

DIE ZWEITE SCHÖPFUNG

— IST AUSSTERBEN ENDGÜLTIG?

Es scheint zu den rational kaum fassbaren Eigenschaften des westlichen Menschen zu gehören, dass er Verlorenes höher bewertet als noch Bestehendes.

Heinz F. Moeller, „Der Beutelwolf“

Schon vor mehr als zweitausend Jahren dämmerte den griechischen Philosophen, dass wenig nur in ihrer gewohnten Umgebung von wirklicher Dauer war. „*Panta rei*“ lautete ihre weise Schlußfolgerung, alles fließt. Bio- und Geowissenschaftler besitzen heute handfeste Beweise für die dumpfe Ahnung der alten Griechen – die Konstanz der Welt beruht allein auf ihrem steten Wandel.

Nicht nur die belebte Natur folgt diesem Grundsatz. Kontinente driften auf zähflüssigem Magma des Erdmantels dahin, falten Schollen zu Gebirgen, lösen Erdbeben aus und gebären vulkanische Inseln aus unterseeische Bruchzonen, während anderswo Land im Meer versinkt. Selbst die Umlaufbahn der Erde um die Sonne unterliegt, mathematisch beschreibbar, zyklisch wiederkehrenden Schwankungen.

Immer wieder resultierten daraus im Laufe der Erdgeschichte drastische Änderungen des Weltklimas. Schwankende Meeresspiegel und heftige Temperaturwechsel bedingten zwangsläufig eine hohe Anpassungs- und Wandlungsfähigkeit der überlebenden Tier- und Pflanzenarten. Mitunter geschah der Wechsel der Lebensbedingungen jedoch zu rasch. Massenaussterben markieren die Grenzen zwischen geologischen Großräumen. Im ausgehenden Erdaltertum vor zweihundertfünfundzwanzig Millionen Jahren verschwanden rund fünfundneunzig Prozent aller Tier- und Pflanzenarten von der Bühne des Lebens und das Aussterben der Dinosaurier markiert am Ende der Kreide den Übergang in die Neuzeit. Zumindest in letztem Fall existieren überzeugende Indizien, dass kosmische Mächte den Niedergang der Riesenreptilien herbeiführten.

Die anschließende explosionsartige Ausbreitung neuer Arten scheint zu unterstreichen, was viele Evolutionsforscher heute vermuten: Phasen relativer Konstanz werden punktuell durch Ereignisse gestört, die globalen Dramen nahe kommen. Eine der vorläufig letzten Katastrophen, die über die Lebewesen der Erde hereinbrach, könnte der Mensch gewesen sein.

Nie bisher hat eine Art so sehr das Bild des Planeten geprägt. Das Verschwinden der eiszeitlichen Megafauna in Australien, von Mammut und Wollnashorn in Nordamerika und Europa und das Aussterben nahezu aller großer Tierarten, fallen fast überall mit dem Aufstieg des *Homo sapiens* und seiner Ausbreitung über die Welt zusammen. Für viele Forscher ist dies kein Zufall.

Doch lückenlos ist die Indizienkette nicht. Direkte Nachweise, dass unsere Vorfahren sich vom Fleisch urzeitlicher Wollhaarmammuts ernährten, sind eher dürftig. In steinzeitlichen Abfallhaufen des Aurignacién finden sich neben Steinklingen und Speersitzen zwar auch Knochenreste von Mammuts, doch können die Tiere ebenso gut an anderen Stellen auf natürliche Weise in Folge von Dürren gestorben sein. Sehr wahrscheinlich haben letztlich viele Faktoren zum Aussterben der meisten prähistorischen Großsäuger beigetragen.

Auch die Mammuts wurden wohl eher durch globale Klimawechsel hinweggerafft. Die klimatischen Schwankungen während der letzten 2,5 Mio. Jahre waren verglichen mit den moderaten Temperaturen von heute extrem und heftig. Mathematische Modelle zeigen, dass

im Zeitraum vor zweihunderttausend bis zehntausend Jahren die Temperaturen weltweit innerhalb weniger Jahrzehnte um mehr als zehn Grad Celsius steigen oder fallen konnten. Wenigstens dreimal sank die Durchschnittstemperatur so weit, dass sich gewaltige Eismassen bis tief ins heutige Mitteleuropa vorschoben. Die Gletscherausbreitungen bildeten nur die Speerspitzen der Eiszeit. Vor ihnen dehnte sich eine waldarme Heidelandschaft, die sogenannte Mammutsteppe, von Sibirien bis nach Frankreich.

Die großen warmblütigen Pflanzenfresser waren für anhaltende Kälte bestens gerüstet. Ihr dichtes Fell, die kleinen Ohren und die muskulöse Afterklappe als Wärmefach der Genitalien sprechen dafür. Doch genau diese Eigenschaften könnten den zotteligen Kreaturen mit den geschwungenen Stoßzähnen zum Verhängnis geworden sein. Spezialisiert für ein Leben im Dauerfrost, waren die Riesen nicht mehr in der Lage sich an wärmere Bedingungen anzupassen. Dem letzten dramatischen Temperaturanstieg seit Beginn des Holozäns vor zehntausend Jahren fielen auch die letzten kalten Rückzugsgebiete der Mammuts zum Opfer und damit auch sie selbst.

Schwindende Ressourcen und zurückgehende Fortpflanzungsraten brachten die Populationen über den Rand einer kritischen Größe. Ob menschliche Jägerpopulationen die Regionen in Europa und Nordamerika bevölkerten und in welcher Zahl, ist Gegenstand leidenschaftlicher Diskussionen und kaum überliefert. Vielleicht aber gab der jagende Mensch den Kolossen der Eiszeit tatsächlich den Rest.

Unstrittig ist hingegen, wer für den Exitus einer ganzen Reihe skurriler Tierarten verantwortlich zeichnet, die erst vor vergleichsweise kurzer Zeit von der Bildfläche unseres Planeten verschwunden sind. Quagga und Auerochse, Seeotter und Steller'sche Seekuh, Tarpan, Moa, Huia, Dodo und Beutelwolf stehen stellvertretend für den kurzsichtigen Umgang des zivilisierten Menschen mit den Ressourcen seiner Umgebung. Sie alle gehen ohne Zweifel auf das Konto der vorrückenden Europäer. Nordamerikanische Wandertauben, noch zu Beginn des 19. Jahrhunderts Zahlen von Milliarden gezählt, waren binnen weniger Jahrzehnte in Freiheit ausgemerzt. 1914 starb „Martha“, die letzte Wandertaube im Zoologischen Garten von Cincinnati.

Für einige der Opfer menschlicher Gier zeigt sich jetzt ein Silberstreif am Horizont. Genforscher in aller Welt basteln an ihrer Wiederauferstehung. Der Wunsch ausgestorbene Tierarten zurückzuholen hat viele Wurzeln. Ein schlechtes Gewissen wäre der ethisch vertretbarste Grund. Doch Schöpferwahn und die im Menschen tief verwurzelte Eigenschaft das unmöglich scheinende erreichen zu wollen, gesellen sich dazu. Zudem lockt die Aussicht auf schieren Profit. Trotz eklatanter Fortschritte in der Gentechnologie ist Skepsis angebracht. Noch steht die Wissenschaft vor nahezu unüberwindlichen Hindernissen. Weltweit hat ein Wettlauf darum begonnen, wer als erster die Geburt eines ausgestorbenen Fabelwesens zu vermelden hat. Selten konnten Wissenschaftler wie Scharlatane auf so viel öffentliches Interesse hoffen.

Eher zufällig stolpert der französische Abenteurer und Hobby-Mammutforscher BERNARD BUIGUES vor zwei Jahren in Sibirien über die gewaltigen Stoßzähne eines Mammutbullen, die ihm Nomaden vom Stamm der Dolganen zum Kauf anbieten. Doch BUIGUES ist weniger am Elfenbein, als an dessen Herkunft interessiert. Auf der Halbinsel Taimyr jenseits des Polarkreises ragen blanke Knochen und steif gefrorenen Fellbüschel aus dem Schnee. Im Permafrostboden unter dem Eis scheint der massige Körper eines riesigen Mammuts konserviert. Kopf und Rüssel sind zwar zerstört, doch Fell, Haut und innere Organe könnten im polaren Dauerfrost die Zeit überdauert haben.

Man hofft auf eine Sensation. Sollten auch die Spermien des im Alter von etwa siebenundvierzig Jahren verschiedenen Bullen die Jahrtausende überlebt haben, könnte in nicht allzu

ferner Zukunft ein Mammut-Baby das Licht der Welt erblicken - ausgetragen von einer Elefanten-Leihmutter.

Doch noch gibt es berechtigte Zweifel, dass in dem 26-Tonnen-Eiswürfel, der seit Anfang des Jahres in einem Permafrosttunnel im dreihundertachtzig Kilometer entfernten Chatanga in der nordsibirischen Tiefebene ruht, mehr verborgen sein könnte, als ein Haufen vergammelter Fellfetzen und gefrorener Matsch. Erste wissenschaftliche Untersuchungen sollen im Oktober beginnen.

Professor LARRY AGENBROAD von der Northern Arizona Universität in Flagstaff, der die Ausgrabungen in der Tundra leitete, sieht die Sache optimistisch. „Auch wenn wir zum gegenwärtigen Zeitpunkt nichts über den Zustand der Gewebe sagen können, ist unser Fund von den Bedingungen der Konservierung und den Umständen der Bergung her, einer der besten Kandidaten“, meint er. „Wenn wir gute DNA finden, stehen die Chancen für ein Klonen gut“.

Das Wort ist in aller Munde, seit Klon-Schaf Dolly im schottischen Hochland für Furore sorgte. Doch hinter dem scheinbar so einfachen Vorgang verbergen sich grundverschiedene Techniken (s. Kasten Klonen). Und die Aussichten auf Erfolg sind alles andere als hoch.

ALAN COOPER von der Universität in englischen Oxford hält es für unwahrscheinlich, dass es je gelingen wird, das Erbgut ausgestorbener Tiere erfolgreich in der Eizelle einer Leihmutter fortzupflanzen. „DNA wird durch Oxidationsprozesse und natürliche Strahlung unweigerlich zerstört“, sagt er. „Dieser Vorgang setzt unmittelbar nach dem Tod eines Tieres ein. Auch bei einer optimalen Konservierung, lassen sich selbst nach wenigen Jahrzehnten kaum noch DNA-Fragmente mit mehr als 500 Basenpaaren gewinnen – wenn überhaupt.“

Die Kritik ist berechtigt. Immerhin besteht das Erbgut hoch entwickelter Organismen aus bis zu zehn Milliarden Basenpaaren. Schiebt man Marcel Prousts Romanepos *„Auf der Suche nach der verlorenen Zeit“* durch den Reißwolf und greift aus den Schnipseln wahllos ein paar Hände voll heraus, nähert man sich in etwa der Situation, vor der Genforscher, die das Erbgut ausgestorbener Tierarten rekonstruieren wollen heute stehen. Der ursprüngliche Bauplan ist bis zur Unkenntlichkeit verstümmelt. Ganze Kapitel fehlen, ungeordnete Satzketten und einzelne Wörter bilden sinnlose Kombinationen ohne oder mit falschem Informationsgehalt.

Gleich mehrere, fast unlösbare Aufgaben kommen auf die Wissenschaftler zu. Winzigste DNA-Bruchstücke müssen zu sinnvollen Bausteinen zusammengesetzt und ergänzt werden. Kaum jemand hat eine Vorstellung davon, welche DNA-Abschnitte im Erbgut eines Mammuts einst welche Informationen codierten.

Diese Hürde ließe sich noch durch den Vergleich mit heute lebenden verwandten Arten wie dem Indischen Elefanten, umgehen. Doch bestehen große Abschnitte des Erbmaterials aus sogenannten repetitiven Sequenzen, deren Funktion vollkommen unbekannt ist. Beim Menschen machen sie bis zu dreißig Prozent der gesamten Erbinformation aus. Selbst wenn man diese Serien einfach mit dem Erbgut der nächsten Verwandten auffüllt, weiß niemand, welche Aufgaben die scheinbar funktionslosen Bereiche in der Regulation zellulärer Prozesse wahrnehmen.

Schließlich müßte die neu gewonnene DNA zu Chromosomen verpackt und in einen Zellkern eingeschleust werden. Die Proteine aber, auf denen die Doppelhelix der DNA zu Chromosomen verflochten wird, sind nicht vorhanden und wären außerdem wahrscheinlich artspezifisch. Das gleiche gilt für den Enzym-Hormon-Apparat, der in der mütterlichen Eizelle die Zellteilung steuert und anstößt. Noch ist der Weg also weit bis zum ersten neuzeitlichen Mammut.

Je nach den zur Verfügung stehenden technologischen Möglichkeiten würde das zu erwartende Ergebnis auch erheblich differieren. Sollte es gelingen, Bruchstücke der Erbsubstanz zu gewinnen und in das Genom eines heute lebenden Elefanten zu integrieren, käme höchstwahrscheinlich ein Organismus heraus, der einer völligen Neuschöpfung gliche. Gesetzt den Fall, das Neugeborene wäre überhaupt fähig zu überleben, entspräche es äußerlich wie genetisch vermutlich einer Chimäre aus Mammut und Elefant.

Ein Mammutfant wäre auch die logische Konsequenz aus der Verschmelzung einer unbefruchteten Eizelle eines Indischen Elefanten mit den Spermien eines urzeitlichen Mammutbullens. Doch reanimierbare oder gar intakte Spermien mit vollständigem genetischen Informationsgehalt zu finden ist alles andere als wahrscheinlich. „Nur etwa zehn Prozent der menschlichen Spermien sind nach einem Einfrieren noch lebensfähig“, sagt Professor GREGORY PENCE, Mediziner an der Universität von Birmingham, England. „Selbst mit lebenden Geweben hat es unzählige Versuche gekostet, damit neues Leben zu schaffen. Ich sehe keinen Grund, warum es mit toten Zellen besser funktionieren sollte.“

Doch selbst wenn, würde es drei bis vier Generationen der erfolgreichen Züchtung bedürfen bis aus dem rüsseltragenden Mischwesen ein beinahe reinrassiges Mammut entsteht. „Bei einem Wollmammut sind dies etwa vierzig Jahre“, klagt LARRY AGENBROAD, der kein Anhänger der künstlichen Befruchtungsmethode ist. Dabei ist fraglich, ob der kleine Zottel-elefant überhaupt Nachkommen zeugen könnte.

Die Komplikationen bei Züchtungen über Artgrenzen hinweg sind hinlänglich bekannt. Das Kreuzungsprodukt aus Löwe und Tiger ist ein sogenannter *Liger*, ein Löwe mit Mähne und Streifen an den Seiten. Solche Hybride sind jedoch meist unfruchtbar, wie die Beispiele von Maultier und Maulesel zeigen. Dabei sind Pferd und Esel noch vergleichsweise nah miteinander verwandt. Die Linien von Wollhaarmammut und Indischem Elefant haben sich aber schon vor etwa zwei Millionen Jahren getrennt. Ein wenig hoffnungsfrohes Vorzeichen für fruchtbare Nachfahren.

Einzig beim echten Klonen entspränge dem Leib der Elefantenmutter ein wirkliches Mammut. Auch dann stellte sich die Frage nach der Fortpflanzungsfähigkeit. Zunächst aber müßte der intakte oder regenerierte Zellkern eines Mammutbullens in die entleerte Eizelle einer Elefantenkuh transplantiert und dort zur Teilung angeregt werden.

Bisher ist diese Vorstellung reine Fiktion. Weder existieren die vollständig entschlüsselten Erbinformationen noch die technologischen Voraussetzungen, künstlich klonierte DNA in Eizellen anderer Arten zu reproduzieren. Doch auch die Vorstellung einen lebenden Organismus aus der Erbinformation ausdifferenzierter Körperzellen zu schaffen, gehörte noch vor wenigen Jahren in das Reich der Phantasie. Ein blökendes Schaf brachte diese Dogma zum Einsturz.

Grund genug für Forscher aus aller Welt an ihren Visionen festzuhalten. Am Australischen Museum in Sydney arbeiten derzeit MIKE ARCHER und DON COLGAN an der Wiederauf-ersterung des Tasmanischen Wappentieres. Der Beutelwolf rührt an einer offenen Wunde im nationalen Selbstverständnis der Tasmanier.

Immerhin wurde das Beuteltier mit den Tigerstreifen erst zu Beginn des vergangenen Jahrhunderts von europäischen Siedlern wissentlich und mit Unterstützung der Regierung ausgerottet. Dr. COLGAN ist fest davon überzeugt, dass der Mensch eine zweite Chance erhält, den Tasmanischen Tiger zu dem ihm gebührenden Respekt zu verhelfen. „Es gibt rund um die Welt zehn oder zwölf in Alkohol konservierte Beutelwolfjunge und mehrere hundert Häute und Skelette, die alle als DNA-Quelle in Frage kommen“, meint er. „Gleichzeitig erhalten wir damit eine Vorstellung von der genetischen Variationsbreite des Tasmanischen Tigers.“

Fehlende DNA-Stücke wollen die Forscher aus dem Genom des Tasmanischen Beutelteufels ergänzen. Der wehrhafte Geselle oder einer seiner näheren Verwandten käme auch als potentielle Austrägerart in Frage. Doch für eine erfolgreiche Wiedergeburt müssten nicht nur Artbarrieren, sondern gar Familiengrenzen überwunden werden. Zwischen heute lebenden Beutelmardern und dem Beutelwolf klaffen im Evolutionsablauf Lücken von wenigstens 30 Millionen Jahren.

Die Begründung durch die geplanten Genmanipulationen zur Tilgung einer kollektiven Schuld beizutragen, ruft bei anderen Wissenschaftlern, die mit der Thematik vertraut sind, eher Sarkasmus hervor. HEINZ MOELLER, Professor für Zoologie an der Universität Heidelberg in Deutschland, der eine Monografie über den *Thylacine* verfaßt hat, glaubt nicht an die glorreiche Rückkehr des eleganten Räubers: „Nach Kenntnis der Materie würde sich binnen ein bis zwei Jahren kein Mensch mehr um einen wiedererstandenen Beutelwolf kümmern.“

Noch sind auf dem Weg zur Rückkehr des gestreiften Jägers längst nicht alle Hürden genommen. Die australischen Forscher stehen vor den gleichen Schwierigkeiten wie ihre internationalen Kollegen, die Moas, Huias oder gar urzeitliche Reptilien wieder erschaffen wollen. Wenig bekannte Gene müssen identifiziert, vervollständigt und in künstliche Chromosomen verpackt werden. Auch liegt das Wissen über die Reproduktionsbiologie von Tasmanischem Teufel, Tüpfelbeutelmarde oder Numbat eher im Argen.

Wissenschaftler wie ALAN COOPER bezweifeln gar, dass aus den konservierten Embryonen überhaupt jemals brauchbare DNA zu gewinnen sein wird. „Ethanol ist ein denkbar schlechtes Konservierungsmedium für genetisches Material,“ behauptet er. „Dem Präparat wird Wasser entzogen und der Alkohol soweit verdünnt, dass die DNA hydrolytisch gespalten wird.“

COOPER spricht aus Erfahrung. Seine Untersuchungen an der DNA des Dodos, einer flugunfähigen Riesentaube, die Ende des 17. Jahrhunderts auf Mauritius von holländischen Seefahrern ausgerottet wurde, zeigen, dass es schwer möglich ist, aus dem kaum vierhundert Jahre alten Gewebe DNA-Abschnitte einer relevanten Länge zu isolieren. Zur Bestimmung der verwandtschaftlichen Verhältnisse ausgestorbener Vogelarten reichen diese Fragmente aus, um den *Dodo* aus dem Reich der Toten zurückzuholen, jedoch bei weitem nicht.

DIANA HILL von der Universität in Otago, Neuseeland, und ihrem Kollegen RHYS CULLEN scheint es gelungen, aus dem Knochengewebe ausgestorbener Moas und vom Huia, einem neuseeländischen Waldvogel, größere Mengen von DNA zu isolieren. Der elsterngroße Vogel mit dem metallisch buntem Gefieder und dem beim Weibchen schlank abwärts gebogenen, langen Stocherschnabel war ausschließlich in den Waldregionen der neuseeländischen Inseln beheimatet.

Von Zoologen wird er zur Familie der Lappenvögel gezählt, die als namensgebendes Merkmal ein meist orangefarbener Hautfetzen in jedem Schnabelwinkel schmückt. Den Attacken der ersten polynesischen Siedler auf Neuseeland hatten Moas, die entfernt mit Kiwis verwandt sind, trotz wehrhafter Klauen wenig entgegenzusetzen. Die Riesenformen von bis zu zweieinhalb Meter Höhe und zweihundertfünfzig Kilo Gewicht, wurden binnen kürzester Frist bereits vor fünfhundert Jahren von den ersten Siedlern ausgerottet. Dem Huia, umgangssprachlich Lappenhopf genannt, war kaum mehr Zeit vergönnt. Er fiel um die vorletzte Jahrhundertwende dem finalen Abschluß durch europäische Sammler zum Opfer. Für die Maoris war er heilig.

Es dürfte schwer fallen für die ausgestorbenen Vögel Neuseelands eine passende Ersatzmutter zu finden, die ihnen zurück ans Licht der Welt verhilft. Vom Kokako, dem nächste Verwandte des Huia, existieren nur noch rund vierhundert Brutpaare. Die Vorfahren der höherartigen

Vögel lebten schon in der Region, als Neuseeland noch zu Gondwanaland gehörte. Heute sind sie selbst unmittelbar vom Aussterben bedroht.

Auch regt sich von Seiten der neuseeländischen Ureinwohner Protest gegen die Genexperimente. Niemand soll die Totenruhe ihrer Heiligtümer stören.

Manch einer wäre froh, wenn ethische oder religiöse Bedenken die einzigen Hindernisse auf dem steinigen Weg zum Triumph der Wissenschaft über die Schöpfung wären. „Ich halte es nicht für sehr wahrscheinlich, dass es je möglich sein wird, ausgestorbene Tiere zu klonen,“ bewertet Professor PENCE die bestehenden Schwierigkeiten, „aber in der Wissenschaft sollte man nie *nie* sagen.“

Diese Einschätzung könnte sich rasch bewahrheiten, denn der Erkenntnisstand in der Gentechnologie wächst beinahe täglich. Texanische Wissenschaftler meldeten kürzlich den erfolgreichen Abschluß eines Experiments, aus den Hautzellen eines vor Jahresfrist verblichenen Artgenossen einen Ochs zu erschaffen.

Eine vernünftige Einschätzung der zukünftigen Möglichkeiten erschwert jedoch der Begriffsnebel um die Bezeichnung Klonen. Im Januar beunruhigte die Nachricht, dass es amerikanischen Forschern gelungen sei, einen Rhesusaffen zu klonen, Wissenschaftsethiker und Bürger gleichermaßen. Das Tabu um die menschliche Keimbahn schien in Gefahr. Noch besteht jedoch kein Anlass zur Sorge.

Das Rhesusäffchen „*Tetra*“ ist aus der mikrochirurgischen Teilung eines embryonalen Vierzellestadiums, einer sogenannten Tetramere, hervorgegangen. Die vereinzelt Zellen wurden verschiedenen Leihmüttern eingesetzt. Nur eine entwickelte sich zu einem lebensfähigen Affen. Seine Geschwister starben noch während der Embryonalphase. Das Experiment ist bislang erstmalig bei höheren Affen gelungen. Nach der Definition ist *Tetra* zwar ein Klon, ein künstlich erzeugter eineiiger Vierling, doch *de facto* hat die Methode wenig bis nichts mit der Erzeugung eines Wesens aus beliebigen DNA-Quellen gemein. Die Methode ist außerdem bislang nicht sehr effektiv. Bei insgesamt dreizehn Versuchen stellten sich vier Schwangerschaften ein, nur ein Äffchen überlebte.

Für die gentechnische Produktion von Transplantationsorganen könnte das Verfahren trotzdem einmal eine bedeutende Rolle spielen. Experimente mit embryonalen Stammzellen weisen in die gleiche Richtung. Gelänge es mithilfe solcher undifferenzierter Zellen normalen Epithelzellen ihre Fähigkeit zu Teilung und Spezialisierung in bestimmte Gewebetypen zurückzugeben, stünden der Transplantationsmedizin völlig neue Wege offen.

Solche Visionen klingen in den Ohren vieler wie Märchen aus tausend und einer Nacht. Doch der Phantasie sind keine Grenzen gesetzt. Selbst *Jurassic Park* scheint nicht mehr vollkommen utopisch. Im Erbgut von Vögeln und anderen Tieren ruhen meist unerkannt auch heute noch die genetischen Relikte ihrer frühen Evolutionsstadien. Manche Gene weisen eine überraschende Konstanz auf.

Das dem menschlichen ANIRIDIA-Gen entsprechende Maus-Gen läßt an Fliegenbeinen funktionsfähige Komplexaugen sprießen. Auch andere Gene des Menschen erfüllen im Genom der Fruchtfliege die vergleichbare Funktionen. Selbst die Herzmuskelproteine von Mensch und Insekt, die auf molekularer Ebene für eine Kontraktion des Hohlorgans sorgen, besitzen einen gemeinsamen Ursprung.

Bei Vögeln ist ein Abschnitt in der Erbsubstanz bekannt, der einst für die Bildung von Zähnen verantwortlich war und wahrscheinlich von ihren Reptilienvorfahren stammt. Dieses Gen schlummert bei heute lebenden Vögeln funktionslos im Erbgut. Mithilfe bestimmter Enzyme ist es möglich, bei Hühnerembryonen die Zahnbildung erneut zu induzieren. Zumindest theoretisch wäre denkbar, dass durch das Anknipsen weiterer Gene, längst vergangene Wesen

wiederauferstehen könnten, die in der Gensequenz heutiger Organismen verborgen liegen und in die graue Vorzeit weisen.

Das Haushuhn als Reinkarnation des *Tyrannosaurus rex*? Wohl kaum. Sollte es je gelingen, urzeitliche Baupläne zu reaktivieren, hätten die Kreaturen wahrscheinlich wenig Ähnlichkeit mit den Dinosauriern der Vorzeit. Im Erbgut heute lebender Tiere spiegeln sich nur allgemeine Entwicklungsprinzipien wieder und selbst die wurden im Laufe der Evolution verändert, bevor sie ihre Funktion einbüßten. Kaum anzunehmen also, dass an den Zehen eines stolzen Hahns erneut die furchtbaren Klauen eines Raubsauriers sprießen werden.

Wesentlich realitätsnäher muten da schon Ansätze an, die auf Jahrhunderte alten Traditionen beruhen, die Kreierung neuer Rassen durch Züchtung und Selektion. Auf einer etwas anderen Ebene engagieren sich Naturschützer und Ökologen weltweit um die Rückgewinnung und Aktivierung verloren geglaubter Gene.

Erste Versuche, Auerochsen neu zu züchten, unternahm Mitte des vergangenen Jahrhunderts schon die Gebrüder HECK, Direktoren der Zoologischen Gärten von München und Berlin. Ihr Ziel war es, jenes massige, dunkelbraune bis pechschwarze Rind mit Mehlschnauze und dem hellen Aalstrich entlang der Rückenlinie zurückzuholen, das dem grausamen Minotaur Modell gestanden haben könnte, *Bos primigenius*, den Auerochsen oder Ur.

Die Stammform verschwand im Mittelalter endgültig aus den Wäldern Europas. Ihr Erbe sind die rezenten Hausrinderrassen. Auch wenn die europäische Durchschnittskuh nur noch wenig von den schnaubenden Kolossen der Vorzeit mit einem Meter fünfundsiebzig Schulterhöhe und 1,5 Tonnen Lebendmasse erahnen lässt, geben die Heck-Rinder doch eine ungefähre Vorstellung von der brachialen Erscheinung der einstigen Ure. Kreuzungen von südfranzösischen und spanischen Kampfstieren mit korsischen Gebirgsrindern schufen eine Rasse, die dem wuchtigen Ideal im Phänotypus recht nahe kommt – auch wenn noch ein paar Zentimeter in der Höhe fehlen.

Aus wissenschaftlicher Sicht ist das Resultat bloß eine weitere Haustierrasse, die nicht *Bos primigenius* genannt werden darf. Eher schon gilt *Bos taurus*, der lateinische Name des europäischen Hausrindes. Denn genetisch ist das finstere Hornvieh eine wilde Mischung aus allerlei domestizierten Formenkreisen. Die Bemühungen dem Urtypus noch näher zu kommen, gehen indes weiter. Hochbeinige, muskulöse *Chianina*-, *Lydia*- und *Sayaguesas*-Rinder aus Italien und Spanien sollen für eine weitere genetische und äußerliche Anpassung des Erscheinungsbildes sorgen.

Womöglich werden deutsche Wanderer den gewichtigen Rindern bald wieder in der relativen Freiheit eines Naturreservates Auge in Auge begegnen können. Im Rahmen eines EXPO-Projektes plant die Hochschule Paderborn unter der Leitung von Professor BERND GERKEN, auf einer Fläche von zweihundert Hektar langfristig die Auswilderung einer Auerochs-Herde. Ähnliche Versuche hat es bereits in den Niederlanden und in anderen Teilen Deutschlands gegeben.

Die ersten Tiere werden im Juli ein zehn Hektar großes Eingewöhnungsgehege im Solling, einer dichten Waldregion nördlich von Kassel, beziehen. Den Forschern geht es dabei weniger um die touristische Vermarktung einer urzeitlichen Attraktion, sondern um ein ökologisches Experiment. Man will prüfen, welcher Landschaftstypus sich unter der Beweidung mit großen Pflanzenfressern am besten erhält.

„Wir glauben, dass der offen-bewaldete Landschaftstyp Mitteleuropas initial nicht durch menschliche Aktivitäten verursacht wurde, sondern infolge der Nutzung durch Herden großer, pflanzenfressender Tiergesellschaften entstanden ist. Erst in ihrem Gefolge hat der Mensch Einzug gehalten,“ stellt Professor GERKEN heraus. Die sogenannte Megaherbivoren-Theorie

wird unter Ökologen zur Zeit heiß diskutiert. Immerhin steht sie der altbekannten These, dass der Mensch aus dem einst von dichtem Wald bedeckten Mitteleuropa, jene überschaubare Kulturlandschaft formte, die wir heute kennen, diametral gegenüber.

Die Wiederherstellung urzeitlicher Tiergesellschaften könnte künftig maßgeblich dazu beitragen, dass ungenutzte Landschaftsflächen der Pflege des Menschen nicht mehr bedürfen. Für den mitteleuropäischen Naturschutz wäre dies ein gewaltiger Fortschritt.

Die Versuchsanordnung wird durch Rotwild und Exmoor Ponies ergänzt, die für einige Pferdeforscher die letzten Relikte eines europäischen Ur-Wildpferdes darstellen und heute in verschwindend kleiner Population noch in England beheimatet sind. Auch dem Tarpan und dem Quagga sollen Rückzüchtungsmethoden zu einer unverhofften Renaissance verhelfen.

Tarpane sprengten einst in großer Zahl über die Steppen Südrusslands, bevor sie im ausgehenden 19. Jahrhundert gnadenlos bejagt wurden. Die stattlichen Graufalben waren bei russischen Pferdezüchtern verhasst. Die einzelgängerischen Hengste entführten immer wieder junge Stuten aus ihren Herden, um eigene Harems zu gründen. Ihre Nachfolger grasen heute wieder auf einigen handverlesenen Weiden deutscher Tierparks. Aus Gotland- und Island Pony, Przewalski Pferd und König modellierten Mitte des letzten Jahrhunderts wiederum die Brüder HECK das Bild des Tarpan neu.

Alle genannten Rassen sind mehr oder weniger Domestikationsformen, ihr genetisches Inventar somit durch den Einfluss des Menschen eingeschränkt. Von der ursprünglichen Variationsbreite ist nur wenig übrig geblieben. Im Falle des afrikanischen Quagga stehen die Chancen jedoch günstiger, auch genetisch recht nahe an das Original heranzukommen. Immerhin sind Domestikationseinflüsse sicher auszuschließen.

Äußerlich scheint das Quagga ein Vexierbild aus Pferd und Zebra. Das zebraartige Streifenmuster beschränkt sich im Wesentlichen auf das Vorderteil. Versuche, Quaggas aus der DNA präparierter Exemplare zu klonen, wurden vorerst eingestellt. Zwar gelang es japanischen und amerikanischen Forschern Anfang der achtziger Jahre, mitochondriale DNA aus getrockneten Quagga-Häuten zu isolieren, doch Ziel der Untersuchung war es nur, die Verwandtschaftsverhältnisse zwischen Pferden, Zebras und dem Quagga aufzuklären. Die Erfolgsaussichten für Klon-Experimente wären aus bekannten Gründen wenig erfolgversprechend.

Den Ergebnissen der Gen-Analyse zufolge, ist das Quagga als Unterart des Steppenzebras aufzufassen. Ende des vorletzten Jahrhunderts trat es beinahe unbemerkt von der Bühne des Lebens ab. Schuld war die diffuse Namensauslegung. Quagga steht in Afrikaans für jede Art von Zebra und so konnte 1883 im Zoo von Amsterdam die letzte Stute verenden, ohne dass sich irgendjemand der Tragweite dieses Ereignisses bewusst gewesen wäre.

Seit 1987 bemüht sich das Quagga-Projekt in Zusammenarbeit mit dem Südafrikanischen Museum um die Rückzüchtung des Zebraabkömmlings aus geeigneten Wildformen. Dabei wird die weite phänotypische Bandbreite im weiten Verbreitungsareal des Steppenzebras ausgenutzt und geeignete Kandidaten miteinander verkreuzt. Die Ergebnisse sind recht vielversprechend. Nachkommen der zweiten Generation zweigen bereits verblüffende Ähnlichkeit mit einem Quagga, auch wenn die immer wieder durchbrechende Streifenbildung auf den Hinterbacken ihre Abstammung unschwer verrät.

Projektleiter REINHOLD RAU, vor vierzig Jahren nach Südafrika ausgewandert und ehemals Präparator am Senckenberg Museum in Frankfurt, hofft auf eine rosigere Zukunft für die neue Zuchtform. „Wäre die Situation, in der sich das Quagga in der zweiten Hälfte des 19. Jahrhunderts befand, erkannt worden, wäre das Quagga sicher nicht ausgestorben,“ glaubt er.

Die Aussage belegt die Wichtigkeit des Biotop- und Artenschutzes damals wie heute. Bei aller Euphorie über die gentechnologischen Errungenschaften der Gegenwart sehen viele Wissenschaftler in der aufkommenden Diskussion um die Neuschöpfung ausgestorbener Tierarten eine große Gefahr. „Im Bewusstsein der Menschen sinkt die Bedeutung des Austerbens von Arten dadurch ganz erheblich. Anstatt all die Millionen in Genprojekte zu investieren, sollten wir anfangen, damit Naturschutzmaßnahmen in der Dritten Welt zu unterstützen, wo das Gehalt eines Wildhüters nur einige hundert Dollar ausmacht,“ wettet ALAN COOPER von der Oxford Universität.

Im Bewusstsein der Massen führe die Diskussion zu einer gefährlichen Verschiebung der Wahrnehmung. Warum sich noch für die Erhaltung von Arten engagieren, wenn wir jedes Lebewesen neu erschaffen können? Das Argument ist nicht von der Hand zu weisen. Doch die Wissensgier des Menschen und sein Machbarkeitswahn werden vor der Vernunft nicht halt machen.

Vieles was uns heute selbstverständlich erscheint, war noch vor kurzen Zeiträumen völlig undenkbar. Doch wenn der Mensch ausgestorbene Kreaturen wieder auferstehen lässt, wird er auch seinem Spiegelbild entgegen treten müssen. Viele der ausgestorbenen Organismen hätten auch in der heutigen Welt kaum eine Chance zu überleben, oder allenfalls als profitable Kassenschlager in einem zaunbewehrten Gruselkabinett á la Steven Spielberg.

In den weiten kalten Graslandschaften Nordamerikas und Sibiriens könnten Mammuts vielleicht auch heute noch genügend Raum und Nahrung finden.

SERGEI ZIMOV, Ökologe und Direktor der wissenschaftlichen Außenstelle in Cherskii im äußersten Nordosten Rußlands, würde gern noch einen Schritt weiter gehen. Zusammen mit TERRY und MIMI CHAPIN, einem Forscher-Ehepaar von der Alaska Universität in Fairbanks und weiteren kanadischen und russischen Ökoforschern, träumt er davon, die eiszeitliche Mammutsteppe in einem Pleistozän-Park in die Realität zurückzuholen. Auf einem vierundzwanzig Quadratkilometer großen Versuchsterrain laufen erste Tests für die folgenden Stufen des groß angelegten Ökoexperiments. Pflanzenfressende Großsäuger sollen die Landschaft former, ähnlich wie beim deutschen Solling-Projekt, dabei unterstützen, uralte Pflanzengemeinschaften zu rekultivieren.

Geht es nach dem Willen der Wissenschaftler, werden Yakut-Pferd, Elch, Rentier, nordamerikanische Waldbisons und später gar einmal kälteresistente Indische Elefanten die verhärtete Grasnarbe aufbrechen und den Boden vorbereiten für Flechten und Moose – auf einer gut fünfhunderttausend Quadratkilometer großen Senke zwischen den sibirischen Flüssen Indigirka und Kolyma. Langfristig fänden sich zukünftige Mammut-Klone plötzlich in ihrer gewohnten Umgebung wieder. Falls der Mensch den unwirtlichen Lebensraum nicht irgendwann für sich beansprucht.

Aber was geschähe mit dem ganzen Rest der verschollenen Tier-Menagerie? Riesen-Moas und Dodos würden auch heute kaum ungeschützt auf ihren überbevölkerten Heimatinseln überleben. Auch Tasmanische Schafzüchter wären sicher nach wie vor nur sehr ungern bereit, Teile ihrer Schafherden dem wiedererstandenen Beutelwolf zu überlassen.

Und wie steht es um Königstiger und Panzernashorn, Yangtse-Delfin und europäischen Steinbock, um den nordamerikanischen Schwarzfußiltis und die mongolische Wildpferde, deren Lebensraum zunehmend beschnitten wird, und deren Zahlen seit langem dramatisch am Schwinden sind? Die Liste ließe sich fast beliebig verlängern. Über vierzigtausend gefährdeten Tier- und Pflanzenarten droht nach Angaben des Washingtoner Artenschutzabkommen das vorzeitige Erlöschen – den meisten von ihnen durch Menschenhand. Welchen Stellenwert räumt der allgegenwärtige Mensch biologischer Vielfalt ein?

Die Gentechnologie wird solche Probleme kaum lösen können. Es liegt an jedem Einzelnen diese Frage für sich zu entscheiden. Vielleicht werden Gendatenbanken einst den heutigen Artenreichtum ersetzen, bereichert um einige Skurrilitäten aus dem Ausguss der Evolution. Man wird sie aufbewahren - für bessere Zeiten. Vielleicht werden zukünftige Generationen der Natur eine größere Bedeutung einräumen.

Vielleicht erwächst aus dem Überschreiten schöpferischer Grenzen auch eine ganze Industrie - mit genetisch identischen individuell angepaßten Organ-Ersatzteilen für den Menschen und lebenden Sauriern in prähistorischen Zoos. Wer weiß.

Im Kryo-Zoo von San Diego hat die Zukunft schon begonnen. In sorgfältig verschlossenen Stahlbehältern dümpelt in flüssigem Stickstoff die Erbinformation unzähliger selten gewordener Tierarten, eine Art molekulares Mahnmal. Ihr Schicksal scheint in vielen Fällen besiegelt. Vielleicht beschert der Fortschritt der Technik den Verlierern im Kampf ums Dasein eines schönen Tages eine Wiederauferstehung. Noch ist Aussterben allerdings endgültig.

DIE RÜCKKEHR DER AHNEN

TIERZÜCHTUNG UND IHRE GRENZEN

Auerochse oder Ur (*Bos primigenius*)

Auerochsen beeindruckten durch ihre schiere Masse, auch wenn sich hinsichtlich ihrer Größe eher widersprüchliche Angaben in der Literatur finden. Aufgrund des Größenunterschiedes zwischen den Geschlechtern wurden zeitweise sogar zwei Auerochsarten unterschieden. Die Bullen wurden mit einer mittleren Schulterhöhe von einem Meter fünfundsiebzig rund dreißig Zentimeter höher als die Kühe und waren sicher gut mannshoch. Die größten Skelettfunde stammen aus Dänemark. Pechschwarz und schraubend, dürften die Kolosse mit ihrem weit ausladenden spitzen Hornlanzen für die Menschen der Steinzeit wahrhaft furchteinflößende Geschöpfe gewesen sein. Dennoch stammen von den ruppigen Gesellen alle heutigen Rinder in Menschenobhut ab. Vor etwa einer Million Jahren entstanden die wehrhaften Wildrinder auf dem indischen Subkontinent und breiteten sich nach Eurasien und Afrika aus.

Im Mesopotamien des 5. Jahrtausends v. Chr. wurde der Auerochse zum Haustier. Der Mensch verringerte seine Größe auf ein handliches Stockmaß, stutzte mit züchterischen Kniffen seine Hornspitzen und formte nach und nach einen wertvollen Fleisch- und Milchlieferanten. Erst vor drei- bis vierhundert Jahren verschwand die Urform des Auerochsen endgültig aus Europa und Asien. Der Wald von Jakterow, 60 km südlich von Warschau, wurde zur letzten Zuflucht der stämmigen Ochsen. 1604 waren von vorher fünfzig Tieren noch ganze vier übrig. Trotz Schutz durch den Landesherren starb die letzte überlebende Kuh im Jahr 1627.

Anfang der zwanziger Jahre faßten die Gebrüder Heck, zoologische Leiter der Tiergärten in München und Berlin den Entschluß, die auf verschiedene Rinderrassen verteilten Wildrindeneigenschaften in einer Form erneut zusammenzuführen. Ihre züchterischen Umtriebe waren unter Zoologen nicht unumstritten. Als „Urmacher“ verspottet kreuzten die Heck-Brüder aus ungarischem Steppenrind, schottischem Hochlandrind, Allgäuer-, Werdenfelser- und Angeler-Rindern eine Rasse zurück, die dem Phänotypus des Urrindes mit dem massigen Körperbau und dem dunklen Fell weitgehend entspricht. Aus dem Sammelsurium von Rassen am Anfang kristallisierten sich im Laufe der Zeit drei Rassen heraus, die für eine erfolgreiche Rückzüchtung des Auerochsen am vielversprechendsten schienen: südfranzösische und spanische Kampftiere und Korsiche Gebirgsrinder.

Noch fehlen den ehemaligen Heck-Rindern runde zwanzig bis dreißig Zentimeter an Körperhöhe. Auch mangelt es dem Ur-Nachfolger an den langen Beinen und dem eher schlanken Hinterteil seines Vorgängers, doch das Resultat kann sich in Gestalt einer wahrhaft imponierenden, kalteunempfindlichen Rinderrasse sehen lassen.

Geht es nach dem Wunsch einiger Ökologen, werden die finsternen Gesellen demnächst eine bedeutende Rolle im mitteleuropäischen Landschaftsschutz spielen. Im Gegensatz zu europäischen Hausrindarten sind die stattlichen Auerochsen bestens für eine ganzjährige Freilandhaltung ohne große Beifütterung geeignet. Sie könnten maßgeblich dazu beitragen wirtschaftlich ungenutzte Naturflächen in Schutz zu halten. Eine Aufgabe, denen sie schon vor Tausenden von Jahren ohne menschlichen Auftrag nachgekommen sind – wenn man der Theorie der tierbedingten Landschaftsentstehung in Mitteleuropa Glauben schenkt. Auch wenn man die genaue Funktion von Form und Größe der urtümlichen Rinderarten nicht überliefert ist, glauben die an diesem Projekt beteiligten Wissenschaftler doch, dass man mit

einem möglichst naturgetreuen Abbild der gewaltigen Pflanzenfresser langfristig die besten Ergebnisse erzielen wird.

Die Bemühungen, das Erscheinungsbild der Ure dem Original mehr und mehr anzunähern, gehen jedenfalls weiter. Italienische Chianina- und spanische Sayaguesas- und Lydia-Rinder, von denen die Kampfstiere abstammen, sollen für eine weitere Annäherung an das Original sorgen.

Tarpan (*Equus caballus gmelini*; *E. c. sylvaticus*)

Kaum jemand kennt die wenig bekannte, eher kleinwüchsige Pferderasse, die einst durch die Ebenen und Wälder Südeuropas und Russlands zog. Für unsere Vorfahren war der Tarpan ein durchaus vertrauter Anblick. Steinzeitliche Höhlenmalereien im Süden Europas stellen womöglich die Vorfahren des Tarpans dar, auch wenn die abgebildeten Stehmähnen eher an heutige Przewalski-Pferde erinnert.

Die halb fallende Mähne des Tarpans deuten viele als Anzeichen einer früheren Domestikation. Tatsächlich gibt es Hinweise, dass die Wildpferde vor rund 5.000 Jahren erstmals von den Scythen domestiziert wurden. Nicht sehr erfolgreich offenbar, denn Wald- und Steppentarpan stammen von diesen Tieren ab. Noch heute sagt man den Tieren eine gewisse Sturheit und Freiheitsliebe nach. Einige Wissenschaftler halten auch eine Verbindung zu den heutigen Araberpferden für denkbar.

Wilde Tarpane waren bis zum Ende des 19. Jahrhunderts ausgerottet. Farmer und Pferdezüchter wehrten sich gegen die Herden, die ihre Saat zertrampelten und die Hengste, die ihre Stuten stahlen. Der letzte Tarpan verendete 1876 in einem Tierreservat bei Askania Nova in Rußland. Anfang des 20. Jahrhunderts begannen die Gebrüder Heinz und Lutz HECK im Tierpark Hellabrunn in München mit ersten Rückzüchtungsexperimenten. Leider fielen die Aufzeichnungen ihrer Versuche dem zweiten Weltkrieg zum Opfer. Soviel steht aber fest: Rezente Tarpane sind eine Mixtur verschiedenster Pferderassen. Polnische Königs finden sich in ihnen ebenso wieder wie Island- und Gotland-Pony, Przewalski-Pferde und möglicherweise Exmoor-Ponies. Am 22. Mai 1933 wurde das erste rückgezüchtete Tarpanfohlen im Tierpark Hellabrunn geboren. Heute leben weltweit etwa einhundert in Zuchtbüchern registrierte Tiere dieser einst weit verbreiteten Rasse in Tiergehegen und Zoos.

Quagga (*Equus quagga quagga*)

Sein Aussehen gibt dem Betrachter Rätsel auf. Ist das Quagga nun Pferd oder Zebra? Genetiker der Berkeley Universität in Kalifornien haben seine Verwandtschaft anhand von DNA-Analysen zu Beginn der achtziger Jahre zweifelsfrei aufgeklärt: das Quagga repräsentiert eine Unterart des Steppenzebras und ist damit näher mit den Zebras als mit den Pferden verwandt.

Der unglücklichen Namensgebung ist es zu verdanken, dass Quaggas im ausgehenden 19. Jahrhundert fast beiläufig von der Bühne des Lebens abtraten. Als die letzte Stute 1883 im Zoo von Amsterdam starb, nahm niemand davon Notiz. Mit ihr war eine sonderbare Spielart der Pferde mit dem Streifenmuster ausgelöscht. Grund dafür war die Gier des Menschen nach mehr Lebensraum. Das Quagga war, wie andere große Grasfresser der Savannen auch, ein unerwünschter Nahrungskonkurrent für Schaf- und Rinderherden.

Zebras kommen in Afrika von Viktoriasee bis in die Kapregion vor. Entsprechend groß ist die genetische und phänotypische Variationsbreite an den Rändern ihres Verbreitungsgebietes. Das Quagga-Projekt bemüht sich in Zusammenarbeit mit dem Südafrikanischen Museum

darum, dass das Hinterteil von Damara-Zebras, der südlichsten Variante des Steppenzebras seine Streifen verliert. Heraus kommt vermutlich eine Rasse, die dem Quagga nicht nur äußerlich ähnlich ist. Da die Stammform genetisch nicht durch Domestikations-versuche verändert ist, dürfte das Ergebnis dem Ideal auch in Bezug auf das Erbgut relativ ähnlich sein.



DAS MILLIONEN-PUZZLE

-

DIE JAGD NACH ALTEN GENEN

Wollhaariges Mammut (*Mammuthus primigenius*)

Unter ihren Schritten bebte einst der Boden der weiten kalten Ebenen im Norden Laurasiens. Bullen des Steppenmammut erreichten leicht über vier Meter Schulterhöhe und wogen möglicherweise mehr als zehn Tonnen. Zum Ende des Pleistozän waren sie die Herrscher der Mammutsteppe.

Trotz seiner immer noch beträchtlichen Größe blieb das wollhaarige Mammut kleiner als seine Vorläufer. Über die Gründe, warum Mammut vor zehntausend Jahren aus den eiszeitlichen Steppengebieten verschwanden, herrscht unter Wissenschaftlern Streit. Die schon in den sechziger Jahren von dem amerikanischen Paläontologen PAUL MARTIN veröffentlichte Blitzkrieg-Hypothese gibt allein dem Vordringen steinzeitlicher Jägerpopulationen die Schuld.

Andere sehen eher in der globalen Erwärmung den Grund für das vorzeitige Aus der zotteligen Riesen. Möglicherweise haben beide Parteien recht. Großsäuger tendieren allgemein zu kleineren Populationen und geringen Fortpflanzungsraten. Für drastische Umweltänderungen und Beschneidung ihres Lebensraumes sind sie wesentlich anfälliger als kleine Arten mit Massenaufreten. Wird eine kritische Größe unterschritten, kann sich die Population aus eigener Kraft nicht mehr regenerieren. Der vorrückende Mensch könnte tatsächlich das Zünglein an der Waage gewesen sein.

Genanalysen haben ergeben, dass die Mammut der Eiszeit mit heute lebenden Indischen Elefanten am nächsten verwandt sind. Ihre Linien haben sich aber schon vor etwa zwei Millionen Jahren getrennt.

Überall in Europa wurden Überreste von Wollhaarmammut entdeckt. Aus dem Permafrostboden der sibirischen Tundra tauchen immer wieder die Körper von Mammut in allen Stadien der Entwicklung auf, vom Baby-Mammut bis zum erwachsenen Bullen. In Knochen und Geweben versteckt, schlummert der genetische Bauplan behaarten Rüsselträger. Amerikanische Forscher hoffen mit modernen gentechnologischen Methoden die Riesen der Eiszeit aus ihrem Dornröschenschlaf zu erwecken. Doch selbst noch so gut erhaltene Gefrierstücke enthalten kaum brauchbare DNA.

Die Jagd auf die Gene der Urelfanten gleicht der Suche nach der berüchtigten Stecknadel im Heuhaufen. Mammutforscher sind dennoch optimistisch: allein durch die Masse der Funde begründet, müßten sich nach den Gesetzen der Wahrscheinlichkeit irgendwann auch halbwegs intakte DNA-Abschnitte finden lassen.

Moas (Diornithiformes)

Kaum tauchten die ersten Beschreibungen der stattliche Laufvögel auf, waren sie auch schon ausgerottet. Noch bis Mitte des 19. Jahrhundert kamen auf Madagaskar riesenhafte Strauße vor. Ihre fußballgroßen Eier nutzten die Eingeborenen als Vorratsgefäße. Mit einem Volumen von bis zu acht Litern Inhalt waren sie rund siebenmal so groß wie Straußeneier der Gegenwart.

Ähnliche Riesen gab es einst auch unter den flugunfähigen Vögeln Neuseelands. Mit elf Arten waren Moas eine formenreiche Gruppe. Von der Statur her glichen sie ungefähr einem

aufgeblasenen Kiwi, mit dem sie genetischen Analysen zufolge jedoch nur entfernt verwandt sind. Giganten von drei Metern Höhe und zweihundertfünfzig Kilogramm Körpergewicht waren keine Seltenheit. Offenbar waren die langhalsigen Riesenvögel von schlichtem Gemüt. Für die ersten menschlichen Neuankömmlinge waren sie jedenfalls eine leichte Beute.

Untersuchungen zufolge, die sich der Radiocarbon-Methode zur Datierung bedienen, fanden sie ein ähnlich rasches Ende wie ihre entfernten Verwandten auf Madagaskar. Ihr Lebenslicht erlosch, noch bevor Europäer im späten 18. Jahrhundert auf den Inseln Fuß fassten. Wenn die neuen Berechnungen stimmen, machten ihnen bereits frühe polynesischen Siedler, die um 1300 Neuseeland erreichten, in nur knapp einhundert Jahren den Garaus.

Für Klonexperimente scheinen die soliden Knochen von Moas recht gut geeignet. Aus ihnen lässt sich relativ gut erhaltene DNA gewinnen. Das gleiche gilt für den Huia, einen ausgestorbenen Vertreter der Lappenvögel. Der Erhaltungsgrad verbessert die Ausgangsposition allerdings nur unwesentlich, denn die DNA ist keineswegs vollständig überliefert. Das Klonen alter DNA zu einem funktionsfähigen Organismus ist bislang weit jenseits der Reichweite wissenschaftlicher Genialität. Als Ersatzmütter für die Moa-Riesen kämen allenfalls Strauße, Emus oder Nandus in Frage, allesamt wenig verwandte Familien. Beim Huia sieht es kaum besser aus. Sein nächster Verwandter steht selbst vor dem endgültigen Verschwinden. Dass also je ein Moa- oder Huia-Küken aus einem Ei schlüpfen wird, erscheint selbst notorischen Optimisten fraglich.

Dodo oder Dronte (*Raphus cucullatus*)

Die Form seines Schnabels gab der Wissenschaft lange Zeit Rätsel auf. Zoologen hielten den plumpen Vogel zunächst für einen Räuber. Andere Merkmale sprachen hingegen für eine Verwandtschaft mit den Laufvögeln. Seit etwa einhundert Jahren herrscht Konsens darüber, dass der mauritische Dodo eine flugunfähige Taube war und in eine eigene Familie gehört.

Im anglo-amerikanischen Sprachraum ist er das Synonym für Aussterben schlechthin. „*As dead as Dodo*“ bezeichnet im Englischen das unwiderrufliche Hinscheiden jedweder Kreatur. Das Ableben des Dodo geschah ebenso unauffällig wie abrupt. Als holländische Seefahrer zu Beginn des 16. Jahrhunderts die von tropischem Buschwald bedeckten Inseln östlich von Madagaskar betraten, trafen sie neben unzähligen fliegenden Vögeln auch auf die Dronen. Trotz ihres imposanten Schnabels waren die bis zu vierzehn Kilogramm schweren Vögel mit ihrem Watschelgang eine leichte Beute. Noch dazu galt ihr schmackhaftes Fleisch als Delikatesse.

Knapp einhundertachtzig Jahre später war ihr Schicksal besiegelt. ALAN COOPER von der Oxford-Universität hat die DNA von Moa und Dodo zur Bestimmung der Verwandtschaftsverhältnisse eingehend untersucht. Für die Visionen seiner Kollegen, die dem toten Dodo neues Leben einhauchen wollen, hat er nur ein Wort übrig: „*Impossible*.“

Beutelwolf oder Thylacine (*Thylacinus cynocephalus*)

Der Beutelwolf ist ein Paradebeispiel für konvergente Entwicklungen im Lauf der Evolution. Unter gleichem ökologischen Selektionsdruck entwickelten sich aus australischen Beuteltieren ein gefährlicher Räuber, der einem Wolf verblüffend ähnelt. Nur die Streifen an den Körperflanken, der lange, relativ steife Schwanz, der wippende Gang, bei dem der Hinterfuß häufig auf der ganzen Fläche aufsetzt und natürlich der nach hinten öffnende Beutel erinnern daran, dass der Tasmanische Tiger eine zoologische Rarität darstellt.

Vom australischen Festland wurde der Beutelwolf schon vor zweitausend Jahren vertrieben, auf Tasmanien, seinem letzten Refugium haben ihn europäische Farmer und Schafzüchter Anfang des letzten Jahrhunderts vernichtet. Kopfgeldprämien der Regierung sorgten dafür, dass die gestreiften Raubtiere binnen kürzester Zeit aus den offenen Eukalyptuswäldern verschwanden. Der letzte Beutelwolf hauchte am 7. September 1936 im Zoo von Hobart, Tasmanien, sein Leben aus. Die Aufnahme in das Wappen von Tasmanien erfolgte posthum.

Wissenschaftler des Australischen Museums in Sydney sind nun dabei, diesen Schandfleck aus der Geschichte Tasmaniens zu tilgen. Von greifbaren Ergebnissen sind die Forscher allerdings noch weit entfernt. Dennoch klingen ihre Aussagen zuversichtlich. Sie wollen aus einem in Alkohol konservierten Embryo die DNA extrahieren und über ein PCR (Polymerase Chain Reaction) genanntes Verfahren und Bakterien vermehren. Im Anschluss daran sollen die gewonnenen Fragmente mit den (noch zu erstellenden) Genkarten verwandter mittels Mikrochip-Sequenzern verglichen und entsprechend ergänzt werden.

Gelingt es dann noch, die neu synthetisierte und möglichst fehlerfrei aufgestockte Spender-DNA in künstliche Chromosomen zu verpacken und in einen Leihorganismus zu überführen, steht der Reanimation des Beutelwolfes nichts mehr im Wege. Skeptiker halten solche Träumereien indes für blanken Unsinn. Anstatt Energie und Forschungsgelder in die fragwürdige Neuschöpfung ausgestorbener Tierarten zu stecken, sollten die Verantwortlichen besser dafür Sorge tragen, dass sich derart tragische Ereignisse nicht mehr wiederholen, meinen sie.

SEGEN ODER SCHÖPFERWAHN – DIE ERRUNGENSCHAFTEN DER GENTECHNOLOGIE

1 + 1 = 1 Die Macht des Klonens

Klonen steht für die oft etwas vage Umschreibung des Umstandes, dass aus embryonalen Stammzellen oder einer Zellkultur genetisch baugleiche Wesen entstehen. Ursprünglich bezeichnet das Wort nur die Reduplikation und Vervielfältigung beliebiger DNA-Abschnitte mittels Bakterien oder Viren.

Erst im Zusammenhang mit der Schöpfung lebender Organismen als identische Kopien einer adulten Spenderzelle, gewann der Begriff eine neue Bedeutung. Das Vorgehen klingt simpel, der Weg zum Erfolg war jedoch mit Hindernissen gepflastert.

Für erste Versuche an Schafen benutzen Genforscher einen neun Tage alten Embryo, dessen Zellen vereinzelt, in einem Nährmedium vermehrt und schließlich mittels fein dosierter Stromimpulse mit der Eizelle einer anderen Schafrasse verschmolzen wurden, deren Chromosomen man vorher entfernt hatte. Das sich entwickelnde Lamm war die exakte Kopie des isolierten Fötus.

Mit Dolly gingen die Forscher des schottischen Roslin-Instituts einen Schritt weiter. Sie kultivierten Milchdrüsenzellen aus dem Euter eines trächtigen Muttertieres in einer Nährlösung. Mittels Kerntransfer brachten sie die Erbinformation der ausdifferenzierten Spenderzelle mit einer kernlosen Eizelle zusammen, die sie einer weiteren Ersatzmutter eingepflanzten. Dass die Zellteilung überhaupt in Gang kam und aus dem Experiment ein Meilenstein der Gentechnologie wurde, verdankten die Forscher einem Trick.

Die Replikation der Spender-DNA und das Auslesen des genetischen Bauplans funktioniert offenbar nur dann, wenn die Zellen vorher synchronisiert werden, d.h. sich alle im gleichen Zyklus der Zellteilung befinden, wo keine Verdoppelung der Erbinformation stattfinden darf. Dies geschieht am ehesten, wenn die Zellen in ihrem Medium auf Sparflamme gehalten werden. Also ließen die Wissenschaftler die Zellen vor dem entscheidenden Transfer hungern.

Mittlerweile sind mit im Prinzip ähnlichen Verfahren Mäuse und Rinder aus erwachsenen Zellen geklont worden. Die Erfolgsrate mittels Nukleus-Transfer zu einem lebenden Organismus zu gelangen, liegt aber immer noch bei nur etwa zehn Prozent. Die hohe Fehlerquote beruht wohl darauf, dass die Eizelle das Erbgut des ihr untergeschobenen „älteren“ Zellkerns erst wieder verjüngen muss. Der Vorgang ist äußerst komplex und hängt von einer ganzen Kaskade von Enzymen ab. Wandelt nur ein Gen seine Information zur falschen Zeit oder am falschen Platz in sein entsprechendes Protein um, kann dies fatale Folgen haben.

Die Vorteile der Methode liegen jedoch auf der Hand. Zukünftig könnten Organismen gezielt verändert, die Zellentwicklung analysiert und Zellen für bestimmte Zwecke umprogrammiert werden. Sollte es einst möglich werden die Spezialisierung ausdifferenzierter Gewebszellen aufzuheben, stünde der Medizin mit der Erzeugung patienteneigener, individueller Stammzellen vollkommen neue Wege offen, von der Organproduktion ohne Abstoßungsreaktion bis hin zur Behandlung von Gendefekten. Bislang lassen sich solche omnipotenten Zellen aber nur aus menschlichen Embryonen gewinnen - eine hohe ethische Hemmschwelle.

Doch schon heute liefern transgene Nachfolger von Dolly quasi mit der Milch essentielle Gerinnungstoffe, wie den Plättchenfaktor IX, der hämophile Patienten am Leben erhält. Damit die Substanz tatsächlich nur in Milchdrüsenzellen produziert wird, haben die Genetiker zusammen mit dem menschlichen Gen für den Gerinnungsfaktor IX gleich noch ein

Steuerelement aus Schaf-DNA eingebaut. Der molekulare Schalter sorgt dafür, dass die Synthese nur im Euter des Schafes anspringt.



© *perentie productions* - nature documentaries
Dr. Klaus Sparwasser

Klone aus der Urzeit – Realität oder Fiktion?

Egal ob Mammut, Moa oder Beutelwolf, die Verfahren, die ausgestorbene Tierarten wieder auferstehen lassen wollen, beruhen letztlich auf dem gleichen Prinzip. Doch zwischen Idee und Durchführbarkeit dehnen sich auch heute noch Welten. Das Prozedere basiert im Wesentlichen auf folgendem theoretischen Ansatz.

1. Aus teils uralten Geweben oder Knochenresten müssen winzigste Reste der Erbsubstanz extrahiert werden.
 - DNA-Moleküle unterliegen schon unmittelbar nach dem Tod der Zersetzung. Oxidation, Strahlung und hydrolytische Spaltung zerstören den Informationsgehalt. Die besten Voraussetzungen für eine Konservierung bieten Gefriertrocknung und massives Knochengewebe. Doch selbst daraus lassen sich selten DNA-Fragmente länger als 1.000 Basenpaare gewinnen.
2. Die DNA-Sequenz muss bestimmt und die entsprechenden Abschnitte vervielfacht werden.
 - Dies ist der am leichtesten durchführbare Teil. Die Methoden wurden im Zuge des Human Genome Project (HGP) entwickelt und sind mittlerweile Routine. In Verfahren mit radioaktiv bzw. Fluoreszenz-markierten Nukleosid-Analoga kann die Abfolge der Basen entlang des DNA-Stranges unmittelbar sichtbar gemacht und mittel automatischer DNA-Sequenzierer bestimmt werden. Die Maschinen bewältigen in minutenschnelle, was früher tagelange Handarbeit erforderte. Die schnellsten unter ihnen können täglich mehrere hundert Proben bearbeiten. Doch selbst unter idealen Bedingungen und mit ganzen Batterien solcher Roboter ausgestattet, dauert die Analyse des menschlichen Genoms mit 3×10 Milliarden Basenpaaren immer noch mehrere Jahre. Auch wenn CRAIG VENTER von der Firma Celera behauptet, mehr als 95% des menschlichen Erbgutes entschlüsselt zu haben, rechnen die am HGP beteiligten Labore nicht mit einer Komplettierung vor dem Jahr 2003.
 - Die Vermehrung der DNA-Fragmente kann mittels Methoden wie der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) oder in Bakterienzellen erfolgen. Dabei muß natürlich vermieden werden, dass das neu gewonnene Material sich durch rekombinante Vorgänge mit dem Erbgut des Vektors vermischt.
3. Die erhaltenen DNA-Stücke müssen in die korrekte Abfolge gebracht und vor allem die Informationslücken geschlossen werden.
 - Dies kann allenfalls durch den Vergleich mit nah verwandten lebenden Arten geschehen. Gendatenbanken dazu müssten erst erstellt werden. Niemand kann vorhersagen, welche DNA-Abschnitte auf dem Genom ausgestorbener Tierarten für welche Entwicklungsprozesse, Proteine und Merkmale kodierten, geschweige, welche Funktion die unzähligen repetitiven Sequenzen im Erbgut haben und hatten. Fehlende Abschnitte einfach zu ergänzen, würde unweigerlich zu Fehlern führen und der zu erwartende Organismus hätte, wenn er überhaupt lebensfähig wäre, wahrscheinlich wenig Ähnlichkeit mit dem gewählten Vorbild.
 - Das gleiche gilt, wenn die analysierten Fragmente bruchstückhaft in das Erbgut der Wirtsart integriert würde. Bereits ein falsches Basenpaar an der richtigen Stelle könnte für die Entwicklung eines Fötus letale Folgen haben.
4. Gesetzt den Fall man erhielte den vollständigen genetischen Code einer ausgestorbenen Art, müsste die DNA-Doppelhelix zu Chromosomen verpackt, in

einen Zellkern verfrachtet und mit einer Eizelle verschmolzen werden.

- Im Genom eines jeden Organismus liegt die DNA als Faden über Eiweißmoleküle zu Chromosomen aufgewickelt vor. Über die Eigenschaften dieser Strukturen und ihre Funktion bei ausgestorbenen Tieren ist so gut wie nichts bekannt. Wahrscheinlich waren sie spezifisch für jede Art. Um sie zu gewinnen, müsste man die Genabschnitte aktivieren, die für ihre Synthese kodieren. Dies gelänge aber nur in einer voll funktionsfähigen Zelle des ausgestorbenen Organismus, die natürlich nicht zur Verfügung steht.
 - Die Hoffnung heute lebende Arten mit intakten Spermien oder Zellkernen von Körperzellen zu befruchten, scheitert am Fehlen des entsprechend konservierten Materials. Dass sich in tiefgefrorenen Kadavern von Mammuts oder anderen längst vergangenen Organismen das vollständige Erbgut oder gar reanimierbare Spermien finden lassen, ist alles andere als wahrscheinlich.
 - Findet man hingegen Bruchstücke, steht man erneut vor allen oben geschilderten Schwierigkeiten. Und nur die Überführung des vollständigen Erbguts in die von ihrem Nukleus befreite Eizelle einer Elefantenmutter würde zum Beispiel im Falle des Wollhaarmammuts tatsächlich zu dem gewünschten Resultat führen. Doch selbst dann bliebe dem Mammut-Baby *ein* Erbe seiner Mutter erhalten. In all seinen Körperzellen befände sich die Information der mütterlichen Mitochondrien.
5. Nach erfolgreichem DNA-Transfer in die Wirtsart müsste die Zellteilung induziert und der sich entwickelnde Fötus ausgetragen werden.
- Über die Mechanismen, die der DNA ausdifferenzierter Gewebszellen die Fähigkeit zur Reproduktion der vollständigen Bauanleitung zurückerstatten ist nichts bekannt. Sicher werden Teilungsvorgänge und Entwicklung vom Enzymapparat der mütterlichen Zelle gesteuert. Proteine, Hormone und kaskadenartig ablaufende Reaktionsketten greifen in komplizierte Erkennungs- und Schrittmacheraufgaben ein. Ob dieser hochkomplexe Apparat über Artgrenzen hinweg wirksam ist, erscheint mehr als fraglich.
 - Schließlich und endlich wären mit der Reifung des Fötus immunologische Reaktionen zu erwarten, wenn das sich entwickelnde Gewebe aufgrund anderer Zellmarker als fremd erkannt würde. Konsequenz daraus wäre die Abstoßung des Embryo.