie schnell auf die Zahlen 13 und 18 kommen, indem sie jeweils um Eins ansteigende Differenzen bilden:

$$x_n = x_{n-1} + n-2$$

Da es kaum eine einfachere Lösung geben kann, sind Sie sicher, dass Sie richtig

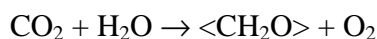
liegen. Ich aber behaupte, die folgenden Zahlen sind 24 und 464, und zwar nach der Vorschrift:

$$x_n = (x_{n-1})^2 - (x_{n-2})^2 - 10 \cdot (n-1) - 1$$

Wir haben gelernt, die einfachste mögliche Erklärung eines Zusammenhangs als die beste anzunehmen. Es gibt aber keinen Grund, weshalb nicht auch ein komplizierter Zusammenhang gegeben sein könnte. Und gerade in der Biologie haben wir es mit komplizierten Wegen und Mechanismen zu tun. Die Biologie folgt meistens typischen Umwegen, die von unserer 'Standard'-Wissenschaft nicht gern begangen werden.

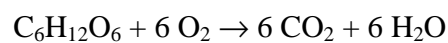
Begriffskritik und biologische Umwege

Wissenschaft definiert Fachbegriffe und Formeln, um damit ihre Gegenstände und Vorgänge zu beschreiben. Auch damit müssen wir uns kritisch auseinander setzen, nicht zuletzt mit dem Artbegriff. Betrachten wir die elementare Formel der Biomassebildung durch Photosynthese, der wir indirekt alle unser Leben verdanken:



Aus Kohlendioxid und Wasser wird Biomasse (hier als $\langle \text{CH}_2\text{O} \rangle$ vereinfacht dargestellt) gebildet und Sauerstoff freigesetzt. Aus dieser photosynthetischen Primärproduktion beziehen Konsumenten und auch wir unter Sauerstoffverbrauch unsere Lebensenergie und Nahrung. Die Formel legt nahe, dass Sauerstoff aus CO_2 freigesetzt wird und Wasser an Kohlenstoff gebunden wird. Tatsächlich lässt sich aber mit markiertem Sauerstoff (Analyse von stabilen ^{18}O -Isotopen im Massenspektrometer) nachweisen, dass O_2

ausschließlich aus Wasser gebildet wird. Tatsächlich müssen zwei Wassermoleküle gespalten werden, um O_2 zu bilden. Eines wird jedoch wieder gebildet, wenn das CO_2 ein Sauerstoffatom abgibt. Die richtige Summengleichung beschreibt also die Vorgänge in der Zelle nicht korrekt, da diese biologische Umwege einschlägt. Diese Aussage lässt sich für viele andere Reaktionen genauso machen. Bei der zellulären Glucose-Oxidation mit Sauerstoff gemäß der Summengleichung



reagiert Sauerstoff nicht direkt mit der Glucose. Auch werden für den Abbau zunächst sechs Wassermoleküle benötigt und nachher zwölf gebildet, was der Gleichung nicht anzusehen ist. Man kann sagen, dass chemische Gleichungen biologische Prozesse verkürzt und damit verfälscht angeben. Leben besteht wesentlich im Durchlaufen von typischen Umwegen.

Für die Verwendung von Begriffen gilt derselbe Vorbehalt wie für Formeln. So findet man den Begriff Elektronentransport-Phosphorylierung oder oxidative Phosphorylierung in fast jedem Biologie-Lehrbuch der Oberstufe. Er stammt aus der Zeit, da man beobachtet hatte, dass der Atmungsprozess mit einer Phosphorylierung von ATP gekoppelt war. Tatsächlich weiß man aber seit über dreißig Jahren, dass die ATP-Bildung unabhängig von der Oxidation ist, und an anderen Stellen der Membran von Mitochondrien oder Bakterienzellen abläuft. Der Begriff verdeckt den biologischen Umweg und erschwert damit das Verständnis der tatsächlichen Zusammenhänge.

Artbegriff

Dies gilt auch für den Artbegriff, wenn man ihn auf Prokaryoten anwendet. Die klassische Definition einer Art besagt: Mitglieder einer Art können zusammen fruchtbare Nachkommen erzeugen. Diese Definition setzt natürlich sexuelle Fortpflanzung voraus. Bakterien hingegen vermehren sich asexuell durch Zweiteilung (auch wenn es bei ihnen durchaus einige Möglichkeiten der Übertragung genetischen Materials gibt). Ihnen wurde der Artbegriff übergestülpt, ohne dass er angemessen wäre.

Heute haben wir aber die Molekularbiologie, die es erlaubt, nicht nur eine taxonomische Einordnung auch von Prokaryoten zu machen, sondern das System auch noch in Übereinstimmung mit der phylogenetischen Abstammung zu erstellen. Der Artbegriff wird immer noch benutzt, in pragmatischer, aber vielleicht doch nicht immer sinnvoller Weise. Eine Art wird anhand verschiedener molekularbiologischer und physiologischer Merkmale abgegrenzt. Dabei stimmen die verschiedenen Kriterien aber nicht immer miteinander überein. So sollten Mitglieder einer Bakterien- oder Archaeen-Art eine DNA-Sequenzhomologie von mehr als 70 % aufweisen. Der Anteil der Basen Guanin und Cytosin in der DNA sollte sich nicht mehr als 5 % unterscheiden. Das am häufigsten genutzte Kriterium liefert aber heute die ribosomale 16 S-RNA, in deren Sequenz Mitglieder einer Prokaryoten-Art zu mehr als 98 % Übereinstimmung haben sollten.

Der Stammbaum aller Lebewesen nach der ribosomalen 16 S-RNA

Ribosomen sind die Zentren der Proteinbiosynthese in jeder Zelle, vom

Bakterium bis zum Elefanten. Sie enthalten zahlreiche Proteine und drei Typen von RNA. Man hat einen Typ, die so genannte 16 S-rRNA (bei Eukaryoten 18 S-rRNA), die etwa 1500 Nukleotide lang ist, heute von vielen tausend Organismen analysiert. Unter der Annahme, dass relative Übereinstimmungen und Unterschiede in der Sequenz auf mehr oder weniger enge Verwandtschaft und evolutionäre Distanz zurückzuführen sind, wurde der Stammbaum aller Lebewesen neu konstruiert.

Dieser phylogenetische Stammbaum (Abb. 1) zeigt, dass die Spannbreite der Diversität - zunächst ohne eine Betrachtung der Anzahl der Arten - ganz wesentlich auf die Prokaryoten, also die Eubakterien und Archaeen zurückzuführen ist. Die uns augenscheinliche Diversität der Pflanzen und Tiere nimmt sich hingegen sehr bescheiden aus.

Artenzahl und Diversität der Prokaryoten

Man schätzt heute die Anzahl der Tierarten auf mehr als 1 Million, drei Viertel davon Insekten. Die Anzahl der Pflanzenarten wird auf etwa 750 000 geschätzt, die der Pilze auf 70 000, die der Protozoen und Algen auf jeweils etwa 30 000. Von den Bakterien und Archaeen gibt es hingegen weniger als 6000 beschriebene Arten. Diese Zahl kann man nur als lächerlich bezeichnen. Sie steht in Widerspruch zu der Bandbreite der Diversität, die sich aus dem phylogenetischen Stammbaum ergibt. Die Zahl ist natürlich auf unseren Artbegriff und unsere begrenzte Wahrnehmung der Diversität der Prokaryoten zurückzuführen.

Bereits im Mund eines Menschen lassen sich mit molekularbiologischen Methoden

500 verschiedene Prokaryoten nachweisen (Abb. 2). Dabei handelt es sich um einen Standort mit sehr speziellen Bedingungen. In 30 g Waldboden wurde eine Zahl von 13 000 verschiedenen DNA-Typen ermittelt (Torsvik et al. 1990). Eine sehr vernünftige Abschätzung der Diversität der Prokaryoten durch Dykhuizen (1998) kommt zu einer Artenzahl von 1 Milliarde Arten. Dabei wurde angenommen dass, die DNA-Sequenz 70 % Übereinstimmung in einer Art aufweisen sollte, während wir Menschen uns vom Schimpansen nur um 5 % darin unterscheiden.

Ursachen für die prokaryotische Diversität

Dass die Zahl von 1 Milliarde Prokaryoten-Arten keine phantastische Übertreibung sein dürfte, kann man sich mit wenigen Überlegungen klar machen. Prokaryoten weisen mit gewaltigem Abstand die größte physiologische Diversität auf. Die Lebensweisen der Pflanzen und Tiere sind beschränkt auf den photolithoautotrophen Typ der Photosynthese treibenden Pflanzen und den chemoheteroorganotrophen Typ der Tiere und Pilze. Die Prokaryoten haben hingegen eine Vielfalt von weiteren Kombinationen entwickelt. Diese Stoffwechselformen sind in der Evolution und auch noch heute essenziell für die Kreisläufe von Kohlenstoff, Stickstoff, Schwefel, Phosphor und anderen Elementen.

Wie blind und unwissend wir in Bezug auf die Vielfalt der Mikroben sind, mag auch durch ein anderes Beispiel belegt werden: Das größte bekannte Bakterium, *Thiomargarita namibiensis* kann man mit dem bloßen Auge sehen. Dennoch wurde es erst 1999 entdeckt (Schulz et al. 1999).

So dürfte sich in jeder der 750 000 Insektenarten eine unbekannte Art von Bakterien nachweisen lassen. Wir finden an jedem untersuchten Standort Bakterien mit bisher unbekanntem Eigenschaften. Allerdings beschreiben wir nur neue Arten, wenn sich damit ein über die Artbeschreibung hinaus gehendes Interesse verbindet.

Ein weiteres großes Problem stellt die Tatsache dar, dass wir kaum in der Lage sind, die vielen verschiedenen Bakterien aus einem Standort im Labor zum Wachstum zu bringen. An den meisten Standorten wachsen weniger als 1 % der Bakterien auf unseren Medien, an vielen sind es um Größenordnungen weniger. Die molekularbiologischen Verfahren helfen uns nun aber, die Diversität auch ohne vorherige Kultivierung im Labor zu erfassen. Als Beispiel zeige ich ein Bild (Abb. 3), auf dem der oberste Zentimeter des Sandwatts der Nordseeinsel Schiermonnikoog nach einer Gruppe von Bakterien (Sulfatreduzierer) durchsucht wurde (Wieringa et al. 2000). Jede Bande der Abbildung entspricht einem anderen Bakterium. Man sieht, dass manche überwiegend in den obersten 2 Millimetern auftreten, während andere erst darunter einen höheren Anteil an der Gemeinschaft haben.

Nehmen wir einmal an, dass eine menschliche Generation etwa 10 000 Tage, das sind etwa 27 Jahre, dauert; dann hat der *Homo sapiens* 10 000 Generationen hinter sich. Unsere Darmbakterien hingegen, haben eine Generationszeit von weniger als einem Tag. Andernfalls würden sie durch den täglichen Stuhlgang aus dem Darm verschwinden. Das heißt aber, innerhalb der Generationszeit eines Menschen haben seine Darmbakterien ebensoviele Generationen, wie der *Homo sapiens*

insgesamt. Um die im Darm ablaufende Evolution abzuschätzen, sollte man aber auch noch die Individuenzahlen berücksichtigen. Hier beträgt die der Menschen derzeit fast 10^{10} , die meiste Zeit lag sie um mehrere Größenordnungen darunter. Die der Bakterien im Darm eines Menschen beträgt etwa 10^{13} ist also mindestens tausendfach höher. Das heißt: Im Darm eines einzigen Menschen hat die Evolution Tausend Mal mehr Selektionsmöglichkeiten als unter den Menschen in ihrer gesamten Geschichte.

Hinzu kommt, dass natürlich der Mensch nur einen winzigen Bruchteil der mikrobiellen Standort darstellt. Von den Insekten war schon die Rede. Hinzu kommen aber die Meere und vor allem Sedimente weitere unterirdische Standorte. Die globale Biomasse der Prokaryoten wird auf 10 bis 60 % der aller Eukaryoten geschätzt (Whitman et al. 1998). Viele davon leben in Standorten, die über lange Zeiten getrennt von anderen bleiben. Dies sind ideale Bedingungen für die Entstehung neuer Arten, wie man seit Darwins Untersuchungen über die Galapagos-Inseln weiß.

Nicht zuletzt muss auch die zeitliche Perspektive berücksichtigt werden. Prokaryoten gibt es seit mindestens 3 800 Millionen Jahren, den Menschen seit 270 000. Die Mikroben haben daher auch die längste Evolution hinter sich. Man kann sie ohne Einschränkung als die am höchsten entwickelten Lebewesen bezeichnen. Die geringe Größe sollte man keinesfalls als Primitivität abwerten. Die Devise heißt: klein und dadurch aktiv und flexibel. Andererseits sind vielleicht die erfolgreichsten Prokaryoten die, die es geschafft haben sich als Organellen in den Zellen der so genannten höheren Pflanzen und Tiere vermehren zu lassen. Die

Chloroplasten als die Organellen der Photosynthese in Algen und grünen Pflanzen, sowie die Mitochondrien als die Energieversorger der Zellen der Eukaryoten sind nämlich längst als ehemalige Bakterien entlarvt. Sie sind offensichtlich eingewandert in Eukaryoten und haben sie dazu gebracht, sie fürderhin innerhalb größerer Strukturen optimal zu versorgen.

Schlussfolgerung

Zusammenfassend lässt sich sagen: Das vereinfachende lineare Denken führt in der Biologie kaum zum Erfolg. Nobelpreisträger Sydney Brenner sagt dazu: "Es gibt in der Biologie nun einmal keinen allgemein gültigen Weg, wie man etwas verstehen kann. Biologie ist das Gebiet, in dem das Beispiel alles ist. Es ist nicht Beispiel für irgendetwas anderes. Es ist, was es ist. Und zwar, weil es auf die Details ankommt." Hilfreich kann es sein, stets den 'biologischen Umweg' entdecken zu wollen. Dabei darf man sich nicht durch Begriffe und Definitionen, die den Phänomenen nicht gerecht werden, irre führen lassen. Die Biologie kann die Jahrhundertwissenschaft werden - aber einfach wird das nicht!

Literatur

COOLEN, M. J. L., CYPIONKA, H., SASS, A., SASS, H., OVERMANN, J. (2002) Ongoing modification of Mediterranean Pleistocene sapropels by green nonsulfur bacteria and crenarchaeota. *Science* 296, 2407-2410.

CYPIONKA, H. (2002): Grundlagen der Mikrobiologie, 2. Aufl., Springer-Verlag, Berlin Heidelberg New York .

GOTT, R.J. (1993) Implications of the Copernican principle for our future prospects. *Nature* 363, 315-319

TORSVIK, V., GOKSOYR, J., DAAE, F. L. (1990) High diversity in DNA of soil bacteria. *Appl. Env. Microbiol.* 56, 782-787

DYKHUIZEN, D.E. (1998) Santa Rosalia revisited: Why are there so many species of bacteria? *Antonie van Leeuwenhoek* 73, 25-33

SCHULZ, H. N., BRINKHOFF, T., FERDELMANN, T.G., HERNANDEZ M., TESKE, A., JØRGENSEN, B.B. (1999) Dense

populations of a giant sulfur bacterium in Namibian shelf sediments. *Science* 284, 493-4

WIERINGA, E.B.A., OVERMANN, J., CYPIONKA, H. (2000) Detection of abundant sulphate-reducing bacteria in marine oxic sediment layers by a combined cultivation and molecular approach. *Environ. Microbiol.* 2,417-427

WHITMAN, W.B., COLEMAN, D.C., WIEBE, W.J. (1998) Prokaryotes: The unseen majority. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 95, 6578-6583

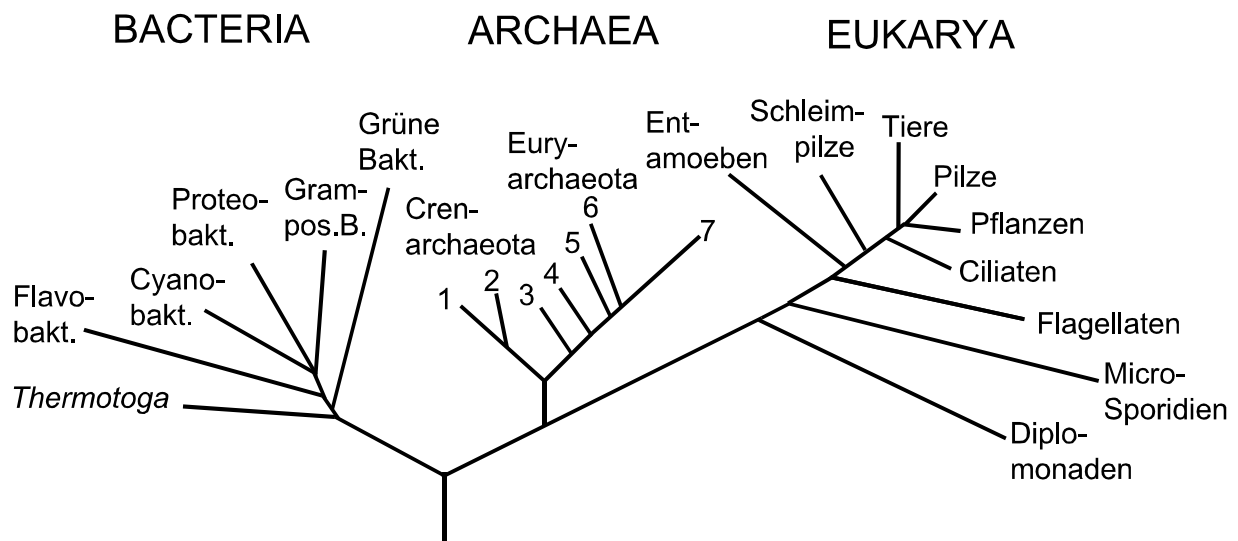


Abb. 1 Phylogenetischer Stammbaum aller Lebewesen an Hand der ribosomalen 16S-RNA. Die Bandbreite der Diversität ist wesentlich auf die Evolution der Mikroorganismen zurück zu führen. Die uns augenscheinliche Vielfalt der Pflanzen und Tiere nimmt sich hingegen bescheiden aus.



Abb. 2 Blick auf eine Mundschleimhautzelle einer gesunden Oldenburger Studentin (Cypionka 2002, Maßstab = 10 μm). Die Besiedlung mit sich teilenden Bakterien ist beeindruckend. Die Vielfalt der Bakterien ist hingegen im Mikroskop nicht zu erkennen.

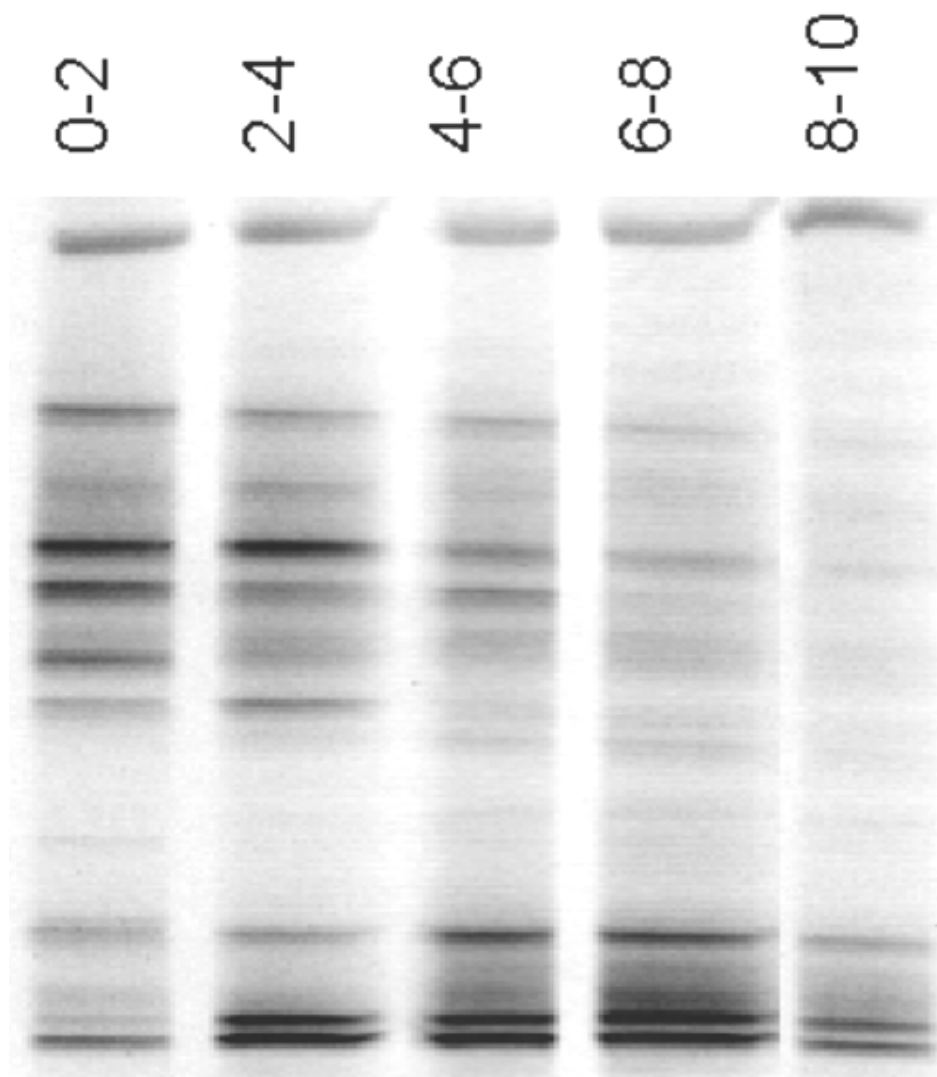


Abb. 3 Phylogenetische Diversität einer eng begrenzten Gruppe von Bakterien in den obersten zehn Millimetern des Sandwatts der Insel Schiermonnikoog (Wieringa et al. 2000). Jede Bande entsteht aus der ribosomalen 16 S-RNA eines anderen Sulfat reduzierenden Bakteriums. Offensichtlich bevorzugen die verschiedenen Bakterien jeweils spezielle Schichten bereits auf einer Skala von nur 2 mm.