UNIVERSITÄT BERN

Einführung in die Erziehungswissenschaft

Teil 1b: Pädagogische Psychologie

Prof. Dr. Walter Herzog

10. November 2014

Grenzen der Erziehung

UNIVERSITÄT BERN

«Die Pädagogik darf … keine unbegrenzte Bildsamkeit voraussetzen. Die Unbestimmtheit des Kindes ist beschränkt durch dessen Individualität. Die Bestimmbarkeit durch Erziehung wird überdies beschränkt durch Umstände der Lage und der Zeit. Die Festigkeit des Erwachsenen bildet sich innerlich fort, und wird dem Erzieher [schliesslich] unerreichbar.»

JOHANN FRIEDRICH HERBART

Grenzen der Erziehung

«Das Vermögen der Erziehung darf nicht für grösser, aber auch nicht für kleiner gehalten werden, als es ist. Der Erzieher soll versuchen, wie viel er zu erreichen im Stande sei; aber stets darauf sich gefasst halten, durch Beobachtung des Erfolgs auf die Grenzen vernünftiger Versuche zurückgewiesen zu werden. Damit er nichts versäume, muss er das Ganze der praktischen Ideenlehre [Ethik] vor Augen haben. Damit er die Beobachtungen verstehe und richtig auslege, muss ihm die Psychologie stets gegenwärtig sein.»

JOHANN FRIEDRICH HERBART (1776-1841)

Grenzen der Erziehung

Sisyphos oder Die Grenzen der Erziehung. Frankfurt a.M.: Suhrkamp 2006 (10. Auflage).

SIEGFRIED BERNFELD (1892-1953)

Grenzen der Erziehung

UNIVERSITÄT BERN

SIEGFRIED BERNFELD (1892-1953)

Sisyphos oder Die Grenzen der Erziehung. Frankfurt a.M.: Suhrkamp 2006 (10. Auflage).

Drei Grenzen der Erziehung:

* in der Gesellschaft
* im Erzieher
* im Edukanden

Grenzen der Erziehung

UNIVERSITÄT BERN

«Man darf sich hier fast optimistisch äussern, ist das Kind auch nicht beeindruckbar wie Wachs, so ist es dies noch eher als starr und spröde wie Metall.»

SIEGFRIED BERNFELD

Grenzen der Erziehung

HEINRICH ROTH (1906-1983):

Wenn man die Minder- und Hochbegabten ausklammert, muss man feststellen, «… dass weit mehr als 90% aller Menschen ihre intellektuelle Kompetenz für Leben, Studium und Beruf über *gelenkte Lernprozesse in der Schule erwerben.»*

Grenzen der Erziehung

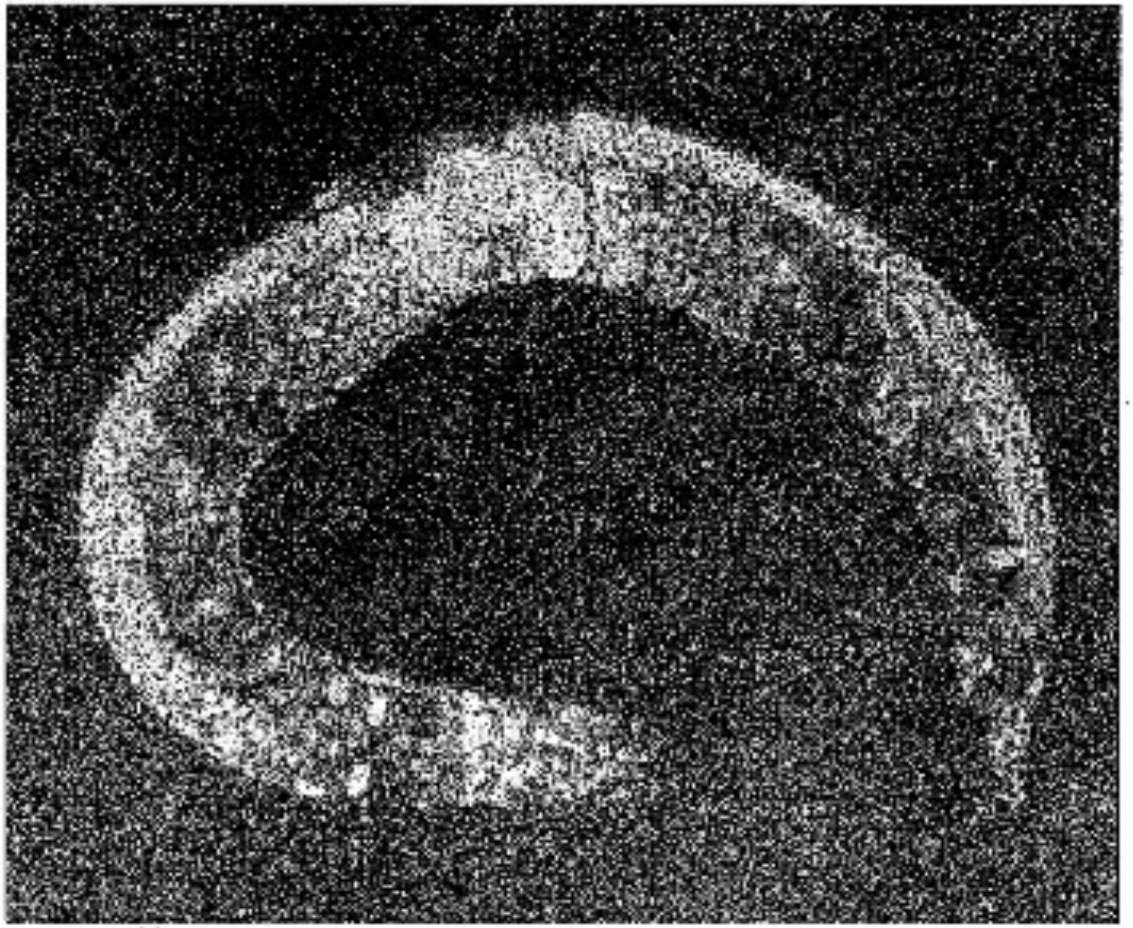
UNIVERSITÄT BERN

JUDITH RICH HARRIS (*1938):

«Die Erziehungshypothese ist mittlerweile dermassen überzogen, … dass sie überreif und kurz vor dem Verrotten zu stehen scheint.»

C. elegans: Gläserner Wurm gibt seine Gene preis

Ein kleiner Wurm sorgt dieser Tage für Schlagzeilen, der nur millimetergrosse Caenorhabditis elegans. In einer konzertierten mehrjährigen Arbeit haben Wissenschafter beidseits des Atlantiks die 97 Millionen Teile seines Erbgutes durchbuchstabiert und rund 20 000 Gene identifiziert. Damit sind erstmals sämtliche Gene eines einfachen Tiers bekannt. Die Idee zum Projekt hatte bereits 1963 der Brite Sidney Brenner.



Ein wichtiger Meilenstein ist erreicht: Das Genom des ersten mehrzelligen Lebewesens ist aufgeklärt. In einem von auch mit Basel verbundenen britischen Bio-Pionier Sidney Brenner initiierten Projekt wurden

eigene Experimente gleich mitenden lassen.

Aufgrund einer vorläufigen Analyse besitzt der Fadenwurm C. elegans in seinem Erbgut Gene für 19099 Eiweisse und 800 Gene, die andere Funktionen übernehmen. Rund 40 Prozent seiner Gene hat das Tier mit anderen Organismen gemeinsam, darunter auch dem Menschen.

Noch viel zu tun

Über die Hälfte hingegen scheinen artspezifisch zu sein, ein für Biologen doch eher überraschendes Ergebnis. Sie haben einen kleineren Anteil wurmspezifischer Gene erwartet. Im übrigen ist heute nur für einen verschwindend

> «Nun sind die Daten vorhanden, um die Funktion aller Gene zu untersuchen.»
>
> Thomas Bürglin, Genetikprofessor an der Universität Basel

kleinen Teil der Gene klar, welche Aufgaben sie übernehmen. Es bleibt also noch viel zu tun. Ein Teil des Genoms hat im übrigen, wie das bei höheren Organismen die Regel ist, keine erkennbare Funktion – allerdings sei der Anteil dieser «Junk-DNA» relativ klein.

«Die Sequenzierung ist ein wichtiger Schritt für die Grundlagenforschung, der zum Verständnis von C. elegans beiträgt», sagt Thomas Bürglin. Mit den Daten lassen sich noch unbekannte Genfunktionen erforschen.

Nachrichten

Mars-Nordpol verrät sein Geheimnis

Washington. U.G. Noch während der Startvorbereitungen für den «Mars Climate Orbiter», der dieser Tage im All gestartet werden soll, hat die Mars-Sonde «Global Surveyor» die erste dreidimensionale Darstellung vom Nordpol des Roten Planeten geliefert. Wie das Goddard-Raumfahrtzentrum der Nasa diese Woche in Washington bekanntgab, misst die Eiskappe durchschnittlich etwa 1200 Kilometer im Durchmesser und ist maximal 3000 Meter dick. Aus der Form schliessen die Wissenschaftler, dass die Polarkappe ungefähr aus 1,2 Millionen Kubikkilometer gefrorenem Wasser besteht. Dies entspricht rund zehn Prozent des Volumens, das ein ehemaliger Mars-Ozean vermutlich einmal eingenommen hat. Gesammelt wurden diese Daten vergangenen Sommer vom Laser-Höhenmesser (Mola) an Bord des «Global Surveyor». Dieser sendete Mola Laserpulse auf die Polkappe und maß jeweils noch genau die Zeit, bis das reflektierte Signal wieder eingetroffen wurde. Auf diese Weise konnte ein ziemlich genaues Bild der Pol-Oberfläche erstellt werden.

Solarwind bläst Sauerstoff ins All

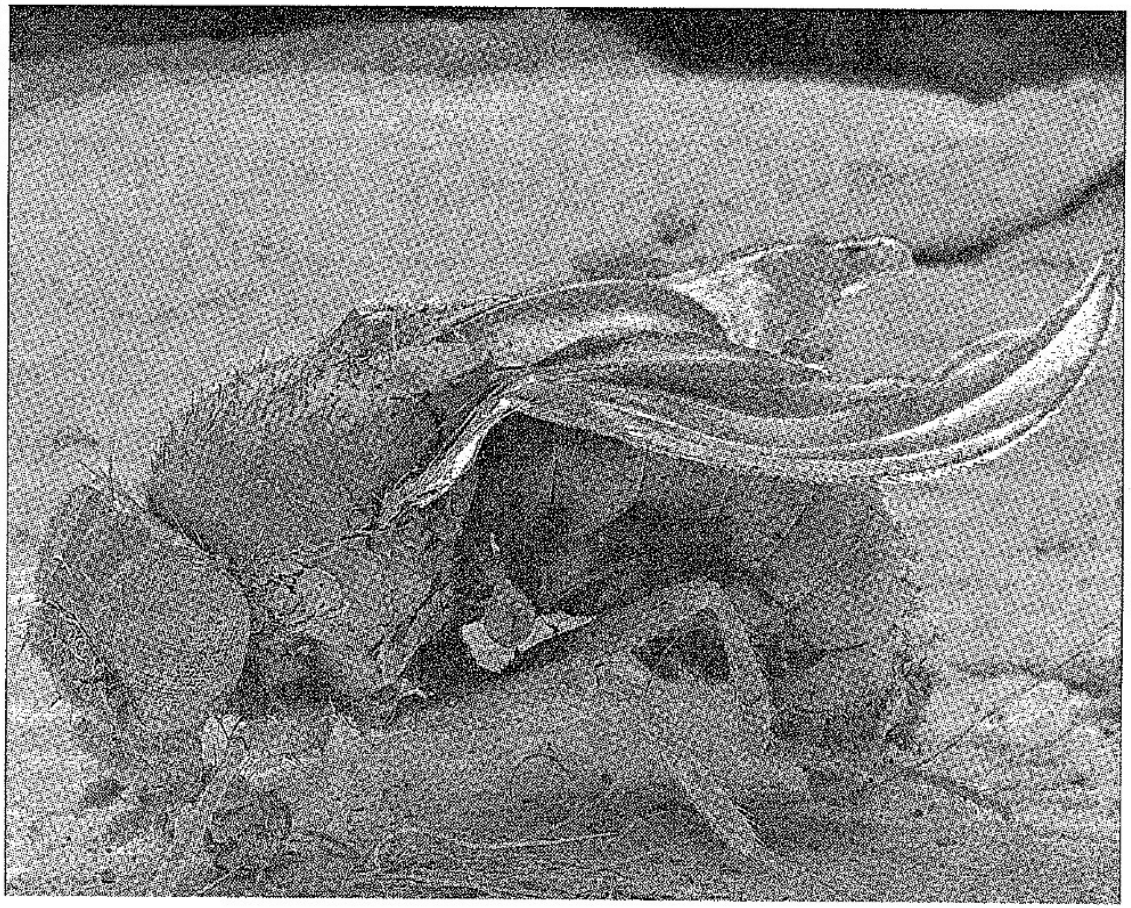
Washington. U.G. Dass die Erdatmosphäre ein «Leck» hat und aus den Polregionen Sauerstoff-, Helium- und Wasserstoff-Ionen in den Weltraum verliert, haben Wissenschaftler schon in den 80er Jahren vermutet. Diese These ist jetzt von der Polar-Sonde bestätigt worden, gab das Goddard-Raumfahrtzentrum der Nasa am Mittwoch in Washington bekannt. «Wir haben jetzt den Beweis dafür, dass Sturmtage der Sonnenwinde den Ionenfluss in der

Neue Zürcher Zeitung

Auf dem Weg zur gläsernen Fliege

Das Erbgut von Drosophila fast vollständig entschlüsselt

Die Entschlüsselung des Erbguts von Drosophila ist ein erster Schritt auf dem Weg zum Verständnis eines komplexen Organismus. Durch den Vergleich von analogen Genen bei der Fliege und dem Menschen will man auch Krankheiten auf die Spur kommen.



Zink-Finger. Diese und andere Daten aus der langen Liste der gefundenen Gene machen deutlich, dass es nicht *den* idealen Modellorganismus gibt, sondern dass für verschiedene Fragestellungen jeweils einer der beiden Kandidaten besser geeignet ist.

Was die Fliege über den Menschen verrät

Die bei Drosophila ebenso wie beim *C. elegans* gefundenen Proteine sowie die von ihnen gesteuerten Prozesse wie Zellteilung oder Entwicklung existieren oftmals auch, zum Teil in leicht veränderter Form, beim Menschen. Genaue Kenntnis der einzelnen Abläufe ermöglicht daher nicht nur einen Einblick in das Leben der Fliege, sondern auch in das des Menschen. Die Hoffnung ist nun, dass durch die Kenntnis vieler neuer Gene noch unbekannte oder nur teilweise bekannte Prozesse sowohl bei der Fliege als auch beim Menschen aufgeklärt werden können. So wurden nun bei Drosophila etwa Gene für Rezeptoren für Wachstumshormone, für den Insulin-Stoffwechsel oder für blutdruckregulierende Hormone gefunden. Durch eine künstlich herbeigeführte Veränderung dieser Gene will man die einzelnen Abläufe genau unter die Lupe nehmen. Derartige Experimente seien jetzt wesentlich einfacher, so ein Kommentator, weil man nun wisse, welches Gen man gezielt verändern müsse.

Doch nicht nur für die normalen, ungestörten Zellvorgänge soll Drosophila als Modell dienen, sondern auch für menschliche Krankheiten. Ein Vergleich menschlicher Gene, die in veränderter Form für Krankheiten verantwortlich sind, mit den homologen Genen in der Fliege dürfte interessante neue Erkenntnisse liefern. Bei ihren Nachforschungen stiessen die Forscher zum Bei-

GENFORSCHUNG

1983
Mit der PCR-Technik (Polymerase-Kettenreaktion) können DNS-Fragmente vermehrt werden. So kann aus einer geringen Menge heterogener DNS in wenigen Stunden ein spezifisches DNS-Fragment millionenfach angereichert werden.

1990
Offizieller Start des staatlich finanzierten, internationalen Humangenomprojekts (HGP) zur Entschlüsselung des menschlichen Erbguts.

Craig Venter, zu der Zeit noch Forscher am N.I.H., entwickelt eine spezielle Methode, mit der sich Gene schnell identifizieren lassen.

1995
Hamilton Smith und Craig Venter sequenzieren das Genom eines Bakteriums (Haemophilus influenzae).

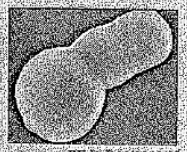
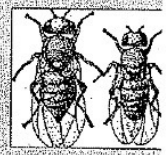
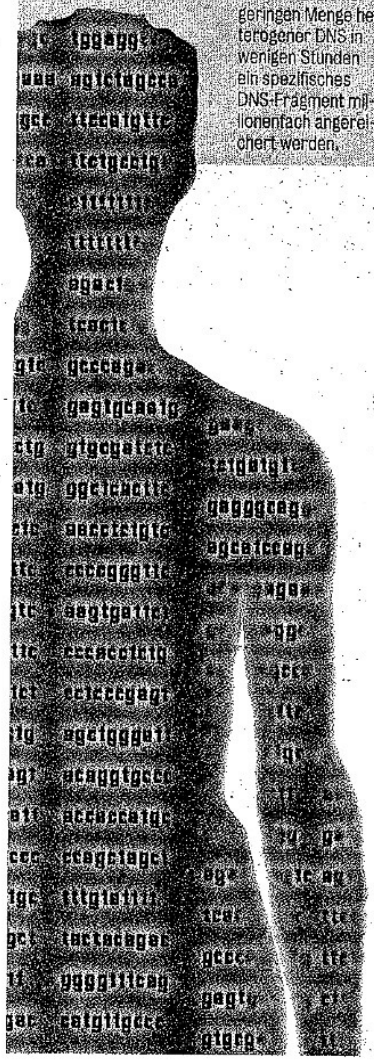


BILD BAUMANN

1998
Craig Venter geht zu einer Firma, die in drei Jahren das menschliche Genom entschlüsselt haben will – viel früher als das staatlich finanzierte Projekt. Die Firma wird später Celera Genomics genannt.

2000
Die Fruchtfliege Drosophila melanogaster ist entschlüsselt worden. Die Arbeit wird von Experten als Meilenstein der Genomforschung und als «Trockenübung» für die Ar- beit am menschlichen Genom bezeichnet. Ges- tern, am 12. 2. 2001, wurden detaillierte Karte des menschlichen Erbguts veröffentlicht.





Menschliches Erbgut entschlüsselt

Nach mehr als zehnjähriger Forschung wurden am Montag die Resultate zweier Projekte präsentiert, die den genetischen Bauplan des Menschen zum Inhalt haben.

Von **Michael Simm**

Die Fanfaren ertönten bereits im vergangenen Sommer. Der ehemalige US-Präsident Bill Clinton hatte im Juni 2000 mit Superlativen um sich geworfen, als er – live aus dem Weissen Haus – die Vollendung der «bislang wichtigsten Landkarte für die Menschheit» ankündigte. Nun liegen die lange versprochenen Daten tatsächlich vor, und jeder, der über einen Internetanschluss verfügt, kann darauf zugreifen. Das Erbgut des Homo sapiens ist entschlüsselt, verkündeten Craig Venter und Francis Collins am Montag in Washington. Abgestimmt mit dem Auftritt der beiden konkurrierenden US-Forscher gaben die Fachzeitschriften «Science» und «Nature» eine Flut von Informationen frei, die von rund 1500 Wissenschaftlern erarbeitet wurden. Über 50 Artikel

zwei verschiedenen Datenbank-Versionen wählen: Der aus Steuergeldern finanzierten Variante des von Collins geleiteten International Human Genome Sequencing Consortiums (HGP) und der privat finanzierten Sequenz von Craig Venters Firma Celera. Diese listen jeweils knapp drei Milliarden Genbausteine auf.

Weil bei der Entschlüsselung unterschiedliche Strategien und Techniken zum Einsatz kamen, sind die Ergebnisse der Kontrahenten nicht identisch. Beide Datenbanken haben noch annähernd 100 000 Lücken, die zusammen etwa fünf Prozent der Erbsubstanz ausmachen. Vergleiche zwischen Celera und HGP sind kaum möglich, weil beide Teams unterschiedliche Massstäbe benutzen, um die Qualität ihrer Daten zu beschreiben. «Es könnte Monate dauern, bis die Nutzer ein Gefühl für die Vor- und Nachteile der verschiedenen Versionen bekommen und deren Genauigkeit abschätzen können», meint «Science»-Autor Eliot Marshall, der Vertreter beider Forschergruppen befragte. «Jeder kommt zum Schluss, das eigene Team hätte besser gearbeitet.»

Trotz der Querelen dominiert die Begeisterung angesichts der zahlreichen Enthüllungen und Überraschungen, die bereits eine erste Analyse der Daten erbracht hat. So weiss man jetzt, dass im

geringen Unterschiede zum Fadenwurm (Caenorhabditis elegans) mit 18 000 Genen und zur Ackerschmalwand (Arabidopsis thaliana) als bislang einzige sequenzierte Pflanze mit 26 000 Genen zeigen, dass die blosse Zahl der Gene für eine Klassierung der Lebewesen wenig taugt.

«Junk-DNA» im Erbgut

Dafür fanden die Wissenschaftler bei ihren Vergleichen jede Menge Hinweise auf die Verwandtschaftsbeziehungen des Menschen zu anderen Organismen. Besonders gross war die Ähnlichkeit bei jenen Erbinformationen, die grundlegende Stoffwechselreaktionen steuern oder andere elementare Zellfunktionen wie die Teilung. Über 200 Gene des Menschen scheinen direkt von Bakterien abzustammen. «Dass Chimären aus der Erbsubstanz verschiedener Organismen auch auf natürlichem Wege entstehen können, sollte den Gegnern gentechnisch veränderter Nahrungsmittel zu denken geben», kommentierte dazu Nobelpreisträger Balti-

> Etwa ein Viertel der Chromosomen ist eine Wüste mit langen, genfreien Abschnitten.

erforscht. Am dichtesten sind die C auf den Chromosomen 17, 19 und 22 packt, vergleichsweise dünn gesät die Gene dagegen auf den Chromoso mit den Nummern 4, 13 und 18 sowie den X- und Y-Chromosomen, die das schlecht bestimmen (siehe Artikel Seite 2 oben).

Über 300 Seiten haben die Zeitsc ten «Science» und «Nature» mit artigen Betrachtungen gefüllt. «Es eine lange Liste von Entdeckungen, mich aus den Socken gehauen hab schwärmte HGP-Leiter Collins. Vo Jahren hatten führende Molekularbi gen noch bezweifelt, die Sequenzierung menschlichen Gen überhaupt jemals n lich sein würde.

Vor zwei Fehlsch sen warnen die Forsc Venter schreibt im l ten Absatz seiner Ve fentlichung, die Idee falsch, dass alle Ei schaften einer Pe durch deren Gene fes legt seien. Die Vor lung sei reduktionistisch, man könne Unterschiede zwischen den Mensche gendwann einmal allein mit den Funk nen und Wechselwirkungen der Gene

7. September 2005 · Nr. 208

Neue Zürcher Zeitung

Erbgut des Schimpansen fast vollständig entziffert

Was unterscheidet Mensch und Affe?

slz. Nach dem Erbgut (Genom) des Menschen, der Maus und anderer Tiere ist nun auch dasjenige des Schimpansen nahezu vollständig entziffert. Eine vorläufige Fassung – noch fehlen kleinere, mit den gängigen Methoden schwer zu bearbeitende Abschnitte – wurde vergangenen Donnerstag in der Fachzeitschrift «Nature» veröffentlicht. Die beteiligten Wissenschaftergruppen haben jedoch nicht nur eine nahezu lückenlose Abfolge der Bausteine des Schimpansengenoms vorgelegt, sondern darüber hinaus auch eine ganze Reihe von Untersuchungen zum Vergleich mit den anderen bekannten Genomen durchgeführt. Dies ist beim Affengenom von besonderem Interesse, denn eine solche Arbeit wirft sofort die Frage auf, was denn nun den Menschen vom Affen unterscheidet.

Doch wie bereits andere Studien in der Vergangenheit kann auch die neue Publikation diese grundlegende Frage nicht beantworten. Zwar wurden eine ganze Reihe von genetischen Unterschieden, sowohl auf DNA- als auch auf Protein-

18. April 2007 Nr. 89

Neue Zürcher Zeitung

Das Erbgut des Rhesusaffen entschlüsselt

Neue Einblicke in die Menschwerdung?

sta. Nachdem 2001 das Erbgut (Genom) des Menschen und 2005 jenes des Schimpansen entschlüsselt worden war, hat ein Forscherkonsortium nun dasjenige des Rhesusaffen (*Macaca mulatta*) vorgestellt.[1] Während Mensch und Schimpanse eine zu fast 99 Prozent identische Abfolge der DNA-Bausteine aufweisen, beträgt diese Ähnlichkeit zwischen Mensch und Rhesusaffe rund 93 Prozent. Experten hatten mit einer solchen Zahl gerechnet, da der letzte gemeinsame Vorfahre von Mensch und Rhesusaffe vor 25 Millionen Jahren gelebt hatte, jener von Mensch und Schimpanse aber vor «nur» 6 Millionen Jahren. Neben diesen grundlegenden Genom-Daten wurde vergangene Woche auch eine Fülle von genetischen Details in insgesamt fünf Publikationen vorgelegt.

Die Kenntnis der DNA-Sequenz des Rhesusaffen werde unser Verständnis genetischer Besonderheiten, die den Menschen möglicherweise ausmachten, deutlich verbessern, betonen die Forscher die Bedeutung ihrer Daten. Dies hatte man

Genetik

Erbgut des Pferdes entschlüsselt

Das Pferdegenom besteht aus 2,7 Milliarden Bausteinen. Das hat ein internationales Forschungsteam mit Beteiligung der Universität Bern herausgefunden. In normaler Schriftgrösse auf Papier ausgedruckt, ergäben die Buchstaben des Pferdelebens einen 50 Meter hohen Papierstapel, sagte der am Projekt beteiligte Genetiker Tosso Leeb. Das Erbgut des Pferdes ist etwas grösser

als das Hundegenom und etwas kleiner als das Erbgut des Menschen und des Rinds. *(SDA)* *«Science»*

Neue Zürcher Zeitung Mittwoch, 29. April 2009 · Nr. 98 9

Erbgut der Kuh entschlüsselt

slz. Nachdem 2004 bereits eine erste Version des Erbguts der Kuh entziffert und in Datenbanken veröffentlicht worden ist, ist nun eine detailliertere Untersuchung des Rinder-Genoms auch in einer Fachzeitschrift publiziert worden.[1] Ein Vergleich mit anderen Säugetieren-Genomen ergab, dass die Rinder dem Menschen genetisch ähnlicher sind als Nagetiere, obwohl diese dem Menschen entwicklungsgeschichtlich näher stehen. Dies sowohl was die Anordnung der Gene auf den Chromosomen als auch was Zahl und Zusammensetzung der Gene betrifft. Die Analyse zeigte zudem, dass die Gene des Rinds für das Immunsystem, die Fortpflanzung, aber auch die Milchproduktion sich deutlich von jenen anderer Säugetiere unterscheiden. Dies sei ganz klar eine Folge immer selektiverer Zucht, betonen die Forscher. Es sei aber auch denkbar, dass sich beim Rind, das aufgrund seines Verdauungssystems mehr Angriffsfläche für Mikroorganismen bietet, mehr Gene und somit mehr Proteine für deren Abwehr entwickelt hätten.

Auch die Agrarindustrie interessiere sich für

Neue Zürcher Zeitung Montag, 11. Juli 2011 · Nr. 159

UNIVERSITÄT BERN

Erbgut der Kartoffel entziffert

Daten könnten zu einer verbesserten Züchtung beitragen

(dpa) · Das Erbgut der Kartoffel ist entschlüsselt. Damit haben Forscher den Bauplan eines in vielen Teilen der Welt wichtigen Grundnahrungsmittels bestimmt. Die genetischen Daten könnten dazu beitragen, die Züchtung der Kartoffel zu verbessern und zum Beispiel Sorten zu entwickeln, die besser vor Schädlingen geschützt seien oder höhere Erträge lieferten, schreiben die Forscher im Fachblatt «Nature».

Fast 100 Wissenschafter an knapp 30 internationalen Forschungseinrichtungen haben an der Bestimmung der Abfolge der Genbausteine mitgewirkt. Sie sequenzierten das Erbgut zweier genetisch unterschiedlicher Varianten von Kartoffeln und kombinierten die Daten anschliessend. Die Wissenschafter um Robin Buell von der Michigan State University in East Lansing konnten Gene identifizieren, die für die Entwicklung der Kartoffel von zentraler Bedeutung sind, etwa bei der Speicherung von Stärke oder der Entwicklung der charakteristischen Knolle.

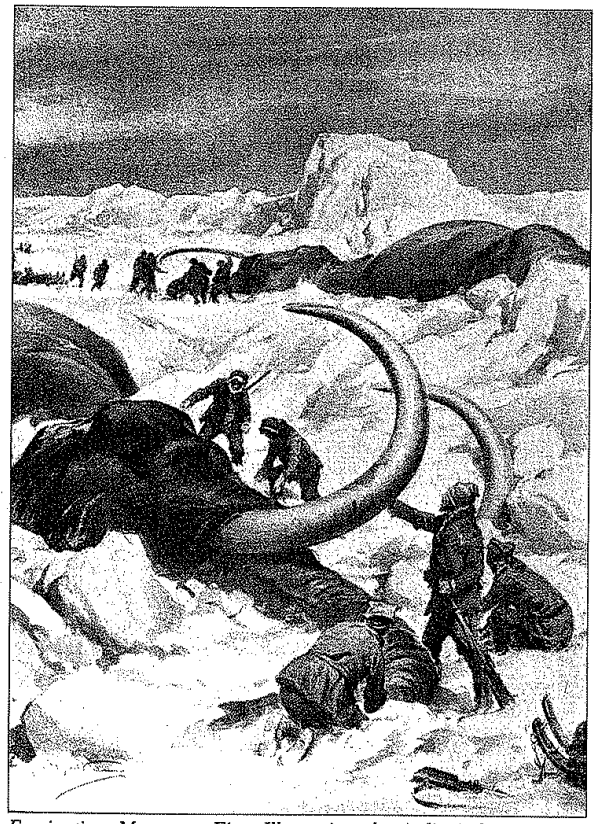
Ausserdem identifizierten sie Gene und Genmuster, die die Anfälligkeit für Schädlinge oder Krankheiten bestimmen. Die Gendaten trugen ausserdem dazu bei, den Ursprung und die evolutionäre Entwicklung der Kartoffel näher zu beleuchten.

Mit der Kartoffel sei erstmals ein Mitglied aus der grossen Gruppe der Asteriden sequenziert worden, berichten die Forscher weiter. Diese Gruppe umfasst etwa ein Viertel aller Blütenpflanzen. Kartoffeln stammen ursprünglich aus Südamerika.

Das Erbgut des Mammuts weitgehend entziffert

Noch viele Hindernisse bis zu einer «Wiederbelebung»

Forscher haben einen grossen Teil des Mammut-Genoms entschlüsselt. Sie verwendeten dazu DNA aus Haaren zweier Tiere. Eine «Wiederbelebung» des ausgestorbenen Riesen wie in «Jurassic Park» ist indes noch Zukunftsmusik.



Faszination Mammut: Eine Illustration der italienischen Zeitung «Corriere della Sera» aus dem Jahr 1934. ARCHIVES CHARMANT / BRIDGEMANART

lsl. Die Mammuts, erst vor 4000 Jahren von der Erdoberfläche verschwunden, gehören zu jenen Urgeschöpfen, die die Menschen seit langem faszinieren und der Forschung noch immer Rätsel aufgeben. Bereits die Erbsubstanz solch ausgestorbener Tiere, sogenannte ancient DNA, zu entziffern, ist sehr schwierig. Oft ist sie nur in Bruchstücken erhalten und dazu meistens mit DNA von Pilzen und Bakterien verunreinigt. Ein erster Forschungserfolg war die Beschreibung kurzer Sequenzen von einigen tausend bis Millionen Basenpaaren des Höhlenbären und des Mammuts. Nun aber hat eine amerikanisch-russische Forschergruppe in der Wissenschaftszeitschrift «Nature» eine Sequenz von 3,3 Milliarden Basen des Mammut-Genoms präsentiert. Dies entspricht nach ihrer Berechnung etwa 70 Prozent des vollständigen Erbguts, das auf 4,7 Milliarden Basenpaare geschätzt wird und damit um die Hälfte grösser ist als jenes des Menschen.

Im Permafrost konservierte Haare

Für ihre Untersuchungen hatten die Forscher das Erbmaterial aus Haarwurzeln von zwei im sibirischen Permafrost konservierten Mammuts gewonnen. Solche DNA ist besser erhalten und kann effizienter von Verunreinigungen befreit werden als DNA aus Knochen. Dies zu zeigen, war den Forschern bereits in einer früheren Studie gelungen. Nach der Entzifferung verglichen sie die Genomsequenz des Mammuts mit derjenigen evolutionäre Anthropologie in Leipzig meint. Denn durch den Vergleich mit dem afrikanischen Elefanten könnten beispielsweise Gene herausgesucht werden, die das Mammut besonders gut für kalte Bedingungen ausgestattet haben.

Noch lange kein «Jurassic Park»

In einem weiteren Artikel in derselben Ausgabe der Wissenschaftszeitschrift «Nature» diskutiert der britische Wissenschaftsjournalist Henry Nicholls die Möglichkeit, ein Mammut zu klonen. Dafür scheinen die Forscher zurzeit noch eher schlechte Karten zu haben. Denn von den fünf er-

UNIVERSITÄT BERN

NZZ am Sonntag

Wissen

Geo-Engineering

Die Düngung der Meere soll den Klimawandel stoppen. Ein umstrittener Versuch im Südatlantik.
Seite 61

Computer & Technik

Die Vernetzung von PC und Fernseher erlaubt den Austausch von Bildern, Musik und Videos.
Seite 64

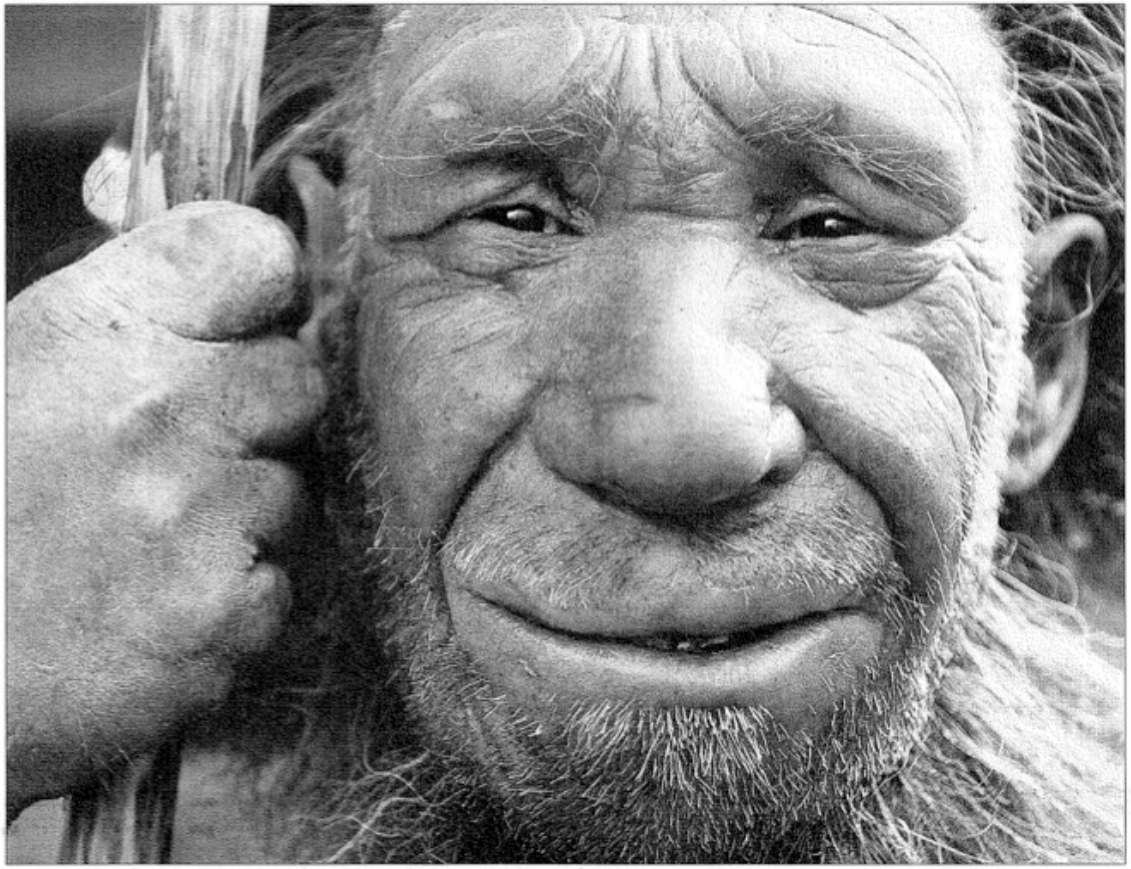
Mensch & Medizin

Da der bösartige Eierstockkrebs meist zu spät erkannt wird, suchen Mediziner nun nach frühzeitigen Warnzeichen.
Seite 65

Tarnung im Tierreich

ART WOLFE

Sie täuschen das Auge, das Gehör und die Nase: Mit welchen Tricks sich Tiere vor ihren Feinden verbergen



Gut möglich, dass er sprechen konnte wie wir: Rekonstruktion eines Neandertalers im Neanderthal-Museum in Mettmann bei Düsseldorf. (Michael Kolvenbach)

Die Gene unseres Cousins

Forscher haben das Erbgut des Neandertalers entziffert. Der Steinzeitmensch ist unser nächster Verwandter – er wird uns immer ähnlicher. *Von Patrick Imhasly*

UNIVERSITÄT BERN

Unser entfernter Verwandter

Forscher haben das Erbgut des Gorillas entschlüsselt. Der grösste Menschenaffe ist dem Menschen genetisch ähnlicher als erwartet. Unser nächster Verwandter bleibt aber der Schimpanse.

Von Barbara Reye

Sie hat einen kräftigen und muskulösen Körperbau, einen behäbigen Gang, einen ernsten Blick aufgrund der stark ausgeprägten Wülste über den dunklen Augen und eine auffällig braune Kappe an der Oberseite des Kopfes. Mit ihren 34 Jahren ist die Gorilladame Kamilah aus San Diego schon dreifache Oma - allesamt Nachkommen von ihrem Sohn Paul Donn, einem prächtigen Silberrücken und dominanten Gruppenanführer.

Eigentlich ist Kamilah eine ganz normale Vertreterin der Westlichen Flachlandgorillas und im Vergleich zu anderen Artgenossen im Zoo nichts Aussergewöhnliches. Zuletzt wurde über sie vor knapp einem Jahr berichtet, als sie für eine grössere Untersuchung ins Veterinärmedizinische Zentrum im Safari-Park des Zoos transportiert wurde, und man wegen ihres stolzen Gewichts von 136 Kilogramm Probleme erwartete. Doch der medizinische Check-up unter Narkose verlief trotz aller Befürchtungen reibungslos, und sie konnte alsbald wieder zurückgebracht werden.

Jetzt steht das grosse Gorillaweibchen aus Kalifornien jedoch richtig im Rampenlicht. Denn heute gibt ein internationales Forscherteam aus neun Ländern - darunter auch Wissenschaftler der Universität Genf - in der Fachzeitschrift «Nature» bekannt, erstmals das Genom eines Gorillas vollständig entschlüsselt zu haben. Es handelt sich dabei um das Erbgut von Kamilah aus San Diego. Ziel der Forschung ist es, die Evolution der Menschenaffen zu verstehen und wie sich die Uraffen damals so unterschiedlich entwickeln konnten.

Eigener Zweig im Stammbaum

Wenn man die stammesgeschichtlichen Wurzeln des Menschen zurückverfolgt, ist der Gorilla gleich nach dem Schimpansen unser nächster lebender Verwandter aus der Familie der Primaten. Mithilfe der genetischen Daten zusammen mit den bisherigen Erkenntnissen

Gorilladame Kamilah aus dem Zoo von San Diego: Ihr Erbgut wurde sequenziert. Foto: PD

Das Erbgut der Hippie-Affen

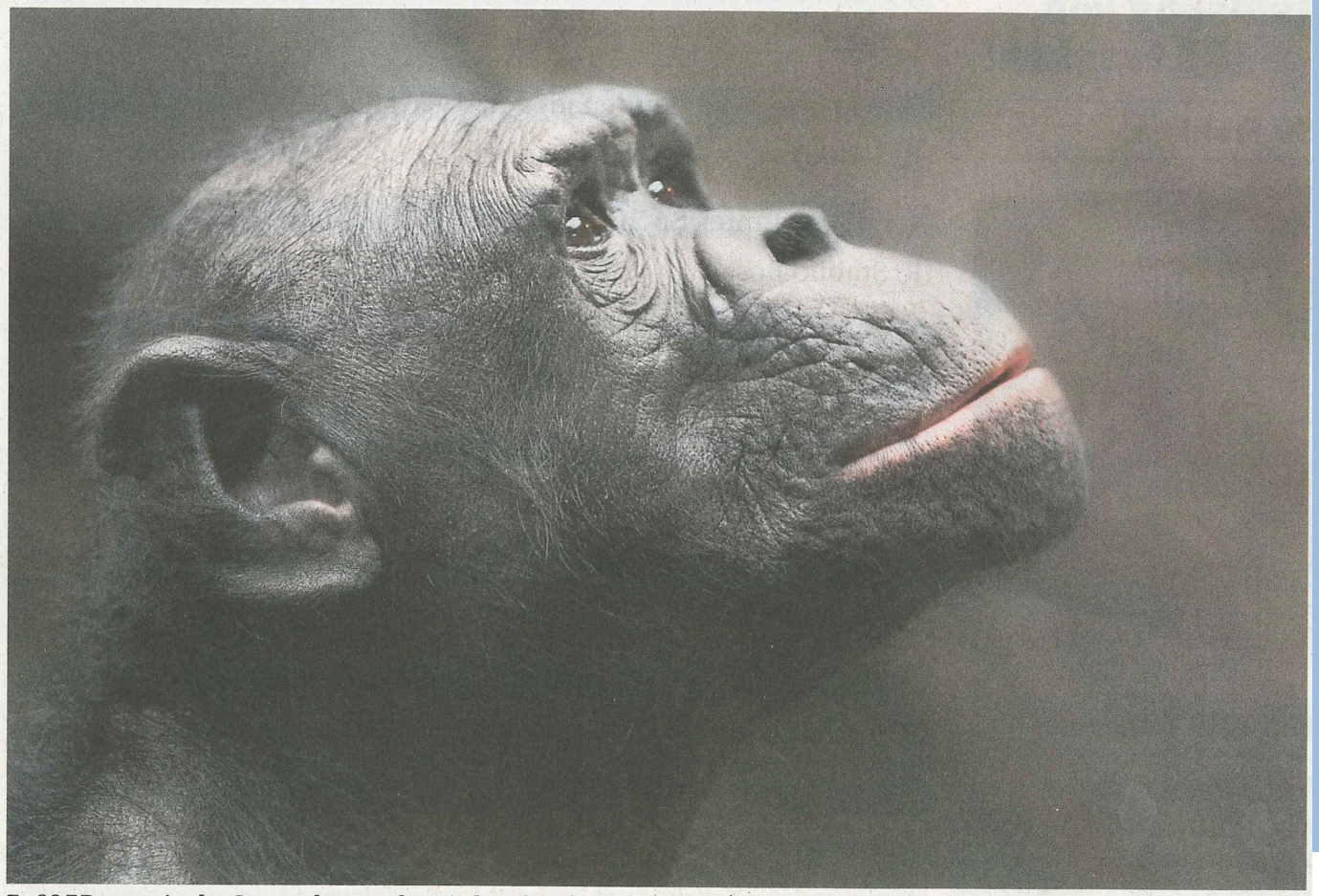
Auch das letzte Menschenaffen-Genom ist nun entschlüsselt. Das Erbgut des Bonobos zeigt, dass er mit dem Menschen genauso eng verwandt ist wie der Schimpanse.

Von Barbara Reye

Bonobos haben den Ruf, dass sie ihre Konflikte untereinander ganz nach dem Motto «Make love, not war» lösen, dass sie sich besonders friedfertig und sozial verhalten, gleichzeitig aber sexuell sehr aktiv sind. Sind Bonobos also die Hippies unter den Primaten?

«In der Tat gibt es bei ihnen im Vergleich zu den Schimpansen keine Bandenkriege, keine Vergewaltigungen und kein so hohes Aggressionspotenzial bei den Männchen», sagt der Schweizer Primatologe Martin Surbeck vom Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig.

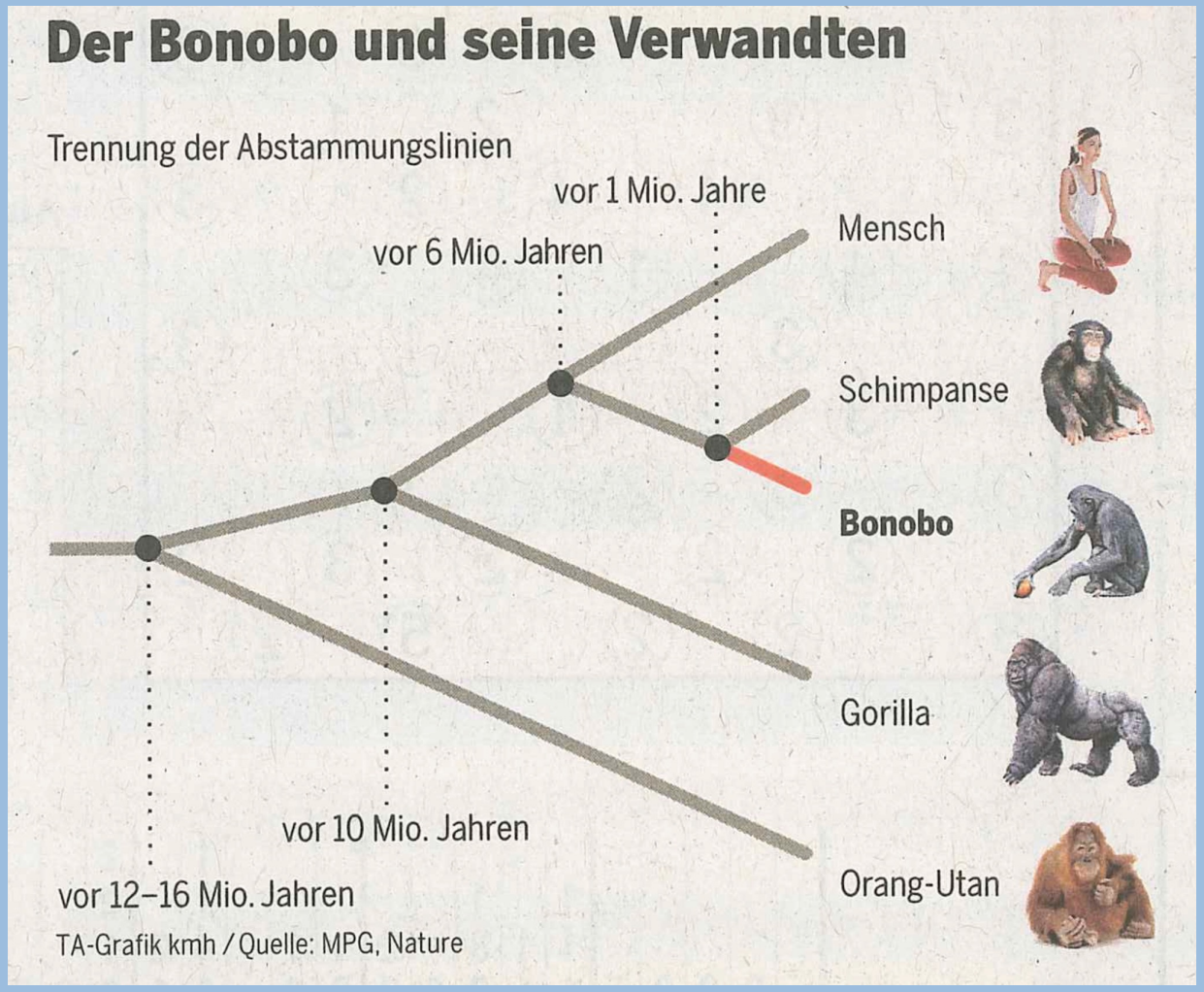
Doch auch bei den Bonobos habe er schon weniger friedliche Szenen beobachtet. «Im afrikanischen Salonga-Nationalpark südlich des Kongo-Flusses habe ich zum Beispiel einmal gesehen, wie sich zwei Individuen gegenseitig schwer verletzt haben», berichtet Surbeck, der drei Jahre dort im tropischen Regenwald eine Gruppe von mehr als 30 Bonobos begleitet hat. Generell sei es fragwürdig, menschliche Sichtweisen wie etwa die Flower-Power-Bewegung auf das Verhalten von Tieren in der Wildnis zu übertragen. Man dürfe nicht zu viel von uns in die Affen hineinprojizieren, auch wenn es theoretisch einige Parallelen gebe.



Zu 98,7 Prozent ist das Genom des Bonobo mit dem des Menschen identisch. Foto: DDP Images

Drei Milliarden Buchstaben

Um die stammesgeschichtlichen Wurzeln von Bonobo, Schimpanse und


Der Bonobo und seine Verwandten
Trennung der Abstammungslinien
vor 1 Mio. Jahre
vor 6 Mio. Jahren
vor 10 Mio. Jahren
vor 12–16 Mio. Jahren
Mensch
Schimpanse
Bonobo
Gorilla
Orang-Utan
TA-Grafik kmh / Quelle: MPG, Nature

Tages-Anzeiger · Dienstag, 27. Mai 2008

UNIVERSITÄT BERN

Erbgut der Frau entschlüsselt

Amsterdam. – Frauen geben vielen Männern Rätsel auf. Zumindest für die Genetiker dürfte jetzt aber alles klar sein: Niederländische Forscher haben das vollständige Erbgut einer Frau entschlüsselt – nachdem die DNA-Kompositionen bei Schimpansen, Hunden, Katzen Rindern und einem Schnabeltier bereits bekannt sind. 2001 wurde erstmals das vollständige Erbgut von Männern beschrieben. *(AP)*

Tages-Anzeiger · Dienstag, 27. Mai 2008

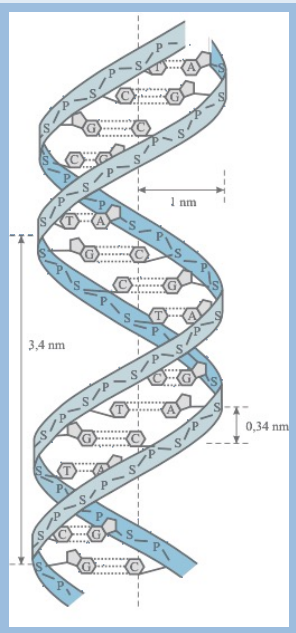
UNIVERSITÄT BERN

Erbgut der Frau entschlüsselt

Amsterdam. – Frauen geben vielen Männern Rätsel auf. Zumindest für die Genetiker dürfte jetzt aber alles klar sein: Niederländische Forscher haben das vollständige Erbgut einer Frau entschlüsselt – nachdem die DNA-Kompositionen bei Schimpansen, Hunden, Katzen Rindern und einem Schnabeltier bereits bekannt sind. 2001 wurde erstmals das vollständige Erbgut von Männern beschrieben. *(AP)*

Grenzen der Erziehung

Die Molekulargenetik ist eine **biologische** Teildisziplin.



DNS-Doppelhelix

Die Verhaltensgenetik oder Populationsgenetik (auch: Quantitative Genetik) ist ein Teilgebiet der **Psycholog**ie.

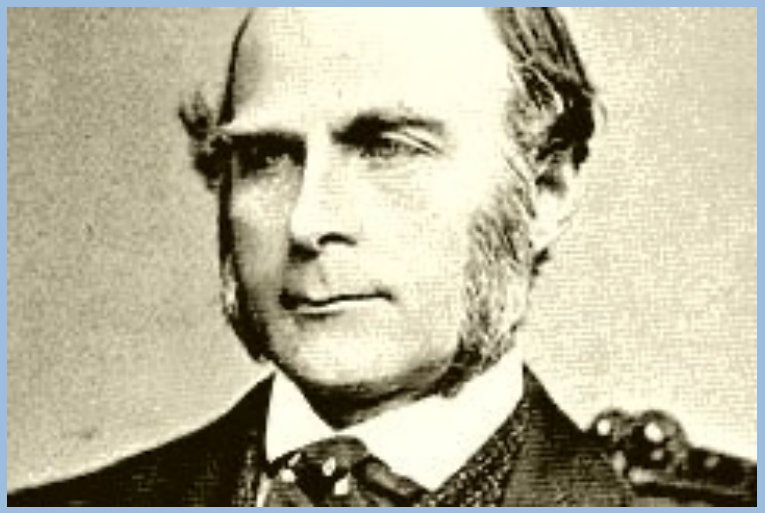
Grenzen der Erziehung

UNIVERSITÄT BERN

«Vater» der Molekulargenetik

Gregor Mendel (1822-1884)

«Vater» der Verhaltensgenetik



Francis Galton (1822-1911)

UNIVERSITÄT BERN

Heritabilität (Erblichkeit)

$$h^2 = \frac{\text{genetische Varianz}}{\text{Gesamtvarianz}}$$

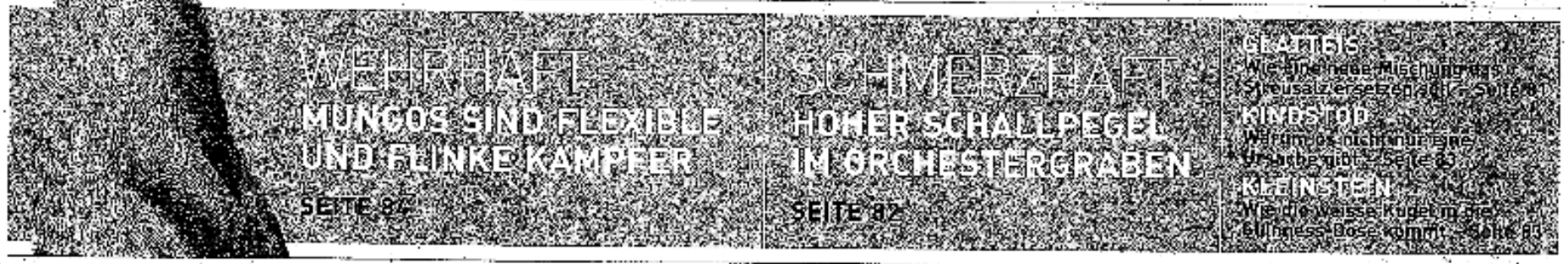
Gesamtvarianz (phänotypische Varianz)
= genetische Varianz + Umweltvarianz

Grenzen der Erziehung

h^2 = .60 heisst, dass 60% der phänotypischen Varianz eines Merkmals (z.B. Intelligenz) in einer bestimmten Population zu einem bestimmten Zeitpunkt auf genetische Einflüsse zurückgeführt werden können.

Damit wird nicht gesagt, dass 60% des *Merkmals* vererbt (angeboren) sind.

Da es sich um ein statistisches Mass handelt, kann h^2 zudem nicht direkt auf individuelle Fälle bezogen werden.



«Um Kriege zu verhindern, müssten wir am richtigen Genschalter drehen»

Evolutionsbiologe MARC HAUSER *über angeborene Moral, Fremdenhass und herrenlose Waggons*

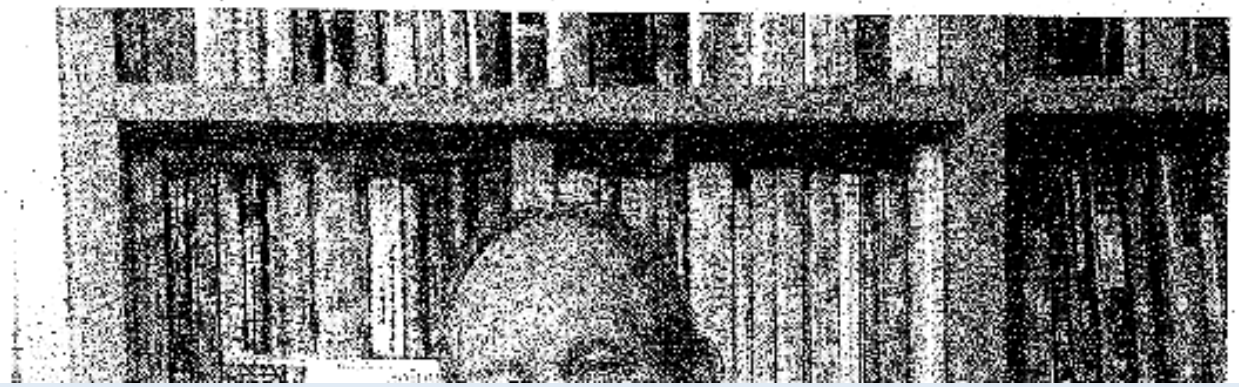
VON HUBERTUS BREUER

Herr Hauser, das 20. Jahrhundert war die blutigste Epoche der Menschheit. Aber Sie behaupten, dass uns moralische Regeln angeboren sind. Kommen Ihnen da nicht manchmal Zweifel?

Nein. Es ist naiv, zu behaupten, dass Moral allein zu einer besseren Welt führen müsse. In unserer Stammesgeschichte diente Moral dem Zweck, das soziale Leben einer Gruppe zu regeln. Weltfriede war nie das Ziel.

Wie stellen Sie das an?

Wir betrachten moralische Dilemmas. Stellen Sie sich folgendes Szenario vor: Sie stehen neben einem Bahngleis an einer Weiche. Ausser Kontrolle geraten, rast ein Waggon heran. Auf der links abzweigenden Spur macht sich eine Gruppe von fünf Eisenbahnarbeitern zu schaffen, rechts ein einziger. Unternehmen sie nichts, schwenkt der Waggon links ab und tötet die fünf Männer. Indem sie den Weichenhebel umlegen, können sie die fünf retten und nur einen opfern. Die meisten Men-



Grenzen der Erziehung

UNIVERSITÄT BERN

«From the standpoint of education and psychology *practitioners*, the heredity versus environment debate is an unnecessary detour.»

ROBERT J. STERNBERG & ELENA L. GRIGORENKO

(optionale Lektüre für heutige Sitzung; s. unter «Leseauftrag 8»)

Grenzen der Erziehung

Eineiige Zwillinge wie diese Mädchen aus dem US-Bundesstaat Georgia sind «Kronzeugen» der Intelligenzforschung. Foto: Jason Reed (Reuters)

Aber selbst eineiige Zwillinge sind Individuen, die sich in verschiedener Hinsicht unterscheiden und sich selbst als einmalige, unverwechselbare Individuen verstehen.

Grenzen der Erziehung

ANNE ANASTASI (1908-2001)

Welche Frage ist wichtiger:

Die Frage, *wie viel* Anteil den Genen und der Umwelt bei der Entwicklung eines (psychischen) Merkmals zukommt?

Oder die Frage, *wie* Gene und Umwelt bei der Entwicklung eines (psychischen) Merkmals interagieren?

Grenzen der Erziehung

Passive Gen-Umwelt-Kovarianz: Eltern «vererben» ihren Kindern nicht nur ihre Gene, sondern auch ihre Umwelt.

Grenzen der Erziehung

Passive Gen-Umwelt-Kovarianz: Eltern «vererben» ihren Kindern nicht nur ihre Gene, sondern auch ihre Umwelt.

Reaktive (evokative) Gen-Umwelt-Kovarianz: Kinder lösen durch ihr Verhalten bei den Eltern Reaktionen aus, die ihrem genetisches Potential entsprechen.

Grenzen der Erziehung

Passive Gen-Umwelt-Kovarianz: Eltern «vererben» ihren Kindern nicht nur ihre Gene, sondern auch ihre Umwelt.

Reaktive (evokative) Gen-Umwelt-Kovarianz: Kinder lösen durch ihr Verhalten bei den Eltern Reaktionen aus, die ihrem genetisches Potential entsprechen.

Aktive Gen-Umwelt-Kovarianz: Kinder verhalten sich aufgrund ihrer genetischen Dispositionen so, dass sie diese entfalten können.

Grenzen der Erziehung

«Quantitative genetic research has been most informative in showing the importance of genetic influences on virtually all forms of human behavior. Behavior has to have a biological basis, and it is necessary that we understand how the biology functions. Equally, the same research has been crucial in its demonstration that environmental influences are also ubiquitous. Geneticists cannot afford to ignore environmental effects. But, most of all, genetic research has been critical in its message regarding the diverse ways in which genetic influences exert their effects. Nature and nurture do not operate independently of each other, and there needs to be an explicit focus on the inter-play between them.»

MICHAEL RUTTER (*1933)