

Travail personnel 2023/2024

Rückausrottung: Wie man ausgestorbene Tiere zurückbringen kann

Bingen Lisa

5C1

Tuteur: Dennis Wezenberg

Inhaltsverzeichnis:

Einleitung	S. 3
1. Was ist die Rückausrottung und was wird damit bezweckt?	S. 4
2. Welche Tiere qualifizieren sich für eine Rückausrottung und weshalb?	S. 6
2.2 Der Auerochse	S. 7
2.3 Das Wollhaarmammut	S. 12
3. Wie funktioniert das Klonen von Säugetieren?	S. 17
4. Wie funktioniert die Rückausrottung	S. 22
4.1 Wie funktioniert das Rückausrotten durch das Klonen?	S. 22
4.2 Wie funktioniert das Rückausrotten durch Genom-Editierung?	S. 29
4.3. Wie funktioniert das Rückausrotten durch selektive Rückzüchtung?	S. 35
5. Welche Auswirkungen können Rückausrottungen auf unsere Welt haben?	S. 42
Schlussfolgerung	S. 46
Quellenverzeichnis	S. 49

Einleitung

In meinem diesjährigen Travail Personnel beschäftige ich mich mit dem Prozess der Rückausrottung von Säugetieren.

Ich habe dieses Thema gewählt, da ich dieses Jahr über ein Thema schreiben wollte, das komplett neu für mich ist und womit ich mich überhaupt nicht auskenne, um die Situation zu vermeiden, dass ich schon ein paar Sachen im Vorfeld über dieses Thema weiß und dann nachher meine ganzen Recherchen in diese Richtung gehen und darauf aufbauen und meine Arbeit nachher einseitig ist.

Deshalb habe ich mich auch dazu entschieden, 2 Beispiele zu nutzen und den genaueren Prozess beim Wollhaarmammut und beim Auerochsen zu untersuchen, da der Prozess sich je nach Methode bei den beiden Tieren unterscheidet, und sich nicht jede Methode auf jedes der Tiere anwenden lässt. Über die Rückausrottung dieser beider Spezies wurde bis jetzt außerdem am meisten berichtet, da sich mit beiden Spezies mehrere Teams unabhängig voneinander und mit verschiedenen Methoden (auch innerhalb der Rückausrottung einer einzigen Spezies) beschäftigen.

Ich hoffe, dass ich in diesem Travail Personnel Prozesse der Gentechnik verständlich erklären kann und so auch selbst etwas über den Bereich lerne, in dem ich vielleicht später einmal arbeiten möchte.

1. Was ist die Rückausrottung und was wird damit bezweckt?

Als Rückausrottung, Wiederbelebung oder auch Artenrückkehr bezeichnet man den Prozess, ausgestorbene Spezies beziehungsweise neue Spezies, die die Rollen von ausgestorbenen einnehmen (wieder-) zu erschaffen und sie in ihrem natürlichen Habitat anzusiedeln.

Die Gründe weshalb man versucht verschiedene Tiere zurückzubringen sind vielfältig und für jeden etwas unterschiedlich. Manche Forscher treibt vor allem die wissenschaftliche Neugierde an und sind der Meinung allein die Möglichkeit, dass es gelingen könne und der Fakt, dass man heutzutage die nötigen Mittel besitzt, so etwas zu realisieren, seien Grund genug es zu versuchen.

Die meisten sind jedoch der Überzeugung mit der Rückausrottung verschiedener Spezies gegen das Artensterben ankämpfen zu können und unter anderem den früheren Lebensraum der ausgestorbenen Tiere mit derer erneuten Anwesenheit wieder in seinen ursprünglichen Zustand oder zumindest in einen ähnlichen, gesünderen versetzen zu können. Es kann jedoch auch noch auf andere Arten in eher indirekter Weise gegen das Artensterben helfen, und zwar indem es Aufmerksamkeit erregt. Wenn man hört, dass Wissenschaftler Mammuts, Dodos und andere längst ausgestorbene Tiere zurückbringen, wird man sich Fragen stellen. Weshalb sollte man das tun? Wie ist das möglich? Und während man die Antworten auf diese Fragen sucht, ist es unausweichlich, dass man sich gleichzeitig mit dem Artensterben auseinandersetzt. Spätestens wenn man eine Vorstellung vom Aufwand hat, den das Zurückbringen einer Art erfordert, wird man zum Nachdenken angeregt und idealerweise weiß man die Arten, die wir noch haben etwas mehr zu schätzen, was einen dazu motivieren soll, selbst etwas dagegen zu unternehmen, auch wenn es nur kleine Taten sind.

Manche sehen darin auch ein Ansatz, um „das Gleichgewicht der Natur“ wiederherzustellen, da der Mensch für das Aussterben vieler wichtiger Arten verantwortlich ist und manche dieser Arten tragende Pfeiler verschiedener Ökosysteme sind, ohne die diese kollabieren oder sich zumindest drastisch negativ verändern werden. So gesehen wäre es dann auch unsere Verantwortung, mithilfe der Rückausrottung genau solche Spezies zu ersetzen, beziehungsweise zurückzubringen, um idealerweise die Ökosysteme wieder in ihren ursprünglichen, gesunden Zustand zu versetzen. Die meisten Menschen, die dieser Meinung sind, sind jedoch nicht jene, die selbst an einer Rückausrottung arbeiten, denn auch wenn man

ein Tier mit guten Absichten zurückbringt, ist es ein großer Eingriff in die Natur, die sich meistens schon auf eine natürliche Art an die Abwesenheit einer Spezies anpasst, vor allem wenn diese nach und nach verschwunden sind oder schon seit längerer Zeit ausgestorben sind. Diese Denkweise kann auch noch andere Konsequenzen mit sich bringen, die ich jedoch später in meiner Arbeit noch einmal aufgreifen werde (siehe Kapitel 5).

Eine weitere Funktion der Rückausrottung kann die Veränderung des Verhaltens einer vorhandenen Spezies sein, wenn man zum Beispiel ein Tier zurückbringen möchte, dessen Rollen schon vollständig von anderen Lebewesen des Biotops übernommen wurden, kann man das Verhalten des ausgestorbenen Tieres analysieren (falls genug Daten vorhanden sind). Wenn man dann zum Entschluss kommt, dass verschiedene Gewohnheiten des Tieres (welche tief genug in seiner DNA verankert sind, dass man davon ausgehen kann, dass es sich heutzutage noch so benehmen würde) vorteilhaft für sein ehemaliges Biotop wären und zum Beispiel andere Lebewesen entlasten würde, kann man es zurückbringen, damit es Artgenossen diese Verhaltensweisen vorlebt, um so Biotope positiv zu verändern.

Dieses letzte Beispiel war sehr spezifisch und trifft bis jetzt erst auf 1 Tier zu, dessen Rückausrottung geplant ist (die Wandertaube), ich habe es jedoch absichtlich gewählt, um zu verdeutlichen, dass es viele verschiedene komplexe Gründe gibt, die man meistens auf mehreren Ebenen und aus mehreren Perspektiven betrachten muss, vor allem, da das spezifischste das im Moment zur Rückausrottung existiert, ein unverbindlicher und etwas vager Leitfaden ist.

Diese Gründe sind auch bei weitem nicht alle, die von Leuten genannt wurden, um Rückausrottungen zu rechtfertigen, und sie sind auch nicht bis ins kleinste Detail vertieft, da dieses Kapitel eher dazu dient eine grobe Übersicht zu geben und schon als kleine Einführung dienen soll. Da es in diesem Kapitel darum ging, weshalb Rückausrottungen durchgeführt werden, beziehungsweise geplant werden, bin ich auch nicht auf die Risiken, beziehungsweise auf die Gründe eingegangen, weshalb man Rückausrottungen lieber sein lassen sollte. Dem werde ich mich in meinem 5. Kapitel jedoch genauer widmen.

Verschiedene Elemente dieses Kapitels werde ich jedoch im nächsten Kapitel noch einmal aufgreifen, wo ich auf die Kriterien eingehen werde, die ein Tier erfüllen muss, um zurückgebracht zu werden und dies auch anhand von Beispielen genauer erklären werde.

2. Welche Tiere qualifizieren sich für eine Rückausrottung und weshalb?

Um ein ausgestorbenes Tier zurückzubringen, werden viel Aufwand und viele Ressourcen benötigt, man sollte sich also gut überlegen, welche Tiere mit ihrem Wiederauftauchen auf der Erde die größten positiven Auswirkungen hätten

Darunter fällt, wo sie am meisten gebraucht werden und bei welchen Tieren ihre Existenz das geringste Risiko für bereits (oder noch) vorhandene Spezies und ihre Lebensräume darstellt. Laut Phil Seddon, einem neuseeländischen Wissenschaftler, dessen Spezialgebiet Auswilderungen sind und der für die IUCN (International Union for Conservation of Nature) an Richtlinien für die mögliche zukünftige Auswilderung von wiedererweckten Tieren arbeitet, sollte die Grundeinstellung zu Rückausrottungen immer die sein, dass es eine schlechte Idee ist, und man sollte sich auf das Schlimmste einstellen. Denn auch wenn sie im Endeffekt dazu gedacht ist, fehlende Teile im Ökosystem wieder zurückzubringen oder bestmöglich zu ersetzen, ist es immer noch ein erheblicher Eingriff in die Natur.

Teilweise kann es sogar sein, dass sich die Ökosysteme schon an das Fehlen der Art angepasst haben, was sowohl Säugetiere als auch Vögel, Amphibien, Reptilien und - auch sehr wichtig - Insekten, Pilze und Pflanzen betreffen kann. Vor allem, je nachdem, wie lange die Art schon ausgestorben ist, je nachdem, um welche Art und um welches Ökosystem es sich handelt, könnte das Zurückbringen einer länger abwesenden Spezies sogar mehr Schaden als Gutes anrichten. Das Problem dabei ist, dass so etwas nur schwer vorhersehbar ist, weshalb alle Wissenschaftler, die an der Rückausrottung von irgendeiner Spezies beteiligt sind, Phil Seddons Aussage stets bedenken sollten.

Um mit Rücksicht auf diese Faktoren die beste Wahl zu treffen, sollte man sich unter anderem zwei wichtige Fragen stellen. Erstens: Ist die Rückausrottung dieser Spezies wirklich unumgänglich und falls ja, weshalb? Zweitens: Existiert derzeit eine Art, die als ökologischer Ersatz dienen könnte? Die erste Frage dient eher dazu, die exakten Probleme zu bestimmen, welche das Wiederauftauchen der Spezies lösen soll und sich dabei ein genaueres Bild der Lage und der Zusammenhänge einzelner Lebewesen im Biotop zu machen, um dabei eben, wenn möglich, eine Rückausrottung zu umgehen und bestenfalls dabei auch "ja" als Antwort auf die zweite Frage zu entdecken.

Diese zweite Frage konzentriert sich eher darauf konkrete Lösungen und Alternativen zur Rückausrottung zu finden durch (üblicherweise) das Ansiedeln einer ähnlichen, noch lebenden Spezies, die vom Phänotyp (dazu zählen alle physischen und physiologischen Merkmale) und Verhalten, unter anderem dem Essverhalten und Zusammenspiel mit anderen Spezies her der vorigen, ausgestorbenen Art möglichst viel ähnelt. Die Absicht dabei ist, dass die neue Art die Rolle der vorigen bestmöglich übernimmt, ohne dass man ausgestorbene Hybridarten auf die Natur loslassen muss.

Dieser Prozess wird heutzutage schon angewandt, wenn eine sogenannte Schlüsselart eines lokalen Ökosystems ausstirbt und somit dessen Zusammenbruch droht. Schlüsselarten sind nämlich genau die Arten, die es mithilfe der Rückausrottung zurückzubringen, beziehungsweise zu ersetzen gilt, falls die Umsiedlung einer existierenden Art fehlschlägt oder einfach nicht möglich ist.

Zwei Beispiele für solche „unersetzlichen“ Tiere sind der Auerochse und das Wollhaarmammut.

2.2 Der Auerochse

Der Auerochse war der Vorfahre aller modernen Rinderrassen. Er war in fast ganz Europa und in Teilen Nordafrikas und Asiens weit verbreitet und eine Schlüsselart in vielen verschiedenen Biotopen, bevor sich die Menschen dank steigender Temperaturen nach und nach fast überall in Europa verbreiteten.

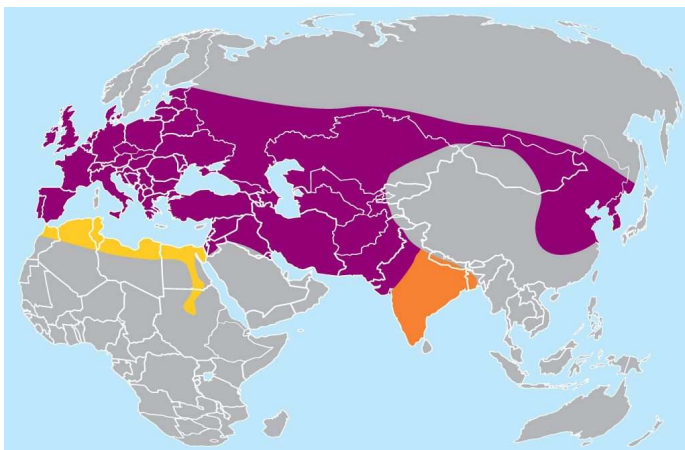


Abbildung 1 Die Verbreitung des Eurasischen Auerochsen (lila), des Indischen Auerochsen (orange) und des Nordafrikanischen Auerochsen (gelb).

Sie fingen an große Tiere, wie zum Beispiel das Wollhaarmammut, den Riesenhirsch Wildpferde und den Auerochsen zu jagen, was nach einiger Zeit der Hauptgrund des Aussterbens des Mammut, des Riesenhirschs und anderer Arten wurde. Der Auerochse hingegen überlebte und einige tausend Jahre später fing man an, im heutigen Pakistan und der Türkei und vermutlich auch an einigen anderen Orten Nordafrikas, die Auerochsen zu zähmen. So wurden diese nach und nach kleiner, zahmer, früher geschlechtsreif und produzierten mehr Milch. Gleichzeitig waren sie immer weniger an die Kälte angepasst und konnten sich schlechter gegen Raubtiere verteidigen und wurden so insgesamt abhängiger von Menschen. Aus diesen paar Zuchtlinien stammt unser ganzer heutiger Rinderbestand ab. Während diese Domestizierung an manchen Orten stattfand, wurden die Auerochsen in Europa durch das Ausbreiten der Städte- und Landwirtschaftsgebieten aus ihrem Lebensraum verdrängt und so verstarb der letzte Auerochse 1627 in Polen.

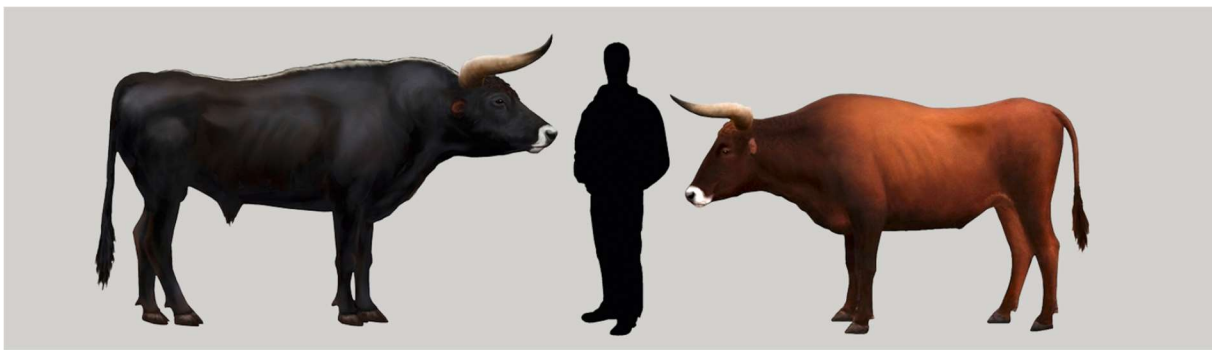


Abbildung 2 Mit einer Schulterhöhe von bis zu 1.8m und einem Gewicht von bis zu über 1t, war der Aurochse nach dem Wollhaarmammut und Wollhaarnashorn das drittschwerste Landsäugetier Europas.

Doch warum sollte man ihn wieder zurückbringen? In den 1920ern wurde erstmals ein Versuch unternommen, den Aurochsen zurückzubringen. Dieser war jedoch eher von wissenschaftlicher Neugierde als aus irgendeinem anderen Grund angetrieben und scheiterte außerdem (mehr dazu in Kapitel 4.3). Nun züchtet seit den 1990ern die "Arbeitsgemeinschaft Biologischer Umweltschutz" auf den Aurochsen hin, dazu wurde 2008 das "Taurosprogramm" ins Leben gerufen, woraufhin 2013 das Projekt "Uruz" und später noch ein weiteres folgte. Worin unterscheiden sich die Beweggründe dieser 4 Projekte zu denen des ersten Projekts?

Alle 4 Projekte wollen den Aurochsen als Mittel einsetzen, um ein größeres Ziel zu verfolgen: die Renaturierung und Genesung verschiedener Ökosysteme. Sie unterscheiden sich etwas in

ihrer Herangehensweise, da es um unterschiedliche Biotope geht, doch grundsätzlich geht es darum die Biodiversität dieser Biotope zu erhöhen, beziehungsweise wiederherzustellen.

Wenn man heutzutage an die Natur denkt, denken die meisten Menschen an einen Wald, typischerweise mit vielen Bäumen, die dicht aneinander stehen, weshalb es in Wäldern oft etwas dunkler ist als außerhalb und wenn man an Waldbewohner denkt, denken die meisten wahrscheinlich an Eichhörnchen, Wildschweine und Rehe. Doch das war nicht immer so. Bevor die Menschen anfangen, die Natur und so zu verändern, dass sie sie ausnutzen konnten und den restlichen wilden Teil in immer kleinere Gebiete zwängten, sah sie völlig anders aus. Natürlich gab es stellenweise auch dichte Wälder, aber sie machten eher einen kleinen Teil in einem großen, sich ständig verändernden Mosaik aus vielen verschiedenen Landschaftsformen aus. Es war eine abwechslungsreiche Mischung aus Wiesen, Feuchtgebieten, kleinen Wäldern, stellenweise kahlen Flächen und an anderen Orten dicht bewachsene Stellen. Auch das Wasser verhielt sich unterschiedlich zu den heutzutage eher geraden Flüssen, die man an allen Stellen ungefähr gleich tief gemacht hat und deren Wasserspiegel über das Jahr immer wieder gleich variiert. Früher veränderten sich Flüsse und Bäche ständig, sie verliefen nie in einer geraden Linie, manche weiteten sich zu Sumpfgebieten aus, während andere sich in schmalen Rinnen ansammelten oder zu Teichen wurden. Und auf alle diese Prozesse und bei der Erhaltung, sowie der Veränderung dieser Landschaften, hatten große Weidetiere, vor allem der Auerochse, einen großen Einfluss.

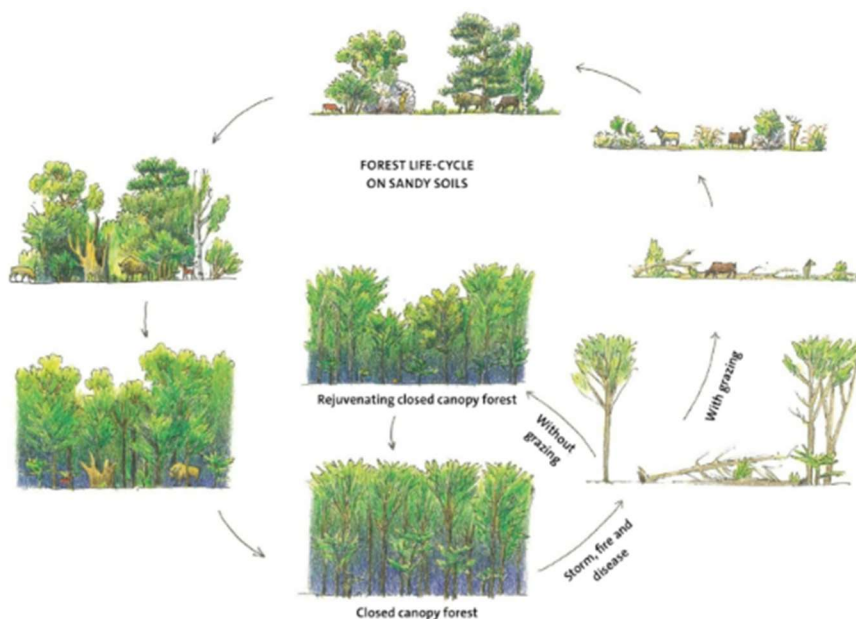


Abbildung 3 Auf dieser Abbildung ist eine vereinfachte Version der Rolle des Auerochsen im Waldkreislauf eines Habitats mit sandbasiertem Boden zu erkennen.

Als Weidetiere ernährten sie sich hauptsächlich von Gras und Gräsern, wenn diese im Winter jedoch von Schnee bedeckt waren oder im Schlamm verschwanden, mussten sie sich andere Nahrungsquellen suchen. Das waren dann meistens Zweige und Sträucher. Indem die Aurochs die dünnen Zweige im Winter kürzten, wurden im Frühling stärkere Wachstumsimpulse der Pflanzen aktiviert und die Enden wuchsen stärker nach. Das wiederum ermöglichte es mehr Vögeln, in Sträuchern, Hecken und Bäumen zu nisten.

Andere Wege, wie sie sich auf den Vogelbestand (und so auch indirekt auf den Insektenbestand und den Rest des Biotopes) auswirkten, war durch ihr Fell. Im Frühjahr verloren sie ihr Fell, was vielen Vögeln als Material zum Nestbau zugutekam. Und die Parasiten in ihrem Fell stellten eine gute Nahrungsquelle für verschiedene Vogelarten dar.

Gleichzeitig blieben auch Flugsamen (zum Beispiel Löwenzahn) an ihrem Fell hängen, welche sie durch ihr Gras über weite Distanzen transportieren konnten. Doch auch durch ihre Ernährung beziehungsweise ihren Kot, verteilten sie Pflanzensamen großflächig, welcher zugleich noch als guter Dünger diente.

Eine ihrer größten Aufgaben war jedoch das Öffnen von Flächen. Das bedeutet, dass sie, indem sie über große Weiden gezogen sind, und Gras, Gräser und kleine Sträucher abrupften, haben sie vor allem im Frühling und Sommer das Überwuchern dieser Pflanzen verhindert und so auch indirekt Waldbrände später im Jahr verhindert, die den Biotopen schwere Schäden hätten zufügen können. Dies ist auch einer der Hauptgründe, weshalb wir in Europa wieder wilde, grasende Tiere benötigen.

Doch einen Großteil dieser Rollen könnten unsere heutigen Rinder auch übernehmen, warum sollte man sich also auf diesen ganzen Aufwand einlassen, nur um eine etwas ältere Version eines heutigen Rinds in Naturschutzgebieten auszusetzen?

Das Problem dabei ist, dass wir Menschen die Aurochs so umgezüchtet haben, dass die heutigen Rinder ohne menschliche Hilfe nicht mehr allein in der Natur auskommen. Milchkühe zum Beispiel liefern, wenn sie ein Kalb bekommen, heutzutage, viel mehr Milch als ein Kalb trinken könnte. Wenn sie nicht von Menschen gemolken werden, können sich ihre Euter schmerzhaft ausdehnen oder entzünden, was in der Natur bei der Kuh entweder zum Tod durch eine Entzündung oder als einfache Beute für ein Raubtier führen würde, was wiederum

zum Tod des Kalbes führen würde. Und das ist nur einer von vielen Gründen, weshalb die heutigen Rinder in der Natur nicht überleben könnten.

Die Auerochsen hingegen hatten nicht mit Problemen wie einer Überproduktion an Milch zu kämpfen und konnten auch ausgezeichnet ohne den Menschen überleben und sich zum Beispiel gegen Raubtiere verteidigen. Abgesehen von ihren langen Hörnern und starken Hinterbeinen hatten sie auch Verhaltensweisen, die sie gegen Raubtiere schützten. Sie grasten stets als Herde eng aneinander, die Kälber und schwächsten Tiere in der Mitte und die starken außen zur Verteidigung. Diese Formation hatte nicht nur Vorteile für die Auerochsen, sondern auch für andere Pflanzenfresser, wie zum Beispiel Rehe, die sich bei Gefahr zum Schutz unter die Auerochsenherden mischen konnten. Gleichzeitig halfen sie aber auch den Raubtieren, denn, wenn sie sich von einem Ort zum nächsten fortbewegten, sie das Gras und restliches Gewächs oft platt trampelten. Während die Pflanzen herum danach weiter und höher wuchsen, brauchte das niedergetrampelte Gras länger, um wieder zu wachsen, was für die Raubtiere die perfekten Bedingungen schaffte sich unbemerkt im hohen Gras fortzubewegen und sich an ihre Beute heranzuschleichen.

Auch nach ihrem Leben waren die Tiere, die bis zu über einer Tonne wiegen konnten, eine gute Nahrungsquelle für viele andere Tiere.

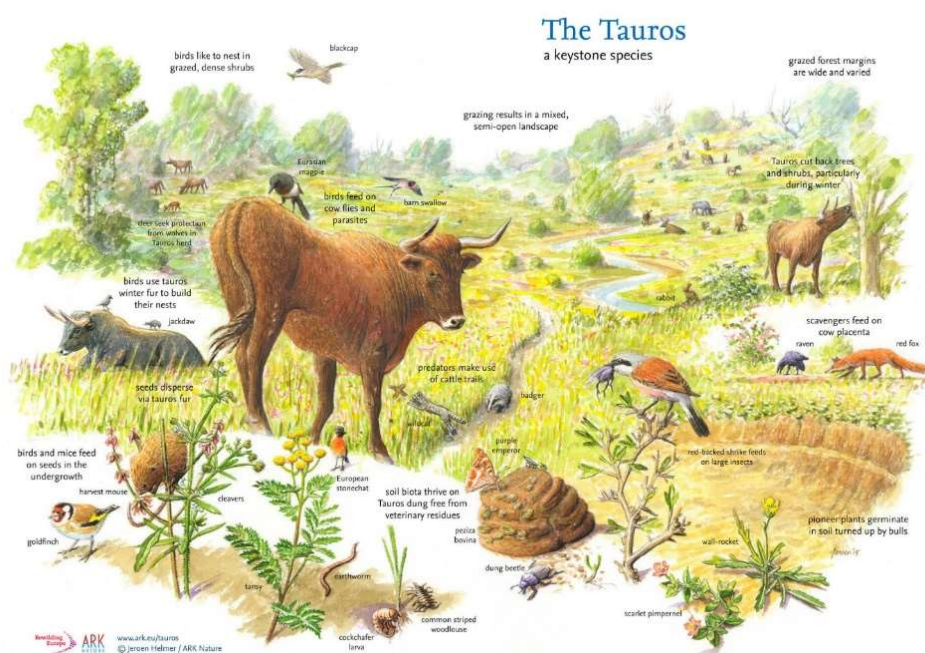


Abbildung 4 Auf diesem Bild lässt sich das Zusammenleben und Zusammenspiel des Auerochsen mit anderen Spezies in seinem ehemaligen Habitat erkennen.

Wie man also unschwer erkennen kann, hat Europa mit dem Auerochsen und ähnlichen wilden Weidetieren einen wichtigen Teil seiner Ökosysteme verloren. Man hätte auch Tiere wie den Riesenhirsch, Wildpferde oder das Wisent zurückbringen können, doch von allen großen Pflanzenfressern war der Auerochse am weitesten verbreitet, an fast alle Lebensräume angepasst und überlebte am längsten in Europa. Und um ein Tier nach tausenden Jahren wieder zurück in eine neue, schlechtere Version seines Lebensraums zurückzubringen, ist Widerstandsfähigkeit genau das, was benötigt wird.

2.3 Das Wollhaarmammut

Nicht nur der Auerochse war ein wichtiger Bestandteil vieler Ökosysteme der verloren ging, auch das Wollhaarmammut, das vor etwa 11 500 Jahren in Europa und Nordamerika ausstarb, vermutlich durch den Temperaturanstieg, welcher zu dieser Zeit stattfand und mit der Verbreitung der Menschen und der Jagd auf das Mammut einherging. Bis vor etwa 4000 Jahren existierten auch noch kleine Restpopulationen, diese waren jedoch kleiner, weniger weit ausgebreitet und deshalb auch viel weniger einflussreich, weshalb ich sie in diesem Kapitel nicht mit einbeziehen werde.

Als großer Pflanzenfresser, erfüllte das Wollhaarmammut einige Funktionen, die denen des Auerochsen ähnelten, jedoch unterschieden sie sich auch in vielen Punkten, aufgrund der unterschiedlichen Lebensräume und Physiologien der Tiere.



Abbildung 5&6 Obwohl das Wollhaarmammut und der Asiatische Elefant fast das gleiche Erbgut besitzen, unterscheiden sie sich stark in ihrem Aussehen. Die zwei größten sichtbaren Unterschiede sind das Fell des Mammuts und die Länge und Krümmung ihrer Stoßzähne. Im Allgemeinen ist das Mammut an kalte Lebensräume angepasst, während der Asiatische Elefant an ein subtropisches Klima gewöhnt ist.

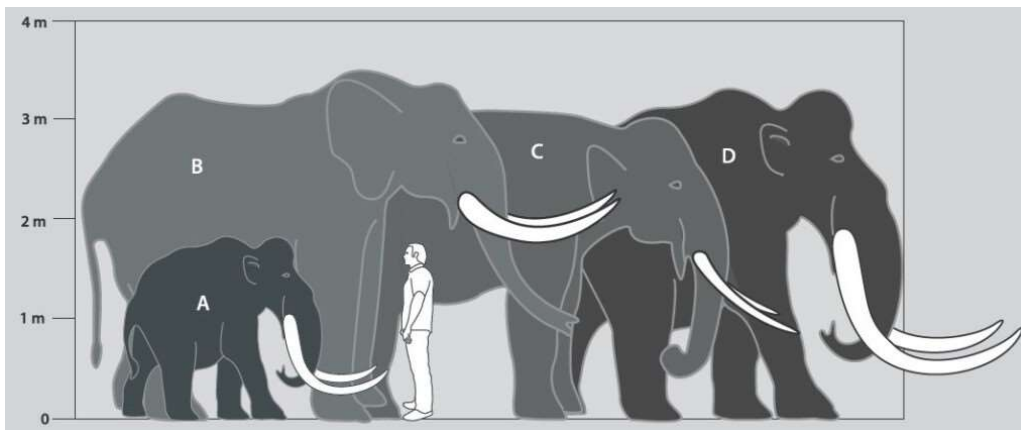


Abbildung 7 Der Mensch im Größenvergleich mit dem Zwergmammut(A), dem Afrikanischen(B) und Asiatischen (Indischen) Elefanten(C) sowie dem Wollhaarmammut(D)

Der Lebensraum des Wollhaarmammuts, war zum Höhepunkt der Ausdehnung des Mammuts der größte Lebensraum der Welt und reichte von Frankreich bis nach Kanada und von den Arktischen Inseln bis nach China. Millionen großer Pflanzenfresser sorgten dafür, dass er intakt blieb und der Einfluss, der dieser Teil der Erde auf das Klima hatte, war so groß, dass der Zustand dieser Biotope es fast schon kontrollierte.



Abbildung 8 Auf diesem Bild kann man die Ausbreitung des Mammuts an ihrem Höhepunkt erkennen.

Das Aussterben des Mammuts löste jedoch eine Art Dominoeffekt aus, der das Ökosystem immer weiter verkümmern ließ und aus den artenreichen Steppen wurden moosbedeckte Wälder und Feuchtgebiete, die erstens schlechter darin sind, CO₂ zu speichern und zweitens heutzutage ungefähr eine 100 mal geringere Biomasse an Pflanzen und Tieren gemeinsam enthalten als die früheren Steppen.

Das Mammut in verschiedene Orte dieses Ökosystems wieder einzuführen, könnte diesen Effekt jedoch zumindest teilweise rückgängig machen.

Als erstes würden die Mammuts viele der Bäume fällen, entweder während sie sich kratzen, als Markierung ihres Territoriums oder auf Nahrungssuche, falls sie nichts anderes finden. Gleichzeitig würden sie mit ihren schwerfälligen Schritten die meisten Büsche zertrampeln. Diese beiden Dinge würden die Überwucherungen zurückdrängen und Platz für schnell wachsende Gräser und Kräuter schaffen.

Gleichzeitig kratzt ihr Getrampel (vor allem im Winter) die oberste Schicht des Permafrostes ab und kreierte darin Lücken, die dafür sorgen, dass Licht und Sauerstoff an den Boden darunter gelangen können und so Pflanzensamen keimen können.

Ein Großteil dieser Samen kommt zudem erst an verschiedenen Orten an, weil sie entweder in den langen Zotteln des Mammuts hängen bleiben oder es die Samen frisst und dann beim Grasens über weite Distanzen hinweg transportiert und diese entweder ausscheidet oder sie vom Fell abfallen.

Diese Samen und Gräser werden zusätzlich noch von den Fäkalien des Mammuts gedüngt, was deren Wachstum weiter anregt.

Doch weshalb ist die Wiederherstellung der Steppe so wichtig? Entgegen den Bäumen und Sträuchern, die in der Tundra wachsen und flache, dichte Wurzeln haben, besitzen die Gräser und Kräuter lange, tiefgehende und diffuse Wurzeln, welche eine effizientere Kohlenstoffaufnahme ermöglichen, da sie ihn effizienter speichern und in den Boden abscheiden können.

Ein vorwiegend von Gräsern und Kräutern bepflanzt Ökosystem, führt zu einer erhöhten Verdunstung, was wiederum die Bodenfeuchtigkeit verringert und Staunässen verhindert. Das wiederum sorgt dafür, dass eine gleichmäßige Bodenzusammensetzung des Permafrostes bestehen kann, da Staunässen zu tieferen Löchern in den Eisschichten führen können.

Zusätzlich dazu sind Grasflächen ebenmäßiger als Wälder und Büsche, was sie zu einer besseren Unterlage für Schnee macht. So gibt es nämlich mehr freiliegende Oberflächen, wo eine gleichmäßige Schneedecke darauf entstehen kann, die so mehr Sonnenstrahlen zurück ins Weltall reflektieren kann, anstatt sie zu absorbieren, was erstens die Bodentemperatur senkt und zweitens auch dabei helfen kann die globalen Temperaturen zu senken.

All diese und weitere Effekte helfen gleichzeitig dabei Treibhausgase zu speichern und die Artenvielfalt der Arktis zu erhöhen, doch was noch viel dringender ist, sie helfen dabei den

Permafrost vom Auftauen zu bewahren. Der Permafrost ist eine Schicht unter der Erde, die aus Erde, Kies und Sand besteht, die durch Eis, das normalerweise dauerhaft gefroren wäre, zusammengehalten wird. In dieser Schicht sind nicht nur möglich schädliche Krankheiten von einer Zeit vor (bis während) der letzten Eiszeit eingeschlossen, sondern auch Schwermetalle, Nebenprodukte fossiler Brennstoffe, Überreste schädlicher Chemikalien (unter anderem verbotene Pestizide), und sehr viele andere gefährliche Stoffe, insbesondere circa 1.6 Milliarden Tonnen CO₂, dessen Freisetzung ungefähr den gleichen Effekt auf unser Klima hätte, als wenn alle Wälder der Welt dreimal hintereinander abbrennen würden.

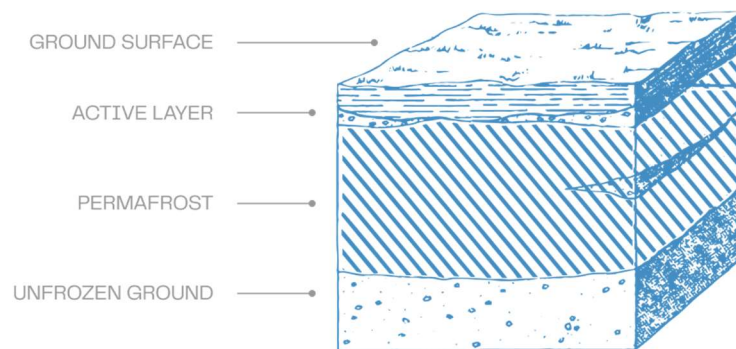


Abbildung 9 Dieses Bild zeigt den Aufbau des arktischen Bodens und den Anteil des Permafrostes darin und dessen Position zwischen den verschiedenen Schichten.

65-70% des eingeschlossenen CO₂ befinden sich zudem zwischen 0 und 3 Metern Tiefe, was bedeutet, dass sobald die Schicht anfängt zu schmelzen (was teilweise schon passiert), Kohlenstoff freigesetzt wird. Glücklicherweise gibt es jetzt schon Maßnahmen, wie zum Beispiel den Pleistozän-Park im Nordosten Russlands, der seit 40 Jahren betrieben wird. Dort leben zur Renaturierung des Lebensraums große Weidetiere in einem Gebiet von 144km². Sie haben einen ähnlichen Effekt auf den Ort, wie den, den das neue Mammut haben wird und wissenschaftliche Fachzeitschriften haben bewiesen, dass die Bodentemperatur der 90 obersten Zentimeter um bis zu 8°C gesenkt werden konnte. Dies ist auch ein gutes Zeichen für das Mammut-Projekt, denn theoretisch wird dieses einen noch stärkeren Einfluss ausüben.

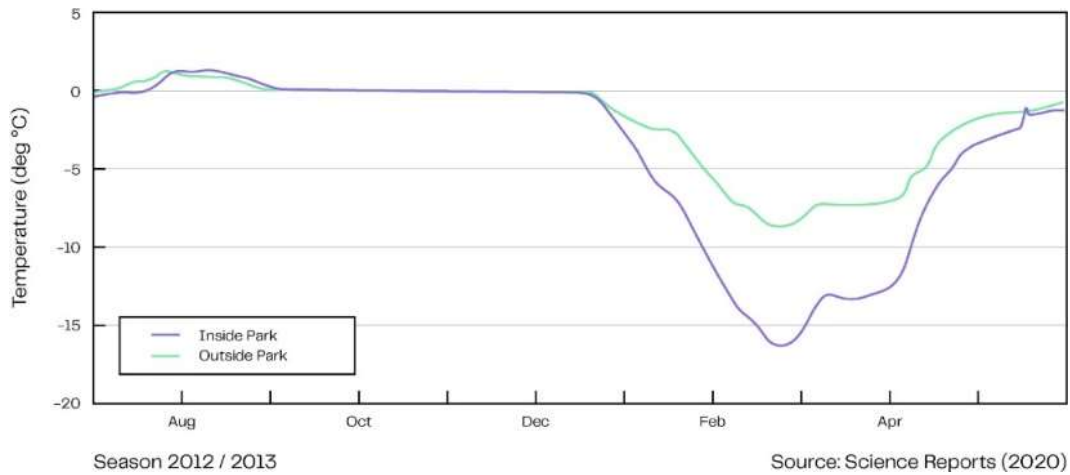


Abbildung 10 Diese Grafik zeigt den vielversprechenden Temperaturunterschied der Bodentemperaturen inner- und außerhalb des Pleistozän Parks.

Bis jetzt sind von der Firma Colossal Biogenetics 4 Orte, 2 davon im nördlichen Kanada und 2 in Alaska, ausgewählt worden, um ihre neuen Mammuts auszuwildern. Dies sind Orte, wo sich pro m³ Boden eine überdurchschnittlich hohe Konzentration CO₂ befindet, und deshalb am dringendsten abgekühlt werden müssen. Doch in nicht allzu ferner Zukunft, könnten Mammuts wieder einen Großteil der Arktis bevölkern, und somit das Schmelzen des Permafrostes stoppen.

3. Wie funktioniert das Klonen von Säugetieren?

In diesem Kapitel werde ich die drei verschiedenen Vorgehensweisen erklären, um Säugetiere zu klonen. Um zu verstehen, wie ein ausgestorbenes Tier mithilfe von Methoden der Genetik wieder zurückgebracht werden kann, muss man zuerst verstehen, wie man Tiere klonen kann. Zwei der drei Methoden zur Rückausrottung von Tieren bauen nämlich nur auf eine bestimmte Art des Klonens auf. Dennoch werde ich die anderen Methoden zum Klonen kurz erwähnen und erklären. Meiner Meinung nach hilft das Wissen über die Unterschiede der Methoden dem Verständnis der zur Rückausrottung angewandten Methode. Das ist wichtig, da dieses Kapitel die Basis zum Verständnis des nächsten Kapitels darstellt. Dort werde ich über ein zweites Konzept der Gentechnik schreiben, welches die Rückausrottung per Gentechnik eigentlich erst ermöglicht.

Außerdem werde ich nur auf das Klonen von Säugetieren eingehen, da das Beispiel, das ich für diese Arbeit gewählt habe, ein Säugetier (das Wollhaarmammut) ist, unter anderem weil die Rückausrottung dieses Tieres bis jetzt am meisten Fortschritte gemacht hat, und deshalb auch am meisten öffentlich zugängliche Informationen über die Rückausrottung dieses Tieres vorhanden sind.

Um zu verstehen, wie das Klonen von Säugetieren funktioniert, muss man zuerst wissen, was Klone überhaupt sind. Was ist also ein Klon? Ein Klon ist eine genetisch identische Kopie eines anderen Lebewesens, genauer genommen die Kopie einer Zelle eines Lebewesens. Klone kommen auf dieser Welt natürlich, sowie künstlich vor. Natürliche Klone findet man zwar grundsätzlich auch bei Menschen und Tieren in Form von eineiigen Zwillingen (wenn man genetische Mutationen außer Acht lässt), jedoch existieren sie vorwiegend in der Pflanzenwelt als einzige Reproduktionsmöglichkeit vieler Arten wie zum Beispiel Erdbeeren.

In der Wissenschaft unterscheidet man zwei verschiedene Methoden zum Klonen: therapeutisches Klonen und reproduktives Klonen. Sie werden für verschiedene Zwecke angewandt; therapeutisches Klonen wird eher in der Medizin angewandt, um zum Beispiel menschliche Haut oder Herzmuskelgewebe aus Zellen vom Patienten herzustellen, damit das Abstoßungsrisiko bei einer Transplantation verkleinert wird. Beim reproduktiven Klonen hingegen ist das Ziel, ein oder mehrere vollständige lebendige Lebewesen mit identischem genetischem Code herzustellen.

Bei beiden Methoden muss man auf die gleiche Art beginnen: Man entnimmt einem Lebewesen eine somatische Zelle, also eine beliebige Körperzelle abgesehen von Ei- oder Samenzellen, diese enthalten nämlich keine vollständigen Chromosomensätze, da Eizellen üblicherweise von der Spermienzelle befruchtet werden und nur die Hälfte der DNA von jedem Elternteil benötigt wird, da diese ja im Embryo kombiniert werden. Der Zelle wird dann der Zellkern entnommen, da dieser die Erbinformation des Individuums enthält.

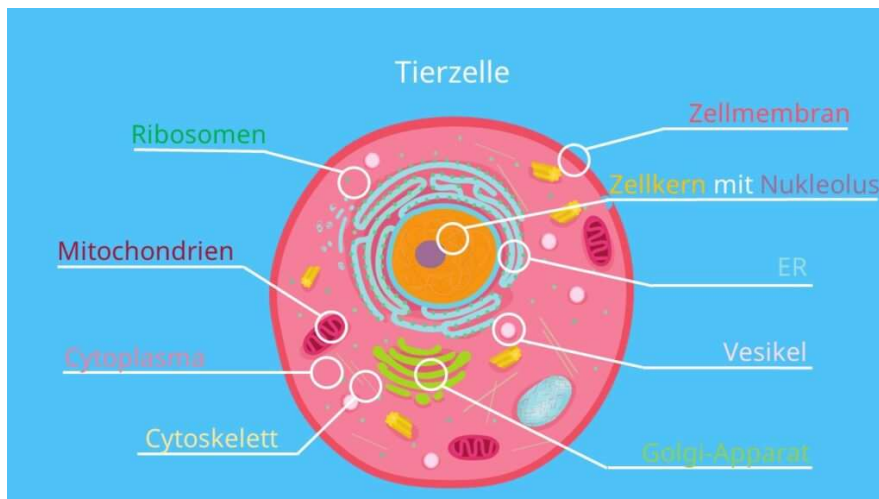


Abbildung 11 Auf dieser Abbildung kann man eine Tierzelle erkennen. Um ein Tier per somatischen Zelltransfer zu klonen, muss ihr der Zellkern (auf der Abbildung orange dargestellt) entnommen werden.

Sie ist als DNA (Englisch für DNS) oder DNS (Desoxyribonukleinsäure) in Form von Chromosomen, die aus langen Doppelhelix-förmigen Strängen bestehen. Diese Stränge bestehen aus vielen aneinander geordneten Bausteinen, den sogenannten Nukleotiden. Die Nukleotide wiederum bestehen aus einer Pentose (ein Zuckermolekül mit 5 Kohlenstoffatomen), auch Desoxyribose genannt, einer Phosphatgruppe und einer von 4 verschiedenen sogenannten Basen. Diese organischen stickstoffhaltigen Basen verbinden mithilfe von sogenannten Wasserstoffbrückenbindungen, die 2 DNA-Stränge (auch Polynucleotide genannt) miteinander.

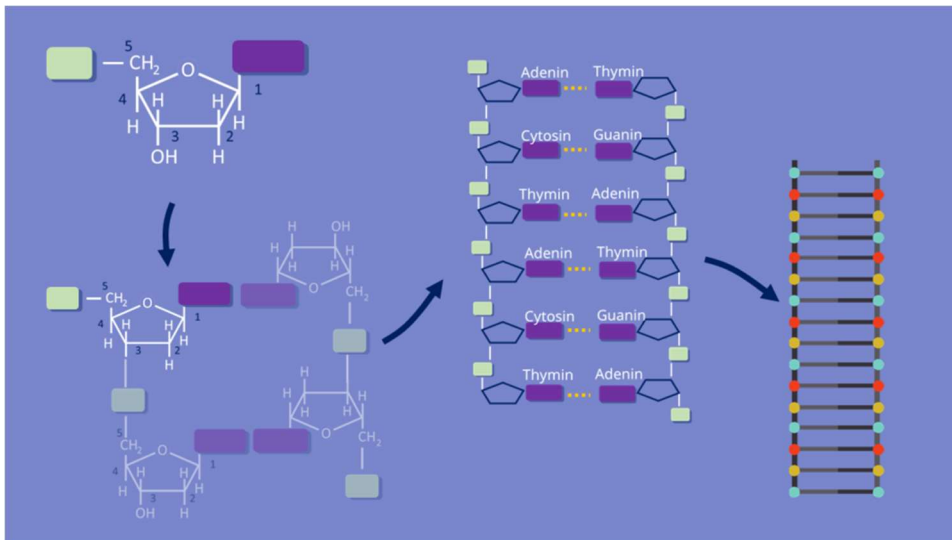


Abbildung 12 Auf diesem Bild stellen die grünen Blöcke die Phosphatgruppen dar, die lila Böcke die Basen und dazwischen sind die Desoxyribosen in der Strichformel dargestellt. Die gelben gestrichelten Linien stellen die Wasserstoffbrückenbindungen dar.

Allerdings können aufgrund ihrer chemischen Zusammensetzungen nicht alle Basen miteinander Verbindungen eingehen, sondern nur Adenin (A) mit Thymin (T) und Guanin (G) mit Cytosin (C). Das nennt sich komplementäre Basenpaarung und ermöglicht es einem, wenn man den einen Strang kennt, den anderen zu ergänzen.

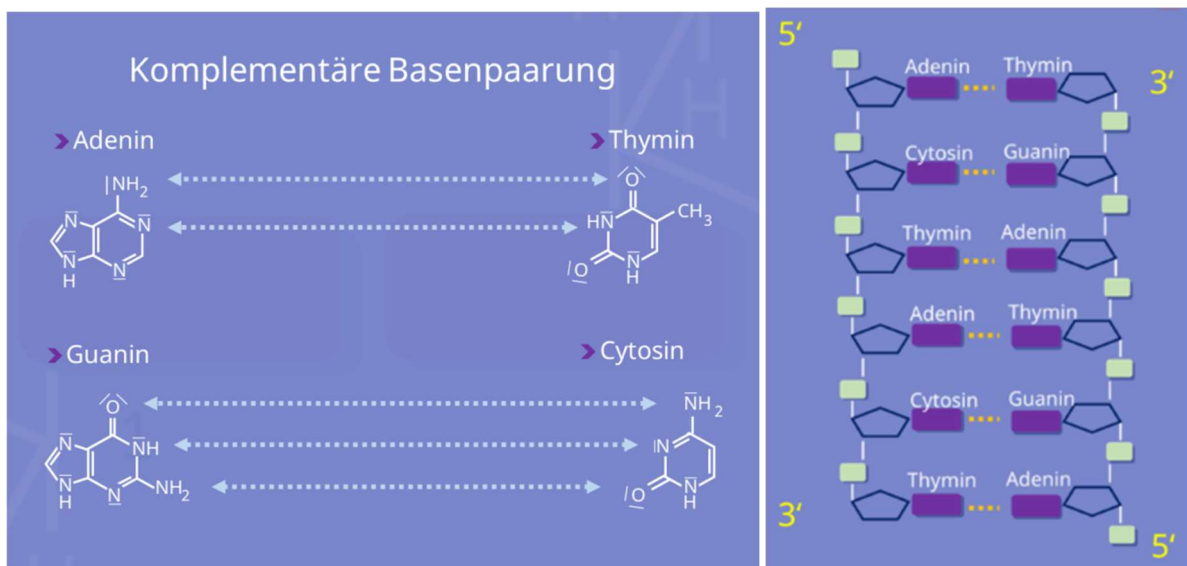


Abbildung 13 Bedingt durch die Basenpaarung kommen Adenin und Thymin sowie Cytosin und Guanin auch immer im selben Mengenverhältnis vor, diese Bindungsverhältnisse verursachen eine sogenannte Antiparallelität der beiden Stränge der DNA (Abbildung 14), sie sind also gegenläufig angeordnet.

Der Zellkern wird dann in einer Petrischale in eine entkernte, unbefruchtete Eizelle von einem Lebewesen der selben Spezies wie der Zellkernspender angehört eingesetzt, welche dann entweder per Elektroschock oder chemisch zur Zellteilung angeregt wird, anstatt befruchtet zu werden. Auf diese Art entsteht dann ein Embryo, dessen DNA hundertprozentig identisch zu der DNA des Zellkernspenders ist.

Beim therapeutischen Klonen wird der Embryo beim nächsten Schritt jedoch zerstört, da zur Herstellung jeglichen gewünschten Gewebes totipotente embryonale Stammzellen benötigt werden, welche man eben nur durch die Zerstörung eines Embryos in einem sehr frühen Entwicklungsstadium gewinnen kann. Das besondere an diesen Stammzellen ist nämlich, dass sie noch nicht spezialisiert sind (totipotent) und sich deshalb im Labor das gewünschte Gewebe einfacher züchten lässt.

Beim reproduktiven Klonen hingegen, wird der Embryo nicht zerstört, sondern in die Gebärmutter einer Leihmutter eingesetzt und dann ausgetragen. Diese Methode nennt sich somatischer Zellkerntransfer.

Es gibt auch noch eine andere Möglichkeit zum reproduktiven Klonen, die sich Embryonensplitting nennt. Dabei wird der Embryo, wenn er aus 6 bis 8 Zellen besteht, getrennt, damit er sich zu mehreren genetisch identischen Mehrlingen entwickeln kann, die dann von einer Leihmutter ausgetragen werden. Die entstehenden Lebewesen sind jedoch nur hundertprozentige Klone, wenn der „gesplittete“ Embryo nicht durch die Befruchtung einer Eizelle entstanden ist, sondern mithilfe des somatischen Zellkerntransfers. Diese Methode wird heutzutage schon in der Landwirtschaft verwendet um Eigenschaften, wie zum Beispiel eine hohe Milchproduktion bei Kühen zu ermöglichen, deshalb ist es bei der alltäglichen Nutzung der Methode irrelevant, wie der Embryo entstanden ist. Sie existiert auch in der Natur, denn eineiige Zwillinge sind eigentlich das Resultat von natürlichem Embryonensplitting.

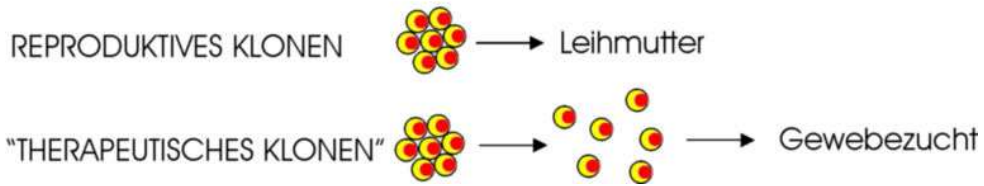
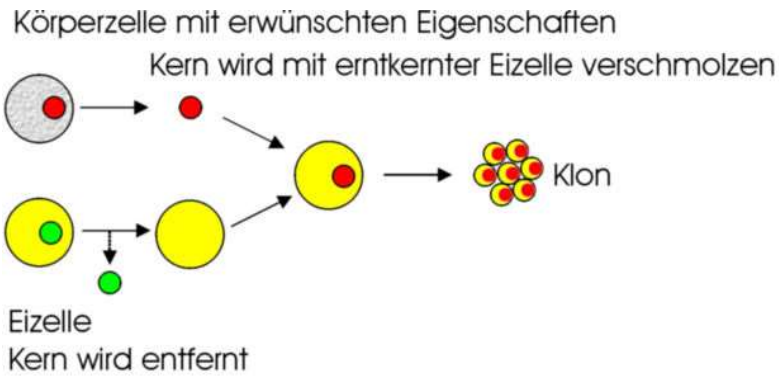


Abbildung 15 Auf diesem Schema werden jeweils die Prozesse des therapeutischen und reproduktiven Klonens visuell dargestellt.

4. Wie funktioniert die Rückausrottung?

Die Rückausrottung von verschiedenen Spezies kann theoretisch mithilfe verschiedener Methoden erreicht werden. In diesem Kapitel werde ich die 3 verschiedenen Methoden, die genutzt werden, erklären, sowie auf verschiedene Vor- und Nachteile der Methoden eingehen, um zu zeigen, weshalb sich nicht alle Methoden für jede Spezies eignen. Die ersten beiden Methoden, also das Klonen und die Genom-Editierung werde ich anhand des gleichen Beispiels, dem Wollhaarmammut, erklären, da die beiden Methoden auf dem Somatischen Zellkerntransfer (siehe Kapitel 3.1) basieren und sich deshalb teilweise ähneln. Die dritte Methode, die selektive Rückzüchtung, werde ich anhand des Auerochsen erklären, da sie sich fundamental von den ersten beiden Methoden unterscheidet und sich deshalb auch nicht auf die gleichen Spezies anwenden lässt.

4.1 Wie funktioniert das Rückausrotten durch Klonen?

Um ein Tier wie das Wollhaarmammut durch das Klonen zurückzubringen, wird der somatische Zellkerntransfer (siehe Kapitel 3.1) angewendet. Bei der Nutzung dieser Methode liegen jedoch zwei große Probleme vor. Erstens: Mammuts sind ausgestorben, wo kriegt man also eine Leihmutter her, die ein Mammutbaby austragen könnte? Zweitens: Wo bekommt man Zellkerne von Mammuts her, denn es gibt ja keine lebenden Exemplare mehr?

Um das erste Problem zu lösen, muss man zunächst den genetischen Code, also das Genom, vom Tier, das man zurückbringen möchte, entschlüsseln. Das ist glücklicherweise auch dann noch möglich, wenn das Tier nicht mehr lebt und muss bei so vielen Exemplaren, wie möglich getan werden, um zu vermeiden, dass spezifische Mutationen, wie zum Beispiel Gendefekte, die bei einem Tier vorkommen mit im Computermodell, (was bisher noch der einzige Ort ist, wo das Wollhaarmammutgenom existiert), integriert werden. Sonst könnte es nämlich sein, dass unbemerkt Genvariationen, die den zukünftigen Tieren schaden würden, in das Genommodell, das später genutzt werden soll, eingefügt würden. Vielfältige Quellen zu DNA-Sequenzierung sind auch deshalb besonders wichtig, da der Prozess der Sequenzierung sich durch die „Kontaminierung“ fremder DNA sehr mühsam gestaltet.

Die amerikanische Paläogenetikerin Beth Shapiro hat das Erbgut, das es zu entschlüsseln gilt mit einem dicken Buch wie zum Beispiel Shakespeares gesammelten Werken verglichen, das sich in jeder Körperzelle eines Mammuts finden lässt. Im Gegensatz zum Buch muss das Erbgut jedoch andauernd repariert werden, damit es zusammenhält und lesbar bleibt. Der Körper des Mammuts hört nach seinem Tod allerdings auf dies zu tun und die langen DNA-Moleküle zerbrechen in immer kleinere Stücke. Bei unserem Buch würde das bedeuten, dass der Leim brüchig wird und die Seiten sich lösen, dann wird das Papier brüchig und zerfällt in einzelne Sätze und Worte. Diese Papierschnipsel werden dann auf einem schlammigen Acker verstreut, über den jahrelang Horden von Tieren trampeln. Aus diesem Chaos dann das Buch wieder zusammen zu puzzeln, erscheint schon fast unmöglich. Nur dass das noch nicht alles ist, denn auf der gleichen Wiese liegen noch hundert andere Bücher auf die gleiche Art verstreut umher und nun gilt es nicht nur die lesbaren Teile von den verschiedenen Shakespeare-Büchern zusammenzubekommen, sondern auch diese von den Teilen der anderen Bücher zu unterscheiden. In der Realität sind die Schnipsel der anderen Bücher DNA-Schnipsel von Insekten, Bakterien, Pilzen und allen möglichen anderen Kleinstlebewesen, die sich über Jahrtausende an dem Mammutkörper zu schaffen gemacht haben und sich in den meisten Fällen, wo nur noch diese übrig sind, an den Knochen angesammelt haben. Wenn die Wissenschaftler die Knochen dann zermahlen, um an die kurzen Stücke der DNA-Moleküle zu gelangen die noch vorhanden sind, stammt nur etwa 1% vom Erbgut, das sie sequenzieren könnten, dann tatsächlich vom Mammut selbst.

Der nächste Schritt, nachdem man all die richtigen DNA-Fragmente gefunden hat, ist sie in der richtigen Reihenfolge anzuordnen. Da man jedoch nicht weiß, wie das ganze am Ende aussehen soll, nimmt man ein möglichst nah verwandtes Tier, welches man an diesem Zeitpunkt hauptsächlich durch homologe Merkmale ausmachen kann, und nimmt dessen Genom als eine Art Vorlage wobei man jedes Fragment mit der Vorlage vergleicht und versucht an die richtige Stelle zu fügen. Homologe Merkmale sind biologische Strukturen, die bei verschiedenen Lebewesen eine, anhand verschiedener Kriterien festgelegte, Ähnlichkeit aufweisen. Solche Merkmale kommen bei Lebewesen vor, die zum Beispiel den gleichen Vorfahren entstammen, weshalb das Vorkommen vieler homologen Merkmale oft auf große Gemeinsamkeiten oder Ähnlichkeiten im Erbgut hindeutet.

Wenn man das komplette Genom des ausgestorbenen Tieres entschlüsselt hat, kann man das Genom, mit dem von seinen noch lebenden verwandten Spezies vergleichen, um herauszufinden, mit welchem sie am meisten Erbgut teilen, und ob dieses ausreicht, damit Weibchen der lebenden verwandten Spezies ein Baby ihrer ausgestorbenen verwandten Spezies austragen könnten. Um das zu erreichen, wird das Genom von beiden Tieren benötigt, um per DNA-Sequenzierung die Abfolge der Basen in einem DNA-Molekül zu bestimmen. Die Reihenfolge der basenpaare ist nämlich das, was die DNA ausmacht, sie von der DANN anderer Lebewesen unterscheidet und für die Ausprägung aller verschiedenen phänotypischen Merkmale eines Lebewesens verantwortlich ist (siehe Kapitel 4.3). Beim Wollhaarmammut hat man auf diese Art 2 Spezies gefunden, die diesen Kriterien entsprechen und zukünftig als Leihmutter dienen sollen: der Asiatische Elefant und der Afrikanische Elefant, wobei der Asiatische Elefant am meisten Erbgut mit dem Wollhaarmammut teilt (etwa 99.6%). Dennoch werden von der Firma Colossal Biogenetics alle beiden Arten in Betracht gezogen. Zusätzlich dazu planen sie in einer späteren Phase des Projektes sogenannte künstliche Gebärmütter zu erschaffen, bereits gefährdete Elefantenbestände nicht weiteren Risiken auszusetzen. Gleichzeitig soll man so eines Tages die Entwicklungen der Embryonen besser monitoren zu können, um auch diese somit weniger Risiken auszusetzen.

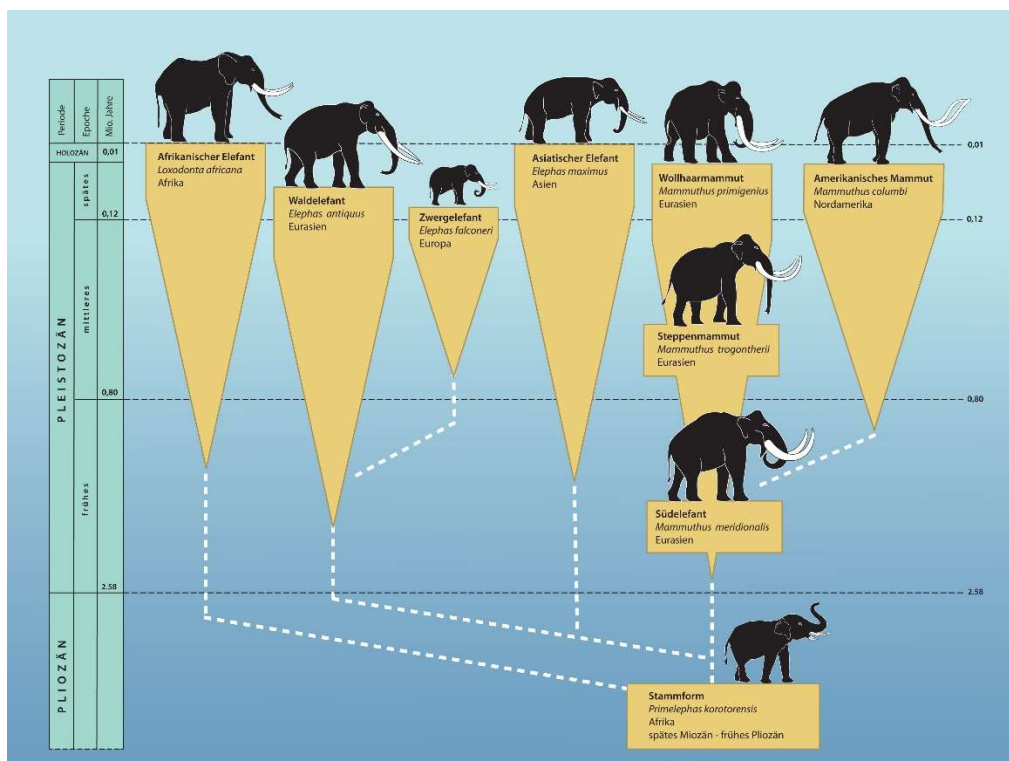


Abbildung 16 Auf diesem Bild lassen sich die Verwandtschaftsbeziehungen der Familie der Elefanten erkennen.

Das zweite Problem dabei ist, dass es sehr schwer ist gut genug erhaltene Zellen zu finden, denn Wollhaarmammuts sind vor etwa zehntausend Jahren ausgestorben. Abgesehen von eingefrorenen Tieren besteht also fast keine Chance, dass man Zellen findet, aus denen man noch einen funktionierenden Zellkern gewinnen könnte. Und auch dann noch ist es schwer gut erhaltene Zellen zu finden, denn nur ein kleiner Anteil der Tiere, die damals gelebt haben, sind „zur richtigen Zeit am richtigen Ort gestorben“. Angenommen, hundert Wollhaarmammuts hätten vor 20'000 Jahren in einem Gebiet irgendwo in der heutigen sibirischen Tundra gelebt und wären alle im selben Jahr gestorben, dann wären von diesen hundert Mammuts vielleicht 70 zu einem Zeitpunkt gestorben, an dem es von Grund auf nicht möglich gewesen wäre, dass sie rechtzeitig gefroren und somit konserviert worden wären. Die restlichen 30 Mammuts wären zwar in einer kälteren Jahreszeit gestorben und nach ihrem Tod einigermaßen eingefroren, jedoch wären 20 davon auf irgendeiner Wiese oder in einem See gestorben und sobald die Temperaturen wieder wärmer geworden wären, wären sie wieder aufgetaut und von anderen Lebewesen als Nahrungsquelle genutzt worden oder verweset. Die restlichen 10 Mammuts wären an einem günstigeren Ort wie zum Beispiel in einem See gestorben und am Grund des Sees, dank des Permafrostes, schnell genug im Schlamm eingefroren, wobei schnell genug ziemlich lange dauert, denn bis ein 8 Tonnen schweres Tier komplett gefroren ist, hat der Verwesungsprozess mit Sicherheit schon stellenweise angefangen. Am Sommer darauf wäre der See jedoch zumindest teilweise wieder aufgetaut und die Mammuts mindestens teilweise - wenn nicht sogar ganz. Im darauffolgenden Winter würden sie dann wieder gefrieren und im Sommer darauf wieder auftauen. Das würde sich dann so lange wiederholen, bis die 5 schwersten Mammuts dann nach Jahren so weit eingesunken wären, dass sie das ganze Jahr über gefroren blieben. So könnten sie dann die nächsten 20 000 Jahre dort liegen, bis man sie ausgraben würde. Jedoch hätten das ständige Auftauen und Erfrieren seinen Schaden schon angerichtet und von den 5 übrigen Mammuts, fände man vielleicht noch mit Glück bei einem der Mammuts halbwegs intakte Zellen.

Funde wie zum Beispiel der, des kanadischen Mammutbabys „Nun Cho Ga“ sind deshalb auch so selten und wertvoll für die Wissenschaft. Das Tier wurde 2022 entdeckt und ist mit Haut, Haaren und Stoßzähnen, eines der am besten erhaltene Tiere, das bis jetzt gefunden worden ist. Doch auch bei solchen Funden sind bis jetzt noch keine Zellen gefunden worden, die unbeschädigt genug sind, um daraus erneutes Leben zu erschaffen. Dennoch sind sie wichtig, denn je besser das Tier konserviert war, desto einfacher ist es für Wissenschaftler ihre DNA zu

sequenzieren, weil überhaupt mehr sequenzierbare DNA vorhanden ist als bei schlecht erhaltenen Funden wie zum Beispiel Skeletten, wo nur noch ein paar angefressene Gewebereste dran sind.



Abbildung 17 Das Mammutbaby wurde von Goldgräbern in Yukon im Nordwesten Kanadas gefunden. Die Einheimischen nannten es Nun Cho Ga, was in der Han-Sprache, der Indigenen in der Region so viel wie „großes Tierbaby“ bedeutet.

Trotz all diesen Problemen gibt es Wissenschaftler, die mit dieser Methode das Wollhaarmammut zurückbringen möchten, wie zum Beispiel Akira Iritani (ein japanischer Forscher der Kindai University in Japan) und sein Team. Sie versuchen lebendige, unversehrte Stammzellen von einem Wollhaarmammut zu finden, diese in eine entkernte Eizelle eines Asiatischen Elefanten einzusetzen und das Baby mit dem kompletten Erbgut eines Mammuts dann von einer Asiatischen Elefantenkuh austragen zu lassen.

Dieser Prozess stellt sie jedoch vor mehrere Probleme. Zuerst sei gesagt, dass es sehr unwahrscheinlich ist, dass sie nutzbare Zellen finden beziehungsweise die Zellen und falls dies des Weiteren doch der Fall sein sollte, wäre die Fehlerquote bei diesem Verfahren ziemlich hoch. Beim normalen Klonen per somatischen Zellkerntransfer werden oft mehrere Anläufe, also auch mehrere Ei- und Stammzellen benötigt, bis es funktioniert, wahrscheinlich mehr, als das Team zur Verfügung haben wird und das ist, wenn man die Risiken einer speziesskreuzenden Schwangerschaft und Geburt außer Acht lässt. Die, bestenfalls, niedrige Anzahl an verfügbaren Zellen würde zudem noch spätere Probleme bezüglich der genetischen Vielfalt mit sich bringen. Drittens besäße ein Mammutbaby, welches auf diese Art entstanden wäre, zu 100 Prozent das Erbgut eines Mammuts wie es sie früher gab und wäre also, trotz aller Vorbereitung des Lebensraumes, schlecht an unsere heutige Umwelt angepasst. Viertens,

und das lässt sich schlecht vorhersagen, könnte es sein, dass die Stammzellen wegen ihres Alters Probleme für die daraus entstehenden Tiere verursachen. Das wird jedoch von der Situation abhängig sein, falls sie jemals eintreten sollte und ist nicht nur deshalb sehr schwer vorauszusagen.

Alternativ gibt es noch Möglichkeiten geschädigte Zellen mithilfe der entkernten Gastzelle zu reparieren. Dieses Verfahren ist jedoch noch in einem sehr frühen Stadium und keineswegs auf seltene Mammutzellkerne, mit der Erwartung, dass daraus ein Kalb entsteht, anwendbar, da die Fehlerquote enorm hoch ist. Dies hat bis jetzt nur dazu geführt, dass die Zellen minimal repariert wurden, jedoch nicht genug, um eine Zellteilung zu ermöglichen. Sich auf diesen Effekt zu verlassen, um eine Rückausrottung durchzuführen, wäre im Moment unlogisch und würde dazu führen, dass die Zellen verschwendet würden. Dokumentierte Versuche gab es bis jetzt nur mit Zellkernen des gut konservierten Mammutjungen „Yuka“ dessen Zellkerne in Maus-Eizellen eingesetzt wurden und alle diese Versuche wurden von den gleichen Forschern, Akira Iritani und seinem Team, durchgeführt.

Das bedeutet allerdings nicht, dass die Methode nutzlos ist, denn auch wenn sie sich jetzt vielleicht nicht am besten dafür eignet, Spezies wie das Wollhaarmammut, die seit Jahrtausenden ausgestorben sind, zurückzubringen, könnte sie dennoch ermöglichen Spezies, die erst seit kurzem ausgestorben sind, zurückzubringen und ist für diese Aufgabe sogar die am besten geeignete Methode. Sie hat sogar schon einige Erfolge hervorgebracht, wie zum Beispiel der Schwarzfußiltis Elizabeth Ann, die wie zum Beispiel der Schwarzfußiltis Elizabeth Ann, die aus einem eingefrorenen Zellkern eines Artgenossen, der 30 Jahre vor ihrer Geburt gestorben war, geschaffen wurde. Ihre Spezies ist zwar noch nicht ausgestorben, jedoch war sie in den 1980ern kurz davor und ist mittlerweile deshalb schwer von genetischer Verarmung betroffen. Genetische Verarmung passiert, wenn durch einen äußeren Faktor, in diesem Fall die Jagd durch Landwirte, der Bestand einer Spezies drastisch sinkt und somit die Allelfrequenz im Genpool der Art verändert wird. Ein Allel ist eine Variation von einem Gen die für die Ausprägung eines bestimmten Merkmales verantwortlich ist. Durch das rasante Verschwinden von vielen Individuen können verschiedene Allele zum Großteil oder sogar komplett verschwinden, das reduziert die genetische Vielfalt und mit ihrem Verschwinden, steigt das Risiko für Erkrankungen, da die Tiere nach und nach immer mehr Erbgut miteinander teilen, weil die Allele unnatürlich stark begrenzt sind, was zu inzucht-bedingten Erkrankungen führen

kann, welche unter anderem wiederum zu vorzeitigen Toden, genetischen Defekten oder Unfruchtbarkeit führen können, was diesen Effekt wiederum verstärkt.

Wissenschaftler von der Organisation „Revive and Restore“ hoffen nun mithilfe von Elizabeth Ann Informationen über das Verhalten von geklonten Tieren zu gewinnen und mithilfe ihrer Nachkommen, mehr Vielfalt in den Genpool der Spezies zu bringen und so diesen Teufelskreis zu durchbrechen und um den Prozess bei den Schwarzfußiltissen so weit wie möglich rückgängig zu machen.



Abbildung 18 Auf diesem Bild, das am 30. Oktober 2020 entstand, war Elizabeth Ann gerade einmal 3 Wochen alt. Abbildung 19 Auf diesem Bild ist sie komplett ausgewachsen und besitzt das typische Aussehen eines Schwarzfußiltis-Weibchens

Generell ist diese Methode vielversprechend, obwohl ihre Anwendungsmöglichkeiten bis jetzt und auch in absehbarer Zukunft auf Tiere limitiert sind, deren Zellen ordnungsgemäß konserviert worden sind. Hindernisse, wie die hohe Fehlerquote und hohen Kosten, sind dabei überwindbar und sollten in wenigen Jahren keine Probleme mehr darstellen. Vorausgesetzt die Forschung auf diesem Gebiet entwickelt sich so schnell weiter wie bisher, wird diese Prozedur bis dahin standardisiert sein und somit ein wertvolles Werkzeug zum Bremsen des Artensterbens darstellen. Sowohl beim Zurückbringen kürzlich ausgestorbener Tiere als auch bei der Erhaltung und genetischen Diversifizierung gefährdeter bestände.

4.2 Wie funktioniert das Rückausrotten durch Genom-Editierung?

Genom-Editierung, auch noch Genomchirurgie oder auf Englisch häufig „Genome Engineering“ genannt, ist die zweite Methode zur Rückausrottung von Tieren und wird auch oft als vielversprechendste Methode bezeichnet, denn bis zur Leihmutterschaft, lassen sich alle Probleme, die man bei der ersten Methode begegnet, vermeiden. Man kann damit theoretisch jedes Tier, dessen Genom man sequenziert hat und das einen lebenden Verwandten besitzt, rückausrotten. Man könnte theoretisch auch das Genom jedes lebenden Tiers (darunter auch Menschen) „nach Lust und Laune“ verändern. Dabei ist jedoch theoretisch das Schlüsselwort, denn die Methode ist streng reguliert.

Doch was unterscheidet diese Methode so von der Ersten? Denn beide Methoden basieren auf dem somatischen Zellkerntransfer.

Den Unterschied macht CRISPR-Cas9, ein Genmodifizierungswerkzeug, das 2012 von den Wissenschaftlerinnen Emanuelle Charpentier und Jennifer A. Doudna revolutioniert wurde und seither, es Wissenschaftlern ermöglicht Gene, schneller, präziser und billiger als je zuvor zu bearbeiten und zu verändern.

Ursprünglich ist CRISPR-Cas ein Abwehrsystem, das verschiedene Bakterien gegen sogenannte Bakteriophagen (Viren, die darauf ausgelegt sind, Bakterien auszurotten) entwickelt haben. Es funktioniert in verschiedenen Etappen.

Es fängt damit an, dass ein Bakteriophage eine Bakterie, die das CRISPR-Cas-Abwehrsystem besitzt, angreift. Dazu injiziert der Phage seine eigene DNA in die Bakterie, und da die Bakterie nicht anders kann, reproduziert sie fortan die DNA des Phagen anstatt ihrer eigener, in der Regel überlebt die Bakterie dies nicht lange und stirbt nach einiger Zeit.

Sollte die Bakterie jedoch überleben und es schaffen, den Phagen zu vernichten, wird dann das CRISPR-System aktiviert. CRISPR steht für „Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats“ (gruppierte regelmäßig geteilte kurze palindromische Sequenzen, auf Deutsch).

Der erste Teil, der genutzt wird, ist das sogenannte CRISPR-Array, ein spezieller „Speicherort“ in ihrer eigenen DNA. Er besteht aus einer sogenannten Leadersequenz am Anfang, woraufhin abwechselnd palindromische Sequenzen und Gensequenzen von den verschiedenen Phagen,

die die Bakterie im Laufe ihres Lebens angegriffen haben, folgen. palindromische Gensequenzen sind DNA-Abschnitte, die vorwärts sowie rückwärts gleich gelesen werden. Beispiele für Palindrome in der deutschen Sprache sind etwa Wörter, wie Radar oder der Name Anna oder das Satzpalindrom „Dreh mal am Herd.“

Das Ganze funktioniert, indem die Bakterie mithilfe von zwei Restriktionsenzymen, Cas1 und Cas2 genannt einen Teil der DNA des Phagen extrahiert und dann zwischen palindromischen Gensequenzen speichert. Diese Abschnitte werden Spacer oder Protospacer genannt. Letzteres bezeichnet den Abschnitt, bevor er im Array platziert wurde und Ersteres ist die Bezeichnung, die genutzt wird, wenn der Abschnitt sich im Array befindet.

Die palindromischen Sequenzen im CRISPR-Array werden Repeats genannt und sind dazu da, die einzelnen Spacer später trennen zu können. Die Palindrome erleichtern genauer gesagt einem Enzym die DNA zu lesen, denn sie lesen den ganzen Strang der Reihe nach ab, und die palindromischen Sequenzen dienen dabei sozusagen als Leerzeichen.

Das ist wichtig, denn wenn die Bakterie später dann einmal von einem Phagen angegriffen wird, erstellt sie eine RNA-Kopie des ganzen CRISPR-Arrays.

Die RNA (auf Deutsch RNS für Ribonukleinsäure) besteht ähnlich wie die DNA aus einer Kette von vielen Nukleotiden, welche normalerweise auf Grundlage einer DNA hergestellt werden. Die Nukleotide einer RNA unterscheiden sich jedoch vom Aufbau her zu dem der DNA. Sie bestehen aus einer Pentose, der sogenannten Ribose, einem Phosphatrest und einer von 4 möglichen Basen. Die Basen können Cytosin, Guanin, Adenin oder Uracil sein. Anders als bei der DNA gibt es bei der RNA jedoch keine komplementäre Basenpaarung, da die RNA nicht als Doppelhelix existiert, sondern als Einzelstrang.

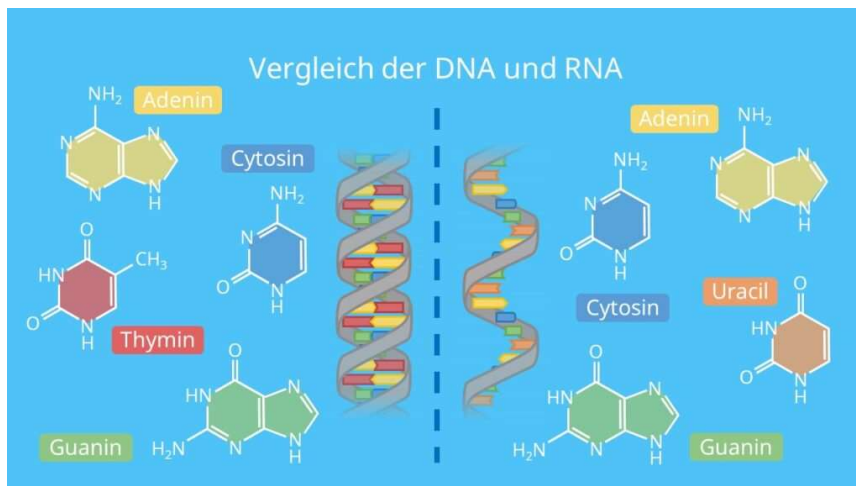


Abbildung 50 Hier sieht man den Doppelhelix-förmigen Strang und seine Basen im Vergleich zu denen des Einzelstrangs der RNA.

Im CRISPR-System wird die sogenannte prä-crRNA im nächsten Schritt von transactivating CRISPR RNAs (tracrRNA) in lauter Einzelstücke, die jeweils einen Spacer und ein Repeat enthalten unterteilt. Dann bindet sich die tracrRNA an die crRNA, an die Enzyme RNase III und Cas9, welche die einzelnen crRNAs dann voneinander trennen. Die crRNA mit ihrer Cas9 Endonuklease (Endonukleasen sind spezielle Enzyme, die DNA-Stränge durchschneiden können) sucht dann die DNA im inneren der Bakterie ab, welche sich dort frei herumbewegt, da Bakterien Eukaryoten sind anders als bei den Menschen und Tieren deren DNA sich im Zellkern verpackt befindet, da sie Prokaryoten sind.

Wenn Cas9 in der Bakterie also die passende fremde DNA zur RNA-Sequenz des Komplexes findet, kann es die beiden Stränge dieser DNA dann an bestimmten Orten präzise durchschneiden und sie so aus seiner eigenen DNA entfernen und zerstören. Nachdem die fremde DNA entfernt wurde, werden die beiden Enden der DNA des Bakteriums wieder zusammengefügt. Die crRNA kann allerdings nur an die DNA binden damit Cas9 sie zerschneiden kann, wenn eine sogenannte PAM-Sequenz in der gefundenen DNA vorhanden ist. Eine PAM-Sequenz (protospacer-adjacent motif), besteht aus 3 Basen, welche nur in der fremden DNA vorhanden sein können und sie vermeidet so, dass Cas9 aus Versehen seine eigene DNA durchschneidet.

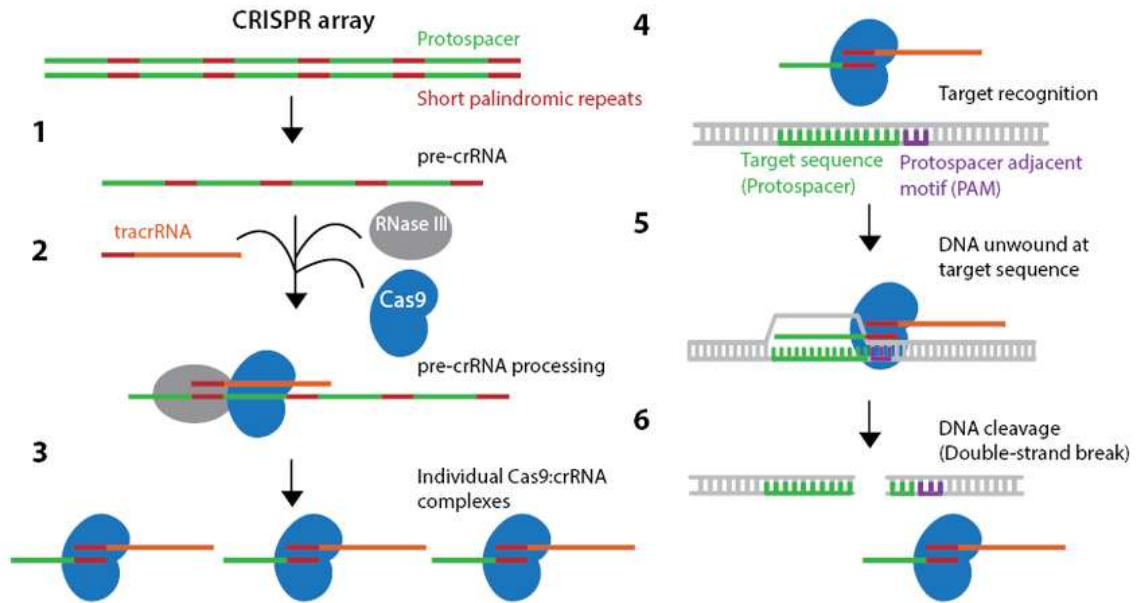


Abbildung 21 Auf dieser Darstellung kann man eine graphische Erklärung des CRISPR Cas9 Systems in 6 Schritten erkennen.

Um CRISPR-Cas9 jedoch in der Gentechnik anwendbar zu machen, mussten an diesem System ein paar Änderungen vorgenommen werden. An diesem Punkt kamen dann Emanuelle Charpentier und Jennifer Daudna ins Spiel. Sie haben die crRNA mit der tracrRNA zu einer einzigen RNA verbunden, der sogenannten Guide-RNA (gRNA). Dies ermöglicht es Wissenschaftlern nun dieses Prinzip außerhalb von Bakterien zu verwenden, indem sie alle möglichen RNA-Stränge an das Cas9-Protein fixieren können und dadurch gezielt die DNA eines prokaryotischen Lebewesens ihrer Wahl zu verändern indem man zum Beispiel einen Teil der DNA eines Lebewesens durch das eines anderen ersetzt.

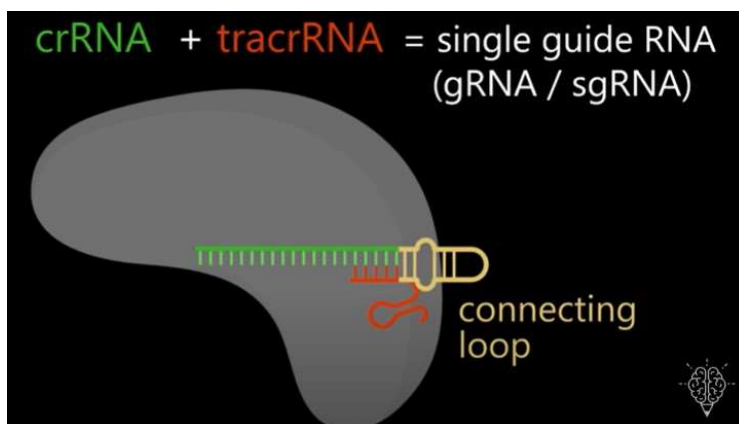


Abbildung 22 Diese Verbindungsschleife („connecting loop“) verbindet die zwei individuellen RNAs zu einer einzigen.

Bei der Rückausrottung wollen so zum Beispiel Unternehmen wie Colossal Biogenetics CRISPR-Cas9 verwenden, um einen somatischen Zellkern eines Asiatischen Elefanten so zu verändern, dass dieser dem eines Mammuts in bestimmten Punkten ähnlicher ist. Ihr Ziel ist es nämlich nicht eine exakte Kopie eines Mammuts zu erschaffen, dies wäre auch nicht sinnvoll, da in der Zeit seit dem Aussterben des Mammuts sich nicht nur sein eigener Lebensraum, sondern auch der Rest der Welt, unter anderem die globalen Temperaturen sich so sehr verändert haben, dass die Mammuts überhaupt nicht mehr an das Leben auf der Erde angepasst wären. Deshalb ist Colossals Plan Elefanten zu erschaffen, die so modifiziert sind, dass sie in ein Leben in der sibirischen Tundra angepasst wären und die meisten der früheren Funktionen des Wollhaarmammuts trotzdem übernehmen könnten.

Um die Methode zur Veränderung des Genoms zu verstehen, muss man wissen, dass Cas9 einen Doppelstrangbruch auf 2 Weisen durchführen kann: nicht-homolog und homolog. Beim nicht-homologen Doppelstrangbruch, wird der entfernte Teil der DNA entweder durch zufällige Gensequenzen ersetzt oder wieder an beiden Enden zusammengefügt. Wenn dies bei einem ursprünglich Intakten Gen, wie beim Elefanten durchgeführt wird, erfolgt aus beidem die Inaktivierung des Gens, was bei der Rückausrottung den Zweck verfehlen würde. Deshalb muss hierzu der Doppelstrangbruch homolog ausgeführt werden, denn dann kann man ihn gezielt reparieren, also entweder ein neues Gen oder eine veränderte Version des Gens (Mutation) einfügen. Die letztere Methode ist weitläufiger unter ihrer englischen Bezeichnung, Homology Directed Repair (HDR) bekannt. Das einzige Problem bei der Methode ist, dass sie im Moment noch sehr anfällig für Fehler ist und auch für ungewollte Schäden im bearbeiteten Genom sorgen kann. 2019 haben weniger als 10% der Anwendungsversuche dieser Methode reibungslos funktioniert.

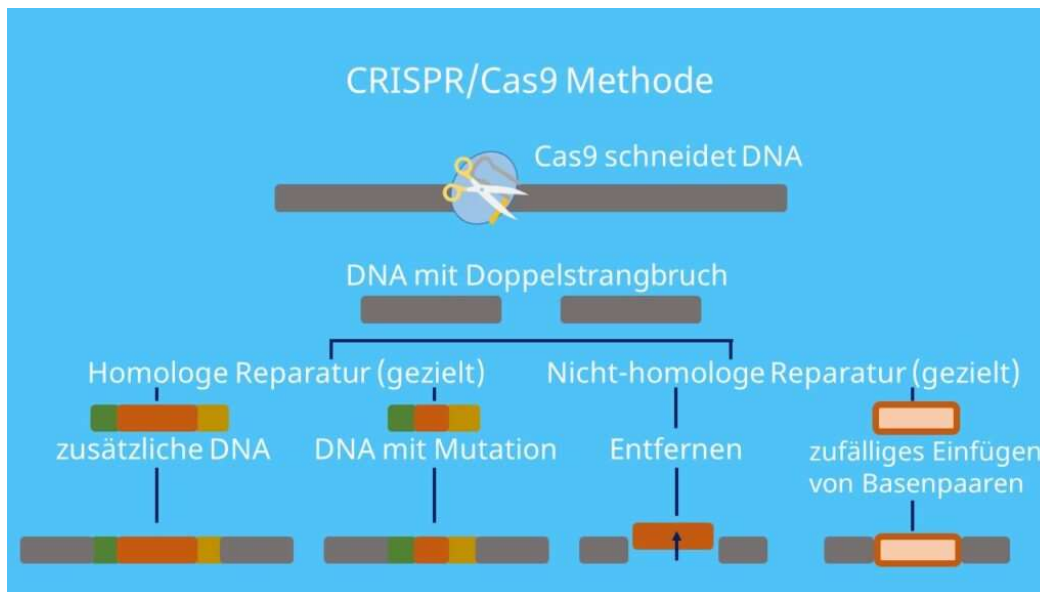


Abbildung 23 Bei der Rückausrottung wird je nach Gen entweder ein komplettes Gen des Mammuts als Ersatz eingefügt oder eine veränderte Version des Elefantengens.

Um die Methode zur Rückausrottung anzuwenden, müssen zuerst beide Genome sequenziert werden (siehe Kapitel 3.2), dann muss man die sich unterscheidenden Stellen dieser festmachen, herausfinden für welche Merkmale des jeweiligen Tieres die Stellen verantwortlich sind und dann entscheiden, ob diese wichtig oder unwichtig für ihr Ziel sind. Von den Stellen, die im Genom des Mammuts als wichtig angesehen werden, müssen dann in einem Labor Kopien hergestellt werden und es muss auch eine RNA-Kopie der Stelle in der Elefanten-DNA erstellt werden, die durch die des Mammuts ersetzt werden soll. Dann wird die Elefanten RNA als crRNA in die Guide-RNA eingefügt, damit diese Cas9 den Weg zeigen kann um den gewünschten Teil aus dem Genom ausschneiden kann. An diesem Punkt kommt dann die Kopie der Mammut DNA zum Einsatz, welche dann an den Ort eingefügt wird, wo man die DNA des Elefanten entfernt hat.

Ein Beispiel für eine solche Veränderung ist zum Beispiel die Modifizierung eines Gens, das für die Produktion von Hämoglobin verantwortlich ist. Hämoglobin ist ein Protein in den Erythrozyten (rote Blutkörperchen), welches für den Sauerstofftransport im Blut zuständig ist. Trotz dem zusätzlichen isolierenden Fett und dem Fell, war das Mammut nämlich Temperaturen ausgesetzt die, wenn sie gewöhnliches Blut gehabt hätten, dafür gesorgt hätten, dass verschiedene Körperteile, wie zum Beispiel die Spitze des Rüssels, nicht ausreichend hätten mit Sauerstoff versorgt werden können und nach einiger Zeit abgestorben wären. Deshalb besaß das Mammut eine besondere, der Kälte angepasste Form von Hämoglobin, die auch bei extremer Kälte sehr gut funktionierte und alle Gliedmaßen ausreichend mit Blut

versorgen konnte. Um die neuen Mammuts in der sibirischen Tundra überlebensfähig zu machen, können sie deshalb nicht mit dem Hämoglobin Asiatischer Elefanten geboren werden, die an ein subtropisches Klima angepasst sind.

Diese ist nur eine von vielen Veränderungen, die an den Zellkernen von Asiatischen Elefanten vorgenommen werden müssen. Diese Veränderungen sind trotz der fortschrittlichen Methoden, die zur Verfügung stehen sehr aufwändig, unter anderem, weil man trotz den Vergleichen mit der DNA der asiatischen Elefanten, nicht mit hundertprozentiger Genauigkeit weiß welches Gen bei den Wollhaarmammuts wofür verantwortlich war. Hinzu kommt noch die Menge an Arbeit, die die Wissenschaftler vor sich haben, denn das menschliche Genom besitzt mit seinen 46 Chromosomen circa 3,2 Milliarden Basenpaare, Elefanten hingegen besitzen 56 Chromosomen, was die Anzahl an Basenpaaren und daher auch die zu untersuchende, beziehungsweise zu verändernde Anzahl an Basenpaaren und den Arbeitsaufwand noch einmal erhöht.

Trotz dieser und weiteren Schwierigkeiten ist diese Methode sehr vielversprechend, denn die Probleme, vor die die Wissenschaftler hierbei gestellt werden, sind alle lösbar, beziehungsweise sie werden lösbar sein, denn die Gentechnik, insbesondere alle Anwendungen vom CRISPR-System entwickeln sich rapide. Teile dieser Entwicklungen sind die Verdienste der Wissenschaftler selbst, die an verschiedenen Rückausrottungen arbeiten, denn ihre eigenen Innovationen sind Teil ihrer Arbeit, mit dem Zweck ihr Ziel der Rückausrottung zu erreichen.

4.3 Wie funktioniert die Rückausrottung durch die selektive Rückzüchtung?

Die selektive Rückzüchtung ist die dritte Methode zur Rückausrottung. Sie ist die älteste der 3 Methoden und erfordert am wenigsten Laborarbeit und wissenschaftliche Innovation, ihr Potenzial ist allerdings auch am stärksten limitiert.

Bei der Rückzüchtung werden verschiedene sorgfältig ausgewählte Rassen einer Spezies, die alle dem gleichen Vorfahren abstammen gekreuzt, um ein Tier zu erschaffen, welches dem gemeinsamen Vorfahren im Geno- und Phänotyp möglichst ähnlich ist. Der Genotyp eines

Lebewesens ist das vollständige Set an Genen, einschließlich der spezifischen Kombination der Allele, die es besitzt. Als Phänotyp werden die beobachtbaren physischen und physiologischen Merkmale, die ein Lebewesen besitzt, definiert. Er wird zu einem großen Teil durch den Genotyp bestimmt, jedoch haben auch Umweltfaktoren einen Einfluss darauf. Unter anderem umfasst er Dinge, wie das Aussehen, die Entwicklung, das Verhalten und metabolische Aktivitäten.

Die Rückzüchtung unterscheidet sich insofern von der herkömmlichen Züchtung, als dass anstatt neuer Merkmale, die sich meistens immer weiter Weg vom wilden Vorfahren des Tieres bewegen anzuzüchten, genau diese Merkmale, die in der Evolution verschwunden sind und den Tieren ab gezüchtet wurden zurückzubringen. Um das zu erreichen, werden die Rassen gewählt, die dem gewünschten Phänotyp am ähnlichsten sind und sie werden dann über so viele Jahre miteinander gekreuzt, bis das Ergebnis zufriedenstellend ist.

Das bekannteste Beispiel ist der Auerochse. Er ist das erste Tier, dessen Aussterbung dokumentiert wurde (1627), und das erste Tier dessen Rückausrottung versucht wurde. Anfang der 1920er, begannen 2 deutsche Zoodirektoren und Brüder, Lutz und Heinz Heck, einen Versuch den Auerochsen zurückzubringen, mit der ersten Version, der Methode, die man heute als Rückzucht bezeichnet. Ihre Überlegung war einfach, aber sinnvoll: Da alle Rinder Abkömmlinge des Auerochsen sind, muss seine DNA auch in ihrem Erbgut vorzufinden sein und eigentlich nur herausgefiltert werden. Jeder der Brüder führte seinen eigenen Versuch unabhängig vom anderen durch und beide nutzten viele verschiedene Rassen, von spanischen Hochlandstieren bis hin zu spanischen Kampfstieren. Am Ende sahen die beiden Resultate zwar unterschiedlich aus, dies schien jedoch für keinen von beiden ein Problem dazustellen. Zu der Zeit, stand Europa unter Hitlers Regime, welcher natürlich begeistert von der Idee war eine starke Ursprungsrassen mithilfe der Wissenschaft wieder zurückzubringen. Dementsprechend gab es zu der Zeit auch viele Heck-Auerochsen. Nach dem 2. Weltkrieg waren jedoch alle von Heinz Hecks Rindern tot und von Lutz' Rindern gab es nur noch wenige Exemplare in Zoos und Naturparks.

Heutzutage gibt es weltweit wieder ungefähr 3000 der sogenannten Heckrinder, denn in den 1950 wurde von Forschern beschlossen, dass das der Phänotyp des Rinds nicht genug Gemeinsamkeiten mit dem des Auerochsen hat. Zu Hecks Zeit war die Wissenschaft noch nicht fortschrittlich genug, um die nötigen Standards zu erreichen.

Das alles war jedoch nicht umsonst, denn die Heckrinder sind bei verschiedenen Rückzuchtungsprogrammen eine der Haupttrassen, die genutzt werden, da sie den Auerochsen doch näherkommen als herkömmliche Rinderrassen, die man sonst nutzen würde. Sie sind sehr robust und kommen gut allein klar.

Dank gut erhaltenen Auerochsen Fossilien und der Möglichkeit deren DNA und die der jetzigen Rinderrassen zu sequenzieren und als Vorbild für Zuchtentscheidungen zu nutzen, sind die heutigen Projekte, trotz der Beschränkungen um einiges vielversprechender als die der Gebrüder Heck. So wurden schon über 300 Gene identifiziert, die bei der Domestizierung der Rinder am meisten abgeschwächt und verändert wurden. Die Ausprägung genau dieser Gene gilt es nun bei verschiedenen Rinderrassen zu identifizieren und die Tiere mit den am wenigsten veränderten Genen zu kreuzen, damit sie nach vielen Generationen zu ihrem nicht domestizierten Zustand zurückkehren können.

Es gibt verschiedene Ansätze, um dies zu erreichen, auch innerhalb der Rückzucht eines Tieres. Für die Rückzuchtung des Auerochsen zum Beispiel gibt es das Taurusprojekt welches vom ABU (Arbeitsgemeinschaft Biologischer Umweltschutz) ins Leben gerufen wurde, das Tauros-Programm der Taurus Foundation in Zusammenarbeit mit Rewilding Europe und European Wildlife und das Projekt Uruz (ein altes Germanisches Wort für den Auerochsen), das von einem ehemaligen Mitarbeiter beim Tauros-Programm gegründet wurde.

Das deutsche Taurusprojekt hat seinen Ursprung in der Arbeit der Heck Brüder, und führt deren Arbeit gewissermaßen fort. Der Ansatz hierbei ist das Heckrind mit vielen verschiedenen Landrassen zu kreuzen, in der Hoffnung, dass eine dieser Kombinationen, das gewünschte Resultat hervorbringt.

Die Herangehensweise des niederländischen Tauros-Programmes hingegen, ist es acht verschiedene Landrassen, das Heckrind ausgeschlossen, untereinander zu kreuzen, um so einen Auerochsen zu erhalten.

MAIN CATTLE BREEDS USED IN THE TAUROS PROGRAMME

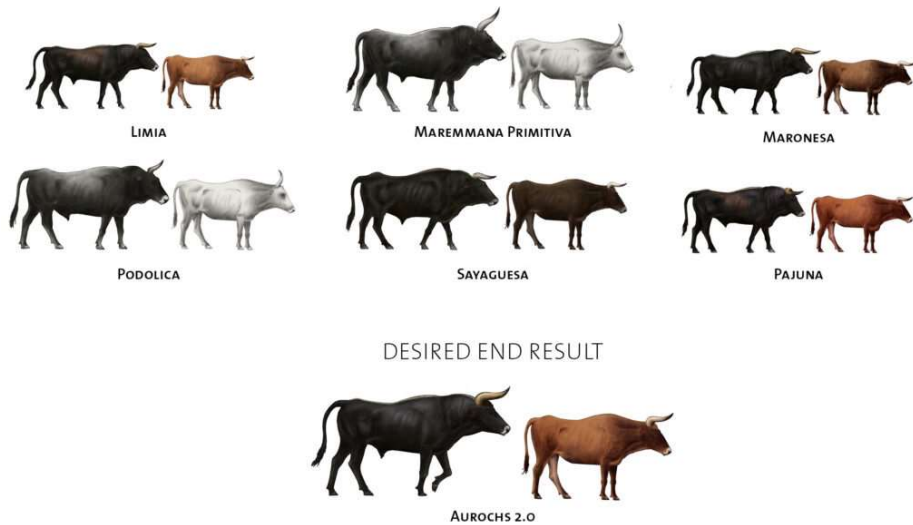


Abbildung 24 Auf diesem Bild kann man die 6 Hauptrassen von 8, die im Tauros-Programm genutzt werden erkennen. Darunter sieht man eine Abbildung davon, wie der neue Auerochse am Ende aussehen soll. (Links jeweils die Männchen und rechts die Weibchen)

Das Ganze wird mittlerweile von modernen genetischen Methoden unterstützt, jedoch werden, wie auch bei den anderen beiden Projekten keine genetischen Modifikationen an den Tieren durchgeführt.

				
	Startup phase	Active breeding phase	Passive breeding phase	Natural breeding and natural selection
Period	2008–2013	2014–2018	2018–2025	After 2025
Nature Reserve	Small	Small	Medium	Large
Animal status	Domestic	Domestic/Feral	Feral	Wild
Breeding strategy	Active natural breeding Artificial insemination Embryo transplantation Mild selection	Active natural breeding Less artificial insemination Less embryo transplantation Selection	Natural breeding Strong selection	Natural selection
Human action	Strongly hands-on	Hands-on/Guidelines	Guidelines	Hands-off

Abbildung 25 Hier kann man eine Grafik erkennen, die auf der offiziellen Internetseite des Taurosprogrammes publiziert wurde. Sie beschreibt die verschiedenen Phasen, die zum Erreichen des Ziels vom Programm geplant sind.



Abbildungen 26 & 27 Durch methodische Rückzüchtung kommen die Rinder des Tauros-Programms, die auf diesen Bildern zu erkennen sind den Auerochsen mit jeder Generation näher. Doch wissenschaftlich gesehen sind sie keine Auerochsen. Deshalb der Name - angelehnt an das griechische Wort für Stier.

Das dritte Projekt, Projekt Uruz, ist das neueste der 3 Projekte und wird von einem Wissenschaftler geleitet der, wie vorhin erwähnt, ehemals selbst am niederländischen Taurosprogramm arbeitete, jedoch nicht mit der Herangehensweise zufrieden war und daraufhin sein eigenes Projekt gründete. Henri Kerkdijk-Otten, der Gründer von Uruz verfolgt eher einen minimalistischen Ansatz und versucht den Auerochsen mithilfe von nur 4 verschiedenen Rassen wieder zurückzubringen. Die Basis bildet dafür die italienische Rinderrasse Chianina, die größte momentan existierende Rinderasse, außerdem werden noch die ebenfalls italienische Rasse Maremma, das afrikanische Watussirind und die spanische Sayaguesa-Rasse genutzt.



Abbildung 28 Das afrikanische Watussirind ist für seine gigantischen Hörner bekannt, die circa 1m lang werden, an der Wurzel einem Umfang von 50cm erreichen und eine Spannweite von ungefähr 2m erreichen können. Sie sind deswegen auch Teil des Uruz Projektes.

Je mehr Rassen in einem Zuchtprogramm gemischt werden, desto größer und ungleichmäßiger ist die genetische Variation. Bei der Kreuzung zu vieler Rassen besteht nämlich das Problem, dass auch wenn ein Tier das richtige Aussehen besitzt, es wahrscheinlich lauter ungewünschte Gene besitzt, die sich nicht bei jedem Tier jeder Generation zeigen

Eine Kuh kann zum Beispiel ein nahezu perfektes Aussehen haben, jedoch viele unerwünschte Gene im Erbgut haben. Das gleiche gilt für die Schwester der Kuh. Angenommen beide Kühe bekämen im selben Jahr ein Kalb und im darauffolgenden jeweils noch eins. Von diesen 4 Kälbern zeigt das Erste ein ungewünschtes Verhalten aus, das Zweite ähnelt dem gewünschten Aussehen nur sehr wenig und die anderen zwei weisen das gewünschte Aussehen und Verhalten auf. Die ersten zwei Kälber können nun jedoch nicht mehr zur Rückzucht genutzt werden, da sie den Kriterien nicht entsprechen. Die übrigen zwei werden zur Zucht genutzt und bekommen jeweils ein Kalb. Von diesen zwei Kälbern bleibt am Ende jedoch nur noch eins übrig, das den gewünschten Kriterien entspricht, da das andere nicht das richtige Aussehen hat. Und auch bei diesem übrigen Kalb ist es schwer zu sagen, ob dessen zukünftiges Kalb den Zuchtkriterien entsprechen wird und je mehr verschiedene Rassen vermischt wurden und je mehr Generationen vergehen, desto schwerer gestaltet es sich, solche Voraussagen zu machen. So werden immer wieder Tiere mit ungewünschten Eigenschaften geboren und die Rasse entwickelt sich uneinheitlich.

Das Heckrind ist dafür das perfekte Beispiel, denn in seinem Erbgut driften so viele verschiedene Gene herum, dass man nie weiß, wie das Kalb aussehen wird.

Diese Probleme gestalten sich deshalb viel einfacher, wenn nur wenige Rassen genutzt werden, in diesem Fall ist sogar der Faktor der Reinrassigkeit vorteilhaft, denn es ist einfacher, ungewünschte Merkmale wegzuzüchten, wenn man genau weiß, womit man arbeitet und einem keine unerwartete oder vergessene Gene Schwierigkeiten bereiten.

Alle Faktoren in Betracht gezogen, kann die Rückzüchtung einer Spezies eine wirksame Methode sein, die Dominanz bestimmter Merkmale einer Spezies zu erhöhen und so verloren gegangene Funktionen eines Tiers in seinem natürlichen Lebensraum wiederherzustellen. Bis jetzt ist es ein sehr langwieriger Prozess, der sich jedoch noch lohnt, da man für andere Methoden zur Rückausrottung noch auf wissenschaftliche Durchbrüche angewiesen ist, die noch nicht passiert sind, und dadurch den Prozess verlängern und verlangsamen. Da diese jedoch mit fast hundertprozentiger Wahrscheinlichkeit eintreten werden und danach diese Methoden schneller und effektiver als je zuvor sein werden, sollte man sich die Frage stellen, ob die Rückzüchtung den Aufwand noch Wert ist. Nicht nur ist man bei dieser Methode auf mehrere sehr engen lebenden Verwandten, bestenfalls Abkömmlinge der ausgestorbenen Spezies, angewiesen, sondern verkleinert sich auch die mögliche genetische Übereinstimmung beim Endresultat, je kleiner der Verwandtschaftsgrad ist. Die Perfekten Beispiele dafür sind das Wollhaarmammut und der Asiatische Elefant, deren Erbgut sich nur zu 0.04% unterscheidet, dennoch reicht dieser kleine Anteil damit sie 2 verschiedene Spezies mit unterschiedlichem Aussehen, Anpassungen und Verhalten sind.

Zusätzlich dazu könnten (unbemerkte) Fehler wie zum Beispiel Verwechslungen schwieriger zu korrigieren sein, als bei anderen Methoden und gleichzeitig einen größeren Impact auf die Projekte haben, da es viele Generationen dauert, um ungewünschte Merkmale aus dem Genotyp herauszuzüchten. Und auch, wenn alles fehlerfrei verläuft, hat man am Ende mehrere hundert bis tausende „nutzlose“ Tiere, die man schlachten muss oder ansonsten für deren Pflege man entweder teuer bezahlen muss und viel Aufwand nötig ist, oder man sich die Mühe machen muss sie zu vermitteln. Und am Ende kommt das Resultat dem gewünschten Tier nie zu 100% so nahe, wie er durch Genom-Editierung möglich wäre. Zu diesem Entschluss ist auch die UNDP (United Nations Development Programme) Belarus gekommen, auch sie wollen für

ihr Projekt Wetlands den Auerochsen rückausrotten, allerdings mithilfe von Genom-Editierung.

Meiner Meinung nach ist die Rückzüchtung deshalb zur Rückausrottung die am wenigsten effektive und vielversprechende Methode und für diesen Zweck sollte man die Ressourcen lieber in den Fortschritt der Genom-Editierung oder des somatischen Zellkerntransfers stecken. Jedoch kann diese Methode sehr hilfreich sein, eine kritisch bedrohte Spezies vor dem Aussterben zu retten. So hat man zum Beispiel den französischen Poitou-Esel vor dem Aussterben bewahren können, indem er mit anderen Spezies gekreuzt wurde. Und mit den Methoden der Rückzüchtung hat man von 44 Tieren (Stand 1977) bis 2011 den Stand reinrassiger Tiere wieder auf knapp 400 Exemplare gebracht. Die Methode hat also Potenzial, es muss nur auf die richtige Art und Weise genutzt werden.

5 Welche Auswirkungen können Rückausrottungen auf unsere Welt haben?

Ich möchte mich in diesem Kapitel der Zeit nachdem eine Rückausrottung durchgeführt wurde widmen. Zuvor habe ich viel über die Vorbereitungen und den Prozess selbst geschrieben und auch über die Ziele, die sich die Forscher gesetzt haben. Ich habe dabei die Zeit zwischen der ersten Rückausrottung und dem Erreichen der Ziele ausgelassen. Dabei bin ich der Meinung, dass diese eine erhebliche Rolle dabei spielt, ob die Projekte erfolgreich verlaufen und die Ziele erfüllt werden. Was ich bis jetzt jedoch noch nicht erwähnt habe, sind die negativen Aspekte, beziehungsweise auf welche Arten Rückausrottungen fehlschlagen könnten, weshalb ich dieses Kapitel damit beginnen werde.

Ich bezweifle nicht, dass bei der Geschwindigkeit, mit der die Gentechnik momentan Fortschritte macht in wenigen Jahren bis Jahrzehnten, das erste ausgestorbene Tier zurückgebracht wird und deshalb lasse ich Probleme beim Austragen von (modifizierten) Klonen oder Probleme durch den Mangel finanzieller Mittel bei allen Arten von Projekten (bei manchen Projekten hat unzureichende Finanzierung schon Probleme geschaffen) außen vor. Allerdings sind die Rückausrottung eines Tieres und die einer Spezies zwei verschiedene Dinge, vor allem, wenn die Tiere per Genom-Editierung zurückgebracht werden und keine Lebenden Zellen mehr existieren. Wissenschaftler müssen dann so viele Tiere erschaffen, dass die Spezies nicht schon genetisch verarmt ist, bevor sie überhaupt eine Chance hat sich zu entwickeln. Es besteht also die Chance, dass Projekte an diesem Punkt scheitern.

Eine andere Möglichkeit wäre auch, dass die neuen Tiere sich nicht so wie ihre Vorfahren verhalten. Ein Großteil des Verhaltens der Tiere schauen sich die Jungtiere nämlich von ihren Eltern oder anderen Artgenossen ab und Verhaltensmuster werden von Generation zu Generation weitergegeben. Wir Menschen können natürlich versuchen so gut wie möglich mithilfe der Leihmütter der Tiere oder selbst, mithilfe von Tierpflegern ihnen das gewünschte Verhalten anzutrainieren, doch was bringt einem ein Mammut, das nicht weiß, wie man sich im Schnee verhält, oder das so sehr an Menschen gewöhnt ist, dass es einem Wilderer in die Arme laufen würde? Natürlich sind das Probleme, die sich mit der Zeit von selbst lösen würden, doch es gilt sie so früh wie möglich so gut wie möglich vorzubeugen, damit die Tiere

ihre Rollen später von Natur aus so gut wie möglich erfüllen können und die Möglichkeit einer guten Lebensqualität haben.

Angenommen die ersten beiden Probleme wurden gelöst und es existiert ein stabiler Bestand einer Spezies, könnte es sein, dass die neue Spezies sich anders als geplant ausbreitet und andere Spezies aus ihrem Lebensraum verdrängt oder auslöscht und eine sogenannte invasive Spezies wird. Dieses Risiko ist nicht bei allen Arten von Lebewesen gleich groß und gleich kontrollierbar, bei Säugetieren ist es zum Beispiel kleiner als bei Pflanzen oder Amphibien. Im Allgemeinen kann man dies jedoch sehr schlecht voraussagen.

Ein weiteres Risiko sind genetische Krankheiten, die unbewusst im Erbgut der neuen Tiere per Genom-Editierung integriert wurden, aber auch genetische Fehler, die beim Prozess entstanden sind und erst bei den lebenden Tieren bemerkt werden. Es könnte auch sein, dass die Immunsysteme der Tiere nicht gegen heutige Krankheiten resistent wären und sie dadurch viel anfälliger für Krankheiten wären und auch einen schwereren Verlauf erleiden würden, welcher schon bei normalerweise ungefährlichen Krankheiten zum Tod führen könnte. Diese Probleme könnten ernsthafte Gefahren für die Bestände der Tiere darstellen und gleichzeitig auch für andere Tiere, da bei verschiedenen Krankheiten, wenn es viele Infektionen gibt Variationen entstehen können, gegen die andere Tiere ebenfalls keine Resistenz besitzen.

Abgesehen von diesen Möglichkeiten gibt es noch eine Vielzahl anderer, spezifischerer Probleme, die auftreten könnten und viele Dinge, die sich nicht vorhersagen lassen. Die, die ich jetzt aufgezählt habe, sollten einen groben Überblick über möglich negative Auswirkungen von Rückausrottungen verschaffen.

Doch trotz dieser negativen Möglichkeiten könnten Rückausrottungen auch viel Gutes bewirken, sogar falls ein Projekt fehlschlägt. Als Fehlschlag ist gemeint, dass die Spezies ein zweites Mal ausstirbt oder doch nicht zurückgebracht werden kann, ohne dass sie an irgendeinem Zeitpunkt andere Arten negativ beeinflusst. Die Art des Pyrenäensteinbocks ist dafür ein gutes Beispiel, sie war das erste Tier, das zurückgebracht wurde, doch der einzige lebende Klon starb schon 10 Minuten nach seiner Geburt aufgrund einer Fehlbildung der Lunge. So ist es das einzige Tier, das 2 Mal ausgestorben ist, doch gleichzeitig auch eine gute Gelegenheit aus Fehlern zu lernen gewesen und heutzutage gibt es schon mehrere Tiere, die erfolgreich aus den Zellen eines toten Artgenossen zurückgeklont wurden.

Und die Gelegenheit, aus solchen Experimenten zu lernen, ist sowohl bei erfolgreichen als auch bei vermeintlich gescheiterten Projekten einer der Hauptgründe, weshalb sich die Rückausrottung lohnt. Vor allem, wenn sie mithilfe der Genom-Editierung durchgeführt wird, werden die dabei gemachten Entdeckungen einen Dominoeffekt auslösen, der den Fortschritt der Genetik, insbesondere der Cas9-Methode um ein Vielfaches verschnellern wird, zum Beispiel mit verschiedenen Anwendungsformen und Anpassbarkeit an verschiedene Lebensformen.

Der zweite Bereich auf den Rückausrottungen einen bedeutenden Einfluss, haben könnten ist der Umweltschutz, beziehungsweise der Artenschutz und die Renaturierung. Die Spezies, die zurückgebracht werden, werden sorgfältig ausgewählt, um ihren respektiven Lebensraum so viel wie möglich positiv zu beeinflussen. Dies betrifft alle Bereiche und sollte die jeweiligen Biotop stärken was bestenfalls darin resultieren sollte anderen bedrohten Arten zu helfen (zum Beispiel indem sie schädliche Insekten fressen und somit eine bedrohte Pflanzenart sich erholen kann und anderen Arten wieder als Nahrung oder Unterkunft dienen kann) und ganze Ökosysteme zu stabilisieren.

Dadurch sollte auch das Argument, dass die Rückausrottung Ressourcen verschwendet, die lieber in den Schutz noch vorhandener Arten gesteckt werden sollten widerlegt werden, denn die Rückausrottung kann beim Artenschutz eine große Hilfe sein und ist im Idealfall nicht nur das investierte Geld und die Zeit wert, sondern auch noch profitabel, weil sie den Artenschutz erleichtert. Außerdem soll sie keineswegs bisherige Methoden zum Artenschutz ersetzen, sondern einfach ein zusätzliches Mittel Bestände und Lebensräume zu schützen sein.

Ein anderer indirekter Weg, wie sie dies erreichen kann ist, indem sie Aufmerksamkeit erregt und das Interesse der Leute am Artenschutz steigert.

Das Interesse und die Mentalität der Leute bei der Rückausrottung sind im Allgemeinen etwas sehr Wichtiges, worauf sie viel Einfluss hat. In meinem zweiten Kapitel hatte ich bereits erwähnt, dass verschiedene Wissenschaftler die Rückausrottung als Verantwortung sehen Fehler, die die Menschen begangen haben wiedergutzumachen, dieser Gedanke klingt auf den ersten Blick gut und ist auch nachvollziehbar, doch im Umkehrschluss könnte man darauf kommen, dass man sich nicht mehr um den Erhalt bestehender Arten kümmern müsste, weil man sie ja ohnehin wieder zurückbringen kann. Dies könnte die Unterstützung der Leute, die zum Artenschutz benötigt wird, reduzieren und schwerwiegende Konsequenzen haben.

Deshalb ist es die Verantwortung der Betreiber, der Rückausrottung und der Presse, den Menschen ein realistisches Bild vom Aufwand, den Rückausrottungen erfordern zu vermitteln und ihnen die richtigen Botschaften mit auf den Weg zu geben, um zu vermeiden, dass sie durch eine positive Aussicht, alle negativen Umstände verdrängen und durch Ignoranz möglichen Schaden anrichten

Es lässt sich also sagen, dass Rückausrottungen unsere Welt sicherlich verändern werden, ob diese Veränderungen nun vorwiegend positiv oder negativ sein werden, hat einerseits mit Glück und andererseits mit den Menschen, die die wichtigen Entscheidungen treffen zu tun. Klar ist jedoch, dass man so wenig wie möglich dem Zufall überlassen soll und im sich im Voraus mit allen Möglichkeiten befassen sollte, denn ein solcher Eingriff in die Natur ist bis jetzt zumindest teilweise neu und unvorhersehbar.

Schlussfolgerung

In diesem Travail Personnel habe ich versucht die wesentlichen Punkte eines großen Themas so gut wie möglich anhand meiner Beispiele zu erklären, trotz ständiger neuer Entdeckungen und Durchbrüche auf dem Gebiet, welche die Voraussetzungen und Möglichkeiten ständig verändern. Ich habe beim Schreiben dieser Arbeit sehr viel gelernt und bin dabei auch zu einigen Schlüssen, sowohl was Rückausrottungen als auch die genutzten Methoden angeht gekommen.

Alle der 3 Methoden, die man zur Rückausrottung nutzen kann, sind sehr vielversprechend in den richtigen Händen.

Angefangen mit der Rückzüchtung, die meiner Meinung nach am wenigsten Potenzial hat. Sie lässt sich nur Anwenden, wenn das Ausgestorbene Tier ein direkter Vorfahre unterschiedlicher Unterarten einer Spezies ist, was die Auswahl schon stark limitiert. Außerdem, je weiter die Arten genetisch von ihren Vorfahren entfernt sind, desto kleiner wird die mögliche genetische Übereinstimmung des Vorfahren seines Ersatzes am Ende des Prozesses. Der Prozess selbst ist außerdem sehr langwierig, was zugleich ein Nachteil ist, da je früher die Spezies existiert, desto schneller kann sie mehr verändern. Andererseits können die Vorläufer der Spezies während des Prozesses schon etwas verändern, sofern sie schon im zu verändernden Lebensraum leben. Auch wenn diese Veränderungen kleiner sind als die, die das gewünschte Tier am Ende verursacht, sind sie wichtig, da sie erstens ein Indikator dafür sind, dass das Projekt sich in die richtige Richtung bewegt und zweitens, da bei den anderen Methoden keine Veränderungen der Natur möglich sind, bevor der Prozess beendet ist. Dennoch glaube ich, dass wenn die Genom-Editierung, bis eine standardisierte Prozedur ist, die Rückzüchtung überflüssig werden wird, da dann auch ihr wichtigster Vorteil dieser gegenüber, die Kosteneffektivität von den Vorteilen der Genom-Editierung überschattet werden wird.

Die zweite Methode, das Klonen per somatischem Zellkerntransfer ist meiner Meinung nach eine vielversprechende Option, ihre Anwendungsmöglichkeiten liegen weit über denen der Rückzüchtung, jedoch auch weit unter denen der Genom-Editierung. Auch wenn noch nicht ihr ganzes Potential erforscht ist, glaube ich, dass sie uns in der Zukunft vor allem beim Zurückbringen kürzlich ausgestorbener, eher als lange verschwundener Spezies wie zum Beispiel dem Mammut sehr nützlich sein wird. Deswegen und wegen ihrer

Anwendungsmöglichkeiten zur Steigerung der Bestände und genetischen Vielfalt verschiedener Spezies, wird sie eine große Hilfe beim Artenschutz und ein wichtiges Werkzeug beim Kampf gegen das Artensterben sein. Man sollte sich jedoch nicht zu viel auf diese Möglichkeit verlassen, da sie unter anderem aufgrund des hohen Aufwands, eher als letzte Maßnahme angesehen werden soll.

Meiner Meinung nach hat die Genom-Editierung am meisten Potenzial, da man sie sowohl auf kürzlich ausgestorbene Tiere als auch auf vor tausenden Jahren ausgestorbene Tiere anwenden kann und sie gleichzeitig an ihren Lebensraum und die heutige Welt entsprechend anpassen kann. Auch außerhalb der Rückausrottung hat die Genom-Editierung fast unbegrenzte Anwendungsmöglichkeiten,

Etwas Weiteres, das ich festgestellt habe, ist, dass die Debatte, ob Rückausrottungen (vor allem durch Genom-Editierung) ethisch vertretbar sind, eigentlich nur Scheindebatten sind. Denn egal was dabei herauskommt, Rückausrottungen werden so oder so durchgeführt werden. Damit möchte ich nicht sagen, dass die Debatten sinnlos sind oder gestoppt werden sollen, sie sind sogar sehr wichtig, denn sie liefern den Menschen Erkenntnisse und Argumente, damit sie informiert sind und sich eine Meinung zum Thema bilden können, allerdings sollte nicht mehr der ganze Fokus auf das Führen dieser Diskussionen gerichtet werden, sondern darauf, wie die Länder in denen diese Technik genutzt wird mit den Informationen und Einstellungen zum Thema, die teilweise aus den Debatten gewonnen werden, konkrete Regeln und Gesetze auszuarbeiten anstatt den Projektleitern die komplette Verantwortung und Kontrolle über solch einflussreiche Prozeduren zu überlassen. Der Fokus sollte dabei auf möglicher Schadensbegrenzung und gleichzeitig der Möglichkeit Vorteile zu maximieren liegen, denn trotz aller guten Absichten herrscht unter verschiedenen Rückausrottern (und anderen Nutzern der Genom Editierung) Konkurrenz und wenn die ethische Nutzung der Genom-Editierung den Fortschritt der Methode und die Profitabilität einschränkt, wird sie stattdessen an anderen Orten genutzt, wo es keine, beziehungsweise weniger Einschränkungen gibt, wodurch große Schäden angerichtet werden können.

Zu diesem Zeitpunkt, wo das Ganze noch in Kinderschuhen steckt und man, was verschiedene Aspekte anbelangt nur schlecht Vorhersagen machen kann sind diese Regeln noch nicht so dringend, weil man zuerst genug Daten und Erfahrungen sammeln muss, um diese sinnvoll zu

gestalten, dennoch ist es wichtig, dass darüber geredet wird und zukünftige Regulierungen nicht nur im Hinterkopf zu behalten, sondern als eines der Ziele anzusehen.

Abschließend möchte ich noch sagen, dass ich am Schreiben dieser Arbeit mehr Spaß hatte als ich erwartet hatte, da ich viel Neues, darunter ganze Konzepte dazugelernt habe und ich hoffe, dass ich verständliche Erklärungen zu diesen liefern konnte und mehr Leute für dieses Thema interessieren konnte.

Quellenverzeichnis

1 Was ist die Rückausrottung und was wird damit bezweckt?

Kornfeldt, T (2018) Wie klone ich ein Mammut? Die Rückkehr der Eiszeitgiganten. wbg

2 Welche Tiere qualifizieren sich für eine Rückausrottung und weshalb?

[Professor Philip Seddon, Our People, Department of Zoology | University of Otago](#)

[Schlüsselart – biologie-seite.de](#)

2.2 Der Auerochse

[Rewilding Europe](#)

[fliegende samen namen - Suchen \(bing.com\)](#)

Kornfeldt, T (2018) Wie klone ich ein Mammut? Die Rückkehr der Eiszeitgiganten. wbg

2.3 Das Wollhaarmammut

Wie klone ich ein Mammut?

[A Mammoth Undertaking | The Current \(ucsb.edu\)](#)

[Projekt und Prozess zur Beseitigung des Aussterbens von Wollmammut | Kolossal \(colossal.com\)](#)

[Rewilding Europe](#)

3 Wie funktioniert das Klonen von Säugetieren?

[Klonen • therapeutisches und reproduktives Klonen · \[mit Video\] \(studyflix.de\)](#)

[Homologie und Analogie • einfach erklärt, Homologiekriterien · \[mit Video\] \(studyflix.de\)](#)

[Klonen: Definition, Varianten & Verfahren | StudySmarter](#)

[DNA Aufbau - Chromosomen, Nukleotid, DNA Doppelhelix · \[mit Video\] \(studyflix.de\)](#)

[Klonen | Open Science](#)

[Genetik: Eineiige Zwillinge sind genetisch keine Klone · Dlf Nova \(deutschlandfunknova.de\)](#)

[Tierzelle • Tierische Zelle, Aufbau, Beispiele · \[mit Video\] \(studyflix.de\)](#)

[Lernpfad zur DNA und Zellkernteilung | Medienbildung \(uni-bremen.de\)](#)

[Rep-2016-009.pdf \(iucn.org\)](#)

[Zelldifferenzierung • einfach erklärt, Zelltypen · \[mit Video\] \(studyflix.de\)](#)

4 Wie funktioniert die Rückausrottung?

4.1 Wie funktioniert das Rückausrotten durch Klonen?

[Klone: Wie Forscher ausgerottete Tiere wiederbeleben wollen \(nzz.ch\)](#)

[Gendrift • Flaschenhalseffekt & Gründereffekt · \[mit Video\] \(studyflix.de\)](#)

[Allel • Definition, Allel und Gen Unterschiede · \[mit Video\] \(studyflix.de\)](#)

[Klonen für den Artenschutz: Mehr Vielfalt für den Schwarzfußiltis | National Geographic](#)

[Homologie und Analogie: Definition & Beispiel | StudySmarter](#)

[Kann Klonen zum Artenschutz beitragen? - quarks.de](#)

Kornfeldt, T (2018) Wie klone ich ein Mammut? Die Rückkehr der Eiszeitgiganten. wbg

[Researchers revive 28,000-year-old woolly mammoth DNA \(youtube.com\)](#)

4.2 Wie funktioniert das Rückausrotten durch Genom-Editierung ?

[CRISPR • Struktur, Prinzip und CRISPR/Cas · \[mit Video\] \(studyflix.de\)](#)

[mRNA • Aufbau, Funktion und Degradation · \[mit Video\] \(studyflix.de\)](#)

[Genom • einfach erklärt, menschliches Genom · \[mit Video\] \(studyflix.de\)](#)

[RNA • Aufbau, Arten und Funktionsweise · \[mit Video\] \(studyflix.de\)](#)

[CRISPR-System - DocCheck Flexikon](#)

[CRISPR - Gentechnik wird alles für immer verändern \(youtube.com\)](#)

[But what is CRISPR-Cas9? An animated introduction to Gene Editing. #some2 \(youtube.com\)](#)

[Decoded: What is CRISPR and how does it work? \(youtube.com\)](#)

[Reviving Extinct Species: The Possibilities of CRISPR Technology \(youtube.com\)](#)

[Restriktionsenzyme • Funktion und Gentechnik · \[mit Video\] \(studyflix.de\)](#)

[Rep-2016-009.pdf \(iucn.org\)](#)

[Addgene: CRISPR History and Development for Genome Engineering](#)

4.3 Wie funktioniert das Rückausrotten durch selektive Rückzüchtung?

[Rep-2016-009.pdf \(iucn.org\)](#)

[Phänotyp • Definition, Phänotyp und Genotyp · \[mit Video\] \(studyflix.de\)](#)

[Genotyp • Phänotyp und Mendelsche Regeln · \[mit Video\] \(studyflix.de\)](#)

[Genotyp: Definition, Beispiele & Stammbaum | StudySmarter](#)

[Phänotyp: Definition, Genotyp und Beispiele | StudySmarter](#)

[Tauros | Rewilding Europe](#)

[Wege zum Aussterben: Wie nahe können wir der Wiederauferstehung einer ausgestorbenen Spezies kommen? - Shapiro - 2017 - Funktionelle Ökologie - Wiley Online Library](#)

[Universum: König der Wildnis - Das Tauros Projekt - ORF 2 - tv.ORF.at](#)

[Aurochs: back from extinction to rewild Europe \(mossy.earth\)](#)

[Taurus-Rinder Zucht \(abu-naturschutz.de\)](#)

[Baudet du Poitou – Wikipedia](#)

[Universum: König der Wildnis - Das Tauros Projekt - ORF 2 - tv.ORF.at](#)

[Watussi-Rind: Afrikanisches Hausrind mit mächtigen Hörnern \(das-tierlexikon.de\)](#)

5 Welche Auswirkungen können Rückausrottungen auf unsere Welt haben?

[Gentechnik: Der ausgestorbene Dodo soll zum Leben erweckt werden - WELT](#)

[Aurochs: back from extinction to rewild Europe \(mossy.earth\)](#)