

**Der Nachweis vorgeschichtlicher  
Völkerwanderungen mit Hilfe des  
Magenbakteriums Helicobacter pylori**

Ann-Katrin Reinhardt  
Schroffenstraße 49  
78628 Rottweil-Göllsdorf

Albertus-Magnus-Gymnasium  
Bismarckstraße 2  
78628 Rottweil

Seminarkurs:  
Mikrobiologie und Projektmanagement  
Klasse 12  
Lehrer:  
Herr Ploh

# Inhaltsverzeichnis

1. Was ist Helicobacter pylori?.....	Seite 1
1.1. Kennzeichen von Helicobacter pylori.....	Seite 1-2
1.2. Wie wird Helicobacter pylori nachgewiesen?.....	Seite 2
1.3. Helicobacter pylori als Krankheitserreger.....	Seite 2
1.3.1. Welche Krankheiten löst Helicobacter pylori aus?.....	Seite 2-3
1.3.2. Wie wird eine Erkrankung mit Helicobacter pylori behandelt?.....	Seite 3-4
2. Der Nachweis, dass vorgeschichtliche Völkerwanderungen mit Hilfe von Helicobacter pylori nachgewiesen werden können.....	Seite 5
2.1. Genauere Informationen zum Max-Planck-Institut.....	Seite 5-6
2.2. Die populationsgenetische Analyse.....	Seite 7
2.2.1. Die Sequenzdiversität.....	Seite 7
2.2.2. Die Nukleotid-Sequenz.....	Seite 7-8
2.2.2.1. Was ist Adenin?.....	Seite 8
Die Transkription.....	Seite 8-9
2.2.2.2. Was ist Thymin?.....	Seite 9
2.2.2.3. Was ist Guanin?.....	Seite 10
2.2.2.4. Was ist Cytosin?.....	Seite 10
2.2.2.5. Die Polymerase-Kettenreaktion.....	Seite 11-12
2.3. Wie vermischen sich die einzelnen Helicobacter pylori Stämme untereinander?.....	Seite 13
2.3.1. Was versteht man unter einem Genom?.....	Seite 13
2.3.2. Was ist ein Mosaikgenom?.....	Seite 14
2.4. Der Nachweis vorgeschichtliche Völkerwanderungen anhand des Magenbakteriums Helicobacter pylori.....	Seite 15
2.4.1. Welchen Weg nahm Helicobacter pylori auf seinen „Wanderungen“?...	Seite 15
2.4.2. Der ostasiatische Stamm.....	Seite 15
2.4.2.1. Die Erstbesiedelung Amerikas über die Berlingsstraße.....	Seite 16
2.4.2.2. Die „polynesische Ausbreitung“.....	Seite 16-17
2.4.3. Der zentralafrikanische Stamm.....	Seite 17-18
2.4.3.1. Die „Bantu-Expansion“.....	Seite 18-19
2.4.3.2. Der Sklavenhandel zwischen 1520 und 1850.....	Seite 19-20
2.4.4. Der nahöstliche Stamm.....	Seite 20
2.4.4.1. Die „Ankunft der Landwirtschaft“ in Europa.....	Seite 21
2.4.5. Der zentralasiatische Stamm.....	Seite 21
2.4.5.1. Die „Ankunft der finno-ugrischen Stämme“ in Europa.....	Seite 21-22
2.4.5.2. Die „koloniale Expansion“ ab 1500.....	Seite 22-23
3. Quellenangaben	
3.1. Internetseiten.....	Seite 24-25
3.2. Literatrangaben.....	Seite 26
3.3. Abbildungsverzeichnis.....	Seite 26-27

# 1. Was ist Helicobacter pylori (=H.pylori)?



*Abb. 1.1.: Das Bild zeigt ein H.pylori Bakterium*

## 1.1. Kennzeichen von H.pylori

H.pylori, synonym mit Campylobacter pylori bezeichnet, ist ein gramnegatives, mikroaerophiles Bakterium, das zwischen der Magenschleimhaut und der Magenwand seines menschlichen Wirtes lebt. Es ist nur knapp drei tausendstel Millimeter groß und besitzt eine spiralige, leicht gekrümmte Form, an deren Ende sich mehrere Geißeln befinden, mit denen es sich sehr schnell fortbewegen kann.

Da sich das Bakterium vor der, für ihn äußerst gefährlichen, Magensäure schützen muss, verkriecht es sich zwischen der Magenschleimhaut und der Magenwand, wo es vor dem „Verdauungstod“ sicher ist. Es kann sich jedoch auch bis zu einem gewissen Grad selbst schützen, indem es das Enzym Urease bildet, durch welches sich um das Bakterium herum eine Ammoniak-Blase entwickelt, welche die Eigenschaft hat, die Magensäure zu neutralisieren.

Die Infektionsrate mit H.pylori ist sehr hoch. Es ist die zweithäufigste Infektionskrankheit nach Karies. Nach offiziellen Angaben der Umwelt-Medizinischen-Informationen-Dienstes sind ungefähr 35% der deutschen Bevölkerung damit infiziert.

Die Übertragungsart von H.pylori ist noch nicht ganz geklärt, es gibt jedoch zwei Theorien: Die erste ist, dass H.pylori schon im frühesten Kindesalter durch orale Infektion von der Mutter, wenn diese Keimträgerin ist, auf das Kind weitergegeben wird. Spätere Infektionen sind jedoch seltener, was bedeutet, dass Menschen im Umfeld eines Keimträgers nicht unbedingt gefährdet sein müssen.

Die zweite Theorie, wie H.pylori weitergegeben wird, stammt aus den Entwicklungsländern. Denn mit sinkenden Hygienestandards steigen auch die nachgewiesenen H.pylori Infektionen. Hier gewinnt die fäkal-orale Infektionstheorie an Bedeutung.

## **1.2. Wie wird H.pylori nachgewiesen?**

Es gibt drei Möglichkeiten H.pylori nachzuweisen.

Die erste wäre eine Gewebeprobeentnahme mit Hilfe einer Gastroskopie und anschließender Mikroskopierung.

Die zweite Möglichkeit ist der Nachweis mit Hilfe eines Atemtestes. Hierbei trinkt der Patient 75ml einer  $^{13}\text{C}$  isotope markierten Harnlösung oder er schluckt eine kleine  $^{13}\text{C}$  isotope markierte Harnstoffkapsel. Ist das Bakterium vorhanden, wird der Harnstoff durch die Urease gespalten und  $^{13}\text{C}$  oder  $^{14}\text{C}$  isotope markierte Kohlenstoffdioxidisotope ausgeatmet, welche dann nachgewiesen werden können.

Die dritte Möglichkeit H.pylori nachzuweisen ist ein Nachweis mittels des Stuhls.

## **1.3. H.pylori als Krankheitserreger**

### **1.3.1. Welche Krankheiten löst H.pylori aus?**

In den letzten Jahren stützen immer mehr Forschungsergebnisse die These, dass H. pylori an der Entstehung von Magenschleimhautschäden, beziehungsweise an Schleimhautschäden im oberen Magendarm Bereich verantwortlich ist.

Ihm werden in der Zwischenzeit etwa 95% aller Zwölffingerdarm-, sowie 70-80% aller Magengeschwüre zugeschrieben, denn das H.pylori Bakterium kann zusätzlich zum Ammoniak auch noch einen Stoff produzieren, der in den Stoffwechsel der Magenschleimhaut eingreift und so indirekt dafür sorgt, dass zu viel Magensäure produziert wird, was dazu führt, dass sich der Magen mit einer eigenen Magensäure selbst angreift. Das wiederum führt zu einer chronischen Entzündung. In Folge dessen greifen Giftstoffe, welche direkt vom Bakterium produziert werden, die Magenschleimhaut an.

Außerdem steht *H.pylori* in starkem Verdacht auch bösartigere Krankheiten, wie Magenkrebs, zu begünstigen oder gar auszulösen.

Doch nicht jeder, der das *H.pylori* Bakterium in sich trägt, bekommt automatisch Geschwüre oder ähnliches, das Risiko dafür ist jedoch um etwa das fünffache erhöht.



Abb. 1.3.: Das Bild zeigt ein Darmkrebsgeschwür

Folgende Beschwerden deuten auf eine Infektion mit *H.pylori* hin:

- Schmerzen oder Druck im oberen Bereich des Bauches
- Ständiges Völlegefühl, verbunden mit Appetitlosigkeit, Übelkeit und Erbrechen
- Nüchternschmerz: Die Beschwerden lassen während und kurz nach der Mahlzeit kurz nach
- Nächtliche Schmerzen, die so stark sind, dass zum Erwachen führen können
- Blutarmut
- Schwarzer Stuhl

### **1.3.2. Wie wird eine Erkrankung mit *H. pylori* behandelt?**

Eine Erkrankung mit *H.pylori* wird mit einer Kombination aus einem Protonenpumpenhemmer und zwei Antibiotika behandelt, weil eine Therapie, die nur aus Antibiotika besteht keinen ausreichenden Erfolg zeigt.

Es gibt viele verschiedene Therapieformen. Die drei gebräuchlichsten sind die „*French Triple*“, die „*Italian Triple*“ und die alternative „*Quadruple*“ Therapie.

Die „*French triple*“ Therapie erzielt die höchste Wirkung. Es ist mit einer 95%-igen Erfolgchance zu rechnen. Bei dieser Therapieform werden bei den Antibiotika Amoxicillin zusammen mit Clarithromycin und als Protonenpumpenhemmer Pantoprazol verwendet. Diese werden sieben Tage lang morgens und abends in Form von drei Kapseln eingenommen. Die „*French Triple*“ Therapie ist zwar diejenige, die am erfolgversprechendsten ist, jedoch ist sie auch eine der teuersten. Die Medikamente kosten knapp 100 Euro.

Bei der „*Italian Triple*“ Therapie werden bei den Antibiotika Metronidazol und Clarithromycin, beim Protonenpumpenhemmer ebenfalls Pantoprazol eingesetzt. Diese Therapieform bietet sich vor allem bei Penicillinallergien an, da in diesem Fall kein Amoxicillin verabreicht werden darf. Darüber hinaus ist sie kostengünstiger, die Erfolgsrate ist jedoch geringer.

Die alternative Therapie zur Bekämpfung von H.pylori Infektionen ist die „*Quadruple*“ Therapie. Hierbei wird der Protonenpumpenhemmer Pantoprazol mit den Antibiotika Tetracyclin und Metronidazol sowie Wismut kombiniert. Der Protonenpumpenhemmer wird hier über die Tage eins bis zehn, die Antibiotika und der Wismut über die Tage vier bis zehn eingenommen. Diese Therapieform dauert nicht sieben, sondern zehn Tage lang und verspricht ebenfalls eine Erfolgchance von 95%. Jedoch kommt es wegen dem höheren Wismutgehalt zu stärkeren Nebenwirkungen.

Die Chance, sich nach einer solchen Behandlung wieder mit dem Bakterium zu infizieren liegt bei etwa 1%.



Abb. 1.3.2.: Das Bild zeigt die Instrumente für eine der H.pylori Behandlungen

## **2. Der Nachweis, dass vorgeschichtliche**

### **Völkerwanderungen mit Hilfe von H.pylori nachgewiesen werden können**

Die Geschichte von einzelnen Säugetieren kann mit Hilfe von fossilen Funden nachgewiesen werden. Bei Bakterien ist dies leider nicht möglich. Ihre Entwicklungsstufen müssen durch genetische Untersuchungen an heute existierenden Bakterienpopulationen durchgeführt werden.

Forscher vom Max-Planck-Institut für Infektionsbiologie in Berlin untersuchten 370 heute existierende H.pylori Stämme aus 27 Menschengruppen verschiedenster Herkunft und ethnischer Zugehörigkeit.

Sie benannten die Stämme, je nach ihrem Herkunftsort, hpAfrica1, hpAfrica2, hpEastAsia und hpEurope.

Die Forscher untersuchten die Nukleotid-Sequenz der repräsentativen Gene dieser 370 H.pylori Stämme. Auf diese Weise erhielten sie 370 H.pylori Haplotypen mit 1.418 polymorphen Nukleotiden. Die populationsgenetische Analyse der Sequenzdiversität zeigte, dass sich die untersuchten Bakterien sieben heute existierenden Populationen und Subpopulationen zuordnen lassen.

Durch den Vergleich zwischen diesen heute existierenden Populationen und den ursprünglichen H.pylori Stämmen lässt sich rekonstruieren, wie sich das Bakterium über die ganze Welt verbreitete. Vergleicht man diesen „Verbreitungsweg“ des Bakteriums, mit den Wegen, welche die Urvölker nahmen, als sie die einzelnen Kontinente bevölkerten, so stellt man fest, dass sie identisch sind.

#### **2.1. Genauere Informationen zum Max-Planck Institut Berlin**

Im Jahr 1993 wurde das Max-Planck-Institut für Infektionsbiologie in Berlin gegründet. Anfangs wurde nur in provisorischen Laborräumen geforscht, bis im Jahr 2000 endlich der Institutsneubau bezogen werden konnte, in dem es nun endlich die so lange erhoffte neuste Forschungstechnik gibt.

Der Neubau befindet sich in Berlin-Mitte, unweit des Regierungsviertels, auf dem Campus der Charité, auf welchem schon vor hundert Jahren Wissenschaftler wie Robert Koch und Emil Behring ihre Forschungen betrieben. Ausschlaggebend für die Standortwahl war aber nicht, dass es sich dort um geschichtsträchtigen Boden handelt, sondern das Streben des Max-Planck-Instituts nach einer engen Zusammenarbeit mit Universitäten und Kliniken, um klinisch relevante Projekte auf dem Gebiet der Infektionsbiologie zusammen zu bearbeiten. Im selben Gebäude ist auch das Deutsche Rheuma Forschungszentrum untergebracht. Mit ihm pflegt das Max-Planck-Institut eine enge Zusammenarbeit, die über die gemeinsame Nutzung des Gebäudes und der dortigen infrastrukturellen Möglichkeiten hinausgeht.

Die wissenschaftlichen Ziele und Prioritäten sind nach einer Stellungnahme des Instituts: *„Infektionskrankheiten sind auch weiterhin Haupttodesursache weltweit. Fast ein Drittel aller durch Infektionskrankheiten verursachten Todesfälle werden von den "Großen Drei", AIDS, Malaria und Tuberkulose hervorgerufen. Einerseits treten in jüngster Zeit neue Krankheitserreger in Erscheinung, deren immense soziomedizinische Bedeutung bereits gesichert (z. B. Helicobacter) oder naheliegend (z. B. Chlamydien) ist. Impfstoffe gegen alle diese Erreger sind bisher nicht verfügbar. Die Möglichkeiten traditionell entwickelter Impfstoffe sind aber weitgehend ausgeschöpft. Andererseits befindet sich die Entwicklung neuer Antibiotika und Chemotherapeutika im steten Wettstreit mit der Ausbreitung von Erregerresistenzen. Die interdisziplinäre Erforschung der molekularen und zellulären Grundlagen von Infektionen ermöglicht die gezielte Entwicklung neuer therapeutischer und prophylaktischer Maßnahmen. Die grundlegende Erforschung von Infektionsprozessen vermag daher nicht nur grundlegende Fragen der Biomedizin zu klären, sondern auch ihren Beitrag zu gesundheitspolitisch wichtigen Problemen der Zukunft zu leisten.“*

(Zitat: <http://www.mpiib-berlin.mpg.de/>)

Adresse:

Berlin Mitte (Stadtplan)

Charitéplatz 1

Campus Charite Mitte

D-10117 Berlin

Tel. +49 - 30 - 28 460 0

Fax +49 - 30 - 28 460 141

[sek@mpiib-berlin.mpg.de](mailto:sek@mpiib-berlin.mpg.de)



Abb. 2.1.: Gebäudekomplex des Max-Planck-Instituts

## **2.2. Die populationsgenetische Analyse**

Bei der populationsgenetischen Analyse werden die Gene einzelner Individuen einer Population untersucht und untereinander verglichen. Es gibt mehrere Möglichkeiten, auf was man die Individuen untersuchen kann. In unserem Fall untersuchten die Forscher des Max-Planck-Instituts die Sequenzdiversität der einzelnen Individuen.

Dabei stellte sich heraus, dass sich die Bakterien, wie weiter oben in Kapitel 2.3 bereits beschrieben, sieben heute existierenden Populationen und Subpopulationen zuordnen lassen, die alle jeweils untereinander die selbe, oder sehr ähnliche, Sequenzdiversität besitzen.

### **2.2.1. Die Sequenzdiversität**

In der Biologie ist der Begriff Diversität eine Bezeichnung für die Vielfalt der Arten, aber er bezeichnet auch die Vielfalt der genetischen Informationen von Lebewesen oder der, in einzelnen Lebewesen gebildeten Proteine.

Man sieht also, dass der Begriff an sich weit gestreut ist. In unserem Falle jedoch ist die Vielfalt der genetischen Informationen, also die Vielfalt, beziehungsweise die Verschiedenheit, der einzelnen Gene oder Genome gemeint.

Sequenzdiversität bedeutet also die Vielfalt der einzelnen Nukleotid-Sequenzen der einzelnen hier untersuchten H.pylori Bakterien.

### **2.2.2. Die Nukleotid-Sequenz**

Das Wort Nukleotid-Sequenz ist gleichbedeutend mit dem Wort DNA-Sequenz.

Spricht man in der Genetik von der Nukleotid-Sequenz, so meint man damit die Abfolge der einzelnen Nukleotide eines DNA-Moleküls, mit seinen vier Basen Adenin, Guanin, Thymin und Cytosin.

Die Nukleotid-Sequenz wird durch die DNA-Sequenzierung herausgefiltert und in einer festgelegten Richtung gelesen: sie wird vom 5'-Ende zum 3'-Ende der kodierten Stranges gelesen, was bedeutet, dass sie in der selben Richtung gelesen wird, in der sich auch die Polymerase über einen DNA-Strang bewegt. Die Daten, die aus den Untersuchungen

entnommen werden, werden in großen Datenbanken gespeichert und für die Allgemeinheit zugänglich gemacht.

Die Einzelnen Basen eines DNA-Stranges (Adenin, Guanin, Thymin und Cytosin) werden mit ihren Anfangsbuchstaben abgekürzt (A,G,T und C). Auf Grund dieser einfachen Darstellung lässt sich deswegen die DNA statistisch gesehen sehr gut untersuchen. Zum Beispiel kann so das Vorkommen einzelner Teilwörter einer Nukleotid-Sequenz einfacher untersucht werden. Dabei kann die lokale Häufigkeit einzelner Nukleotidwörter, zum Beispiel die Folge „CG“, erste Hinweise auf die bestimmten Funktionen einzelner Teilabschnitte der DNA geben.

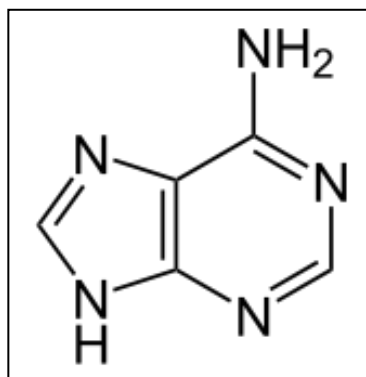
### **2.2.2.1. Was ist Adenin?**

Adenin ist eine von vier organischen Basen der DNA. Es kommt aber auch noch in anderen biologisch bedeutenden Molekülen vor, wie zum Beispiel in Adenosinriphosphat.

Zusammen mit der zweiten Base Thymin bildet Adenin in der DNA-Doppelhelix zwei Wasserstoffbrücken.

Bei der Transkription hingegen verbindet sich das Adenin des kodierten DNA-Stranges mit dem Uracil (U) der in dem Moment gebildetet mRNA.

Adenin gehört, wie Guanin, die dritte Base der DNA, zu den Purinbasen.



*Abb. 2.2.2.1.: Das Bild zeigt die chemische Strukturformel von Adenin*

## Die Transkription

Das Wort Transkription kommt vom Lateinischen „trans“=jenseits, hinüber und „scribere“=schreiben.

In der Genetik wird der Begriff verwendet, um die Synthese von RNA (Ribonukleinsäure) anhand einer DNA als Vorlage zu bezeichnen.

Bei der Transkription werden die Informationen einzelner Gene abgelesen und als rRNA-Moleküle vervielfältigt, was bedeutet, dass ein spezifischer DNA-Abschnitt als Vorbild für die Synthese eines neuen RNA-Stranges dient.

Während des Vorganges der Transkription werden die einzelnen Nukleotidbasen (Adenin, Thymin, Guanin, Cytosin) in die Nukleotidbasen der RNA (Adenin, Uracil, Guanin, Cytosin) umgewandelt. In der DNA kommt Desoxyribose vor, welche jetzt während der Transkriptionsprozesses in Ribose umgewandelt wird (Desoxyribose und Ribose sind Zuckermoleküle).

Die bei der Transkription entstehende RNA lässt sich ganz grob in drei Gruppen einteilen: mRNA (=messenger-RNA oder Boten-RNA), tRNA (=transfer-RNA) und rRNA (ribosomale-RNA).

### 2.2.2.2. Was ist Thymin?

Thymin ist die zweite organische Base der DNA. Thymin wird auch als „5-Methyluracil“ bezeichnet. Es bildet zusammen mit Adenin in der DNA-Doppelhelix zwei Wasserstoffbrücken.

In RNA kommt Thymin nur äußerst selten vor, das es dort durch Uracil ersetzt wird.

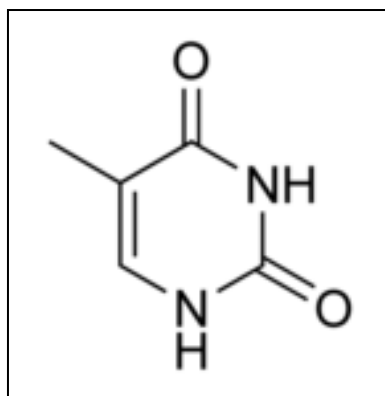


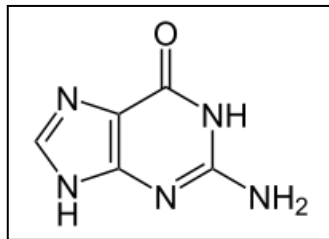
Abb. 2.2.2.2.: Das Bild zeigt die chemische Strukturformel von Thymin

### 2.2.2.3. Was ist Guanin?

Guanin ist die dritte der vier organischen DNA-Basen. Es ist also eines der Grundbausteine eines DNA-Doppelhelix-Stranges, welches jedoch nicht nur in DNA vorkommt, sondern auch noch in anderen biologisch bedeutenden Molekülen, wie zum Beispiel Guanosintriphosphat, vorkommt.

Guanin bildet in einem Doppelhelixstrang zusammen mit Cytosin drei Wasserstoffbrücken, was dazu führt, dass ein DNA-Strang, der mehr Guanin-Cytosin Verbindungen enthält, wesentlich stabiler ist, als einer, der aus mehr Adenin-Thymin Verbindungen besteht.

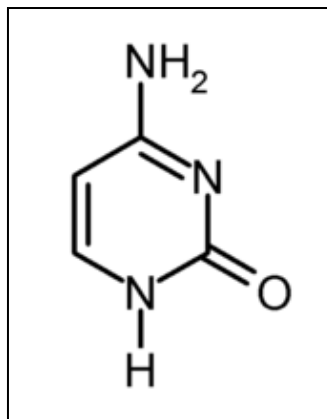
Guanin gehört zusammen mit Adenin zu den Purinen.



*Abb. 2.2.2.3.: Das Bild zeigt die chemische Strukturformel von Guanin*

### 2.2.2.4. Was ist Cytosin?

Cytosin ist nun die vierte und damit letzte organische DNA- Base. Es bildet zusammen mit Guanin in einem DNA-Doppelhelixstrand drei Wasserstoffbrücken. Es kommt sowohl in DNA als auch in RNA vor.



*Abb. 2.2.2.4.: Das Bild zeigt die chemische Strukturformel von Cytosin*

### **2.2.2.5. Die Polymerase-Kettenreaktion**

Die Polymerase-Kettenreaktion, abgekürzt PCR, ist eine Methode, bei der die DNA von Organismen zu vervielfältigen, ohne dabei einen lebenden Organismus verwenden zu müssen. Die PCR kann für verschiedene Aufgaben eingesetzt werden, wie zum Beispiel für die Erkennung von Krankheiten und Virusinfektionen, die Erstellung und Überprüfung von genetischen Fingerabdrücken, sowie für das Klonen von Genen oder für Abstammungsgutachten (Vaterschaftstests).

Um eine PCR durchführen zu können werden folgende Dinge benötigt:

- Die Original-DNA, die den zu vervielfältigenden Abschnitt enthält
- Zwei Primer, um auf den beiden Einzelsträngen der DNA jeweils den Startpunkt der DNA-Synthese festzulegen, wodurch der zu vervielfältigende Bereich von beiden Seiten begrenzt wird.
- DNA-Polymerase, die bei hohen Temperaturen nicht zerstört wird, um den festgelegten Abschnitt zu replizieren (kopieren)
- Desoxynukleotidtriphosphate, die Bausteine für den von der DNA-Polymerase synthetisierten DNA-Strang
- Mg<sup>2+</sup>-Ionen, für die Funktion der Polymerase essentiell
- Pufferlösungen, die eine für die DNA-Polymerase geeignete chemische Umgebung sicherstellen

Die PCR findet in einem sogenannten *Thermocycler* statt. Dieser Apparat hat die Aufgabe, die in ihm befindlichen DNA-Gemische, präzise auf die Temperaturen zu erhitzen oder abzukühlen, die für eine PCR benötigt werden.

Der PCR-Prozess besteht aus 25 bis 50 Zyklen. Jeder dieser Zyklen wiederum besteht aus drei Schritten:

#### 1. Die Denaturierung (=Schmelzen):

In diesem Schritt werden die DNA-Doppelhelixstränge auf eine Temperatur von 94 bis 96°C erhitzt, so dass sich die Wasserstoffbrücken, welche der DNA-Doppelhelix zur Stabilisierung dienen, zusammenbrechen.

Um sicher gehen zu können, dass sich sowohl die Ausgangs-DNA, als auch die Primer von einander getrennt haben, so das nur noch Einzelstränge vorliegen, wird im ersten Zyklus das Gemisch für längere Zeit erhitzt.

## 2. Die Primerhybridisierung :

In diesem Schritt wird die Gemischtemperatur wieder gesenkt, damit sich die Primer an den DNA-Strängen ankapseln können.

Die Temperatur dieses Schrittes hängt von dem jeweils benutzten Primer ab und liegt im Normalfall 2 bis 3°C unter dessen Schmelzpunkt, das heißt zwischen 50 und 65°X.

Ist die ausgewählte Temperatur zu hoch, setzt sich der Primer nicht am gewünschten DNA-Stück an. Ist die Temperatur im Gegensatz dazu zu niedrig, kann es passieren, dass sich der Primer am falschen Stück ansetzt.

## 3. Die Elongation (=Verlängerung):

In diesem Schritt, der gleichzeitig auch der letzte der drei Schritte ist, füllt die Polymerase die nun fehlenden Stränge mit freien Nukleotiden wieder auf.

Sie beginnt am 3'-Ende des angelagerten Primers und folgt dann dem DNA-Strang.

Dadurch, dass des Primer nun den Anfang des Einzelstranges bildet wird er nicht wieder abgelöst, sondern bleibt, wo er ist.

Die Temperatur in diesem Schritt hängt hier von der verwendeten DNA-Polymerase und der Länge des zu verdoppelnden DNA-Stranges ab und liegt normalerweise zwischen 68 und 72°C.

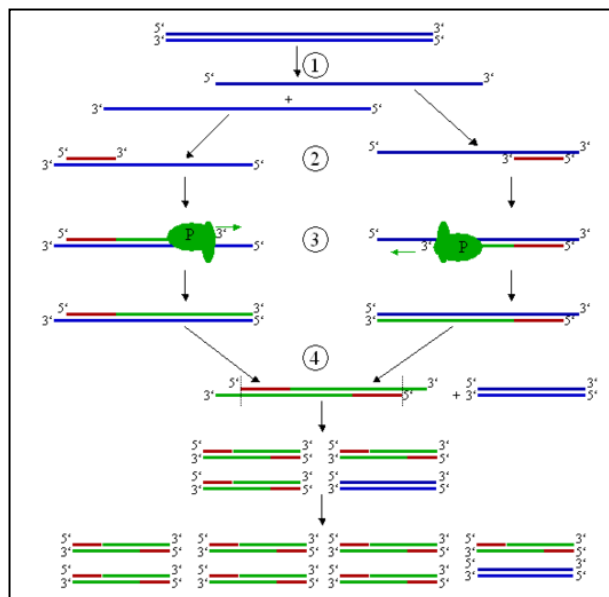


Abb. 2.2.2.5.: Das Bild zeigt eine schematische Darstellung einer Polymerase-Kettenreaktion

## **2.3. Wie vermischten sich die einzelnen H.pylori Stämme untereinander?**

Der Mensch ist der einzige Wirt für die H.pylori Bakterien. Wenn nun im Magen eines Menschen zwei verschiedene H.pylori Populationen aufeinandertreffen, können sie untereinander Erbmateriale austauschen.

Lebende Bakterien des einen Stammes können freie DNA-Stücke von bereits abgestorbenen Bakterien des anderen Stammes in sich aufnehmen. Was dann zu Mosaikgenomen mit importierten DNA-Bereichen führt.

### **2.3.1. Was versteht man unter einem Genom?**

Die Zellen höherer Lebewesen (auch als Eukaryonten bezeichnet) bestehen zum größten Teil aus Zytoplasma, in welches der von einer Membran umgebene Nukleus (=Zellkern) eingebettet ist.

Das Zytoplasma setzt sich im Wesentlichen aus Wasser, Proteinen und anderen löslichen Stoffen zusammen.

In diese Zellsubstanz sind verschiedenen kleinere Strukturen eingelassen, Zellorganelle genannt, die unterschiedlichen Aufgaben im Zellzyklus einnehmen.

Im Nukleus ist das Genom eingeschlossen. Als Genom, oder auch Gen, wird das Erbgut einer Zelle bezeichnet, welches auf Chromosomen, mikroskopisch kleinen fadenartigen Gebilden, die als Träger der Genome fungieren, verteilt.

Das Genom der meisten Organismen setzt sich aus mehreren Chromosomen zusammen, deren Anzahl arttypisch und deren Größe unterschiedlich ist.

Meistens kommen Chromosomen paarweise vor. Ein Paar gleichartige Chromosomen bezeichnet man als homologe Chromosomen.

Auf den Chromosomen liegen die verschiedenen Gene linear verteilt- jedes an einem ganz bestimmten Platz, dem sogenannten Genlocus.

Einfache Lebewesen (auch als Prokaryonten bezeichnet), zu denen zum größten Teil die Bakterien, und damit verbunden auch die H.pylori Bakterien, gehören, haben keinen Nukleus. Ihr Genom liegt frei im Zytoplasma. Es wird nukleoid oder kernäquivalent genannt.

### 2.3.2. Was ist ein Mosaikgenom?

Ende der siebziger Jahre gelang es die ersten Nucleotidsequenzen kompletter Gene von höheren Organismen zu analysieren. Dabei stellte sich heraus, dass sich die Gene aus einer Abfolge von codierter und nichtcodierter Sequenzen zusammensetzten.

Ein codierter Abschnitt, der in ein Polypeptid übersetzt werden kann, bezeichnet man als Exon. Dazwischen liegen Abschnitte, die keine aminosäurecodierte Sequenz enthalten. Diese nennt man Introns. Die zusammengestückelten Gene nennt man Mosaikgenome oder auch eukaryotische Gene. Mosaikgenom aus dem Grund, weil die zusammengestückelten Gene wie ein Mosaik aufgebaut sind (Beispiel: Exon-Intron-Exon-Intron).

Es ist bisher unklar, ob die genetisch sinnlos erscheinenden Introns irgendeine bestimmte Funktion haben. Man nimmt jedoch an, dass sie Regulations- und/oder Organisationsaufgaben übernehmen.

Auch außerhalb von Genen gibt es nichtcodierte DNA, das als *Junk-DNA* (übersetzt etwa „DNA-Schrott“) bezeichnet wird. Jedoch ist diese *Junk-DNA* keinesfalls überflüssig, denn ein Teil davon spielt eine Rolle beim Transkriptionsprozess, in dessen Ablauf die einzelnen Informationen, die auf den einzelnen Genen gespeichert sind, abgelesen werden. Der andere Teil der *Junk-DNA* scheint funktionslos zu sein.

Auch zeigen neuste Forschungen, dass ein Zusammenhang zwischen den jeweiligen Populationsgrößen verschiedener Arten und deren jeweiligen Anteil an *Junk-DNA* besteht. Arten mit relativ kleinen Populationen (wie zum Beispiel Wirbeltiere) weisen sehr viel *Junk-DNA* auf. Im Gegensatz dazu weisen Arten mit sehr großen Populationen (wie zum Beispiel Bakterien) fast gar keine *Junk-DNA* auf.

Einer Annahme zur Folge liegt dieser Zusammenhang dem höheren Selektionsdruck (=Auslesedruck) in großen Populationen zugrunde, durch welchen die überschüssigen *Junk-DNA-Stücke* schnell aussortiert werden.

In kleinen Populationen spielen, wie man annimmt, Zufallseffekte, die eine Ansammlung sinnloser Sequenzen zur Folge haben könnten, eine sehr große Rolle.

## 2.4. Der Nachweis vorgeschichtlicher Völkerwanderungen anhand des Magenbakteriums H.pylori

Wissenschaftler sind der Meinung, dass sich die ersten H.pylori Stämme in den Mägen der Urbevölkerung von Afrika, dem Nahen Osten, Zentralasien und Ostasien entwickelten und sich von dort aus über die ganze Welt hin verteilten. So konnten sich verschiedene Untergruppen dieser „Urstämme“ herausentwickeln.

### 2.4.1. Welchen Weg nahm H.pylori auf seinen „Wanderungen“?

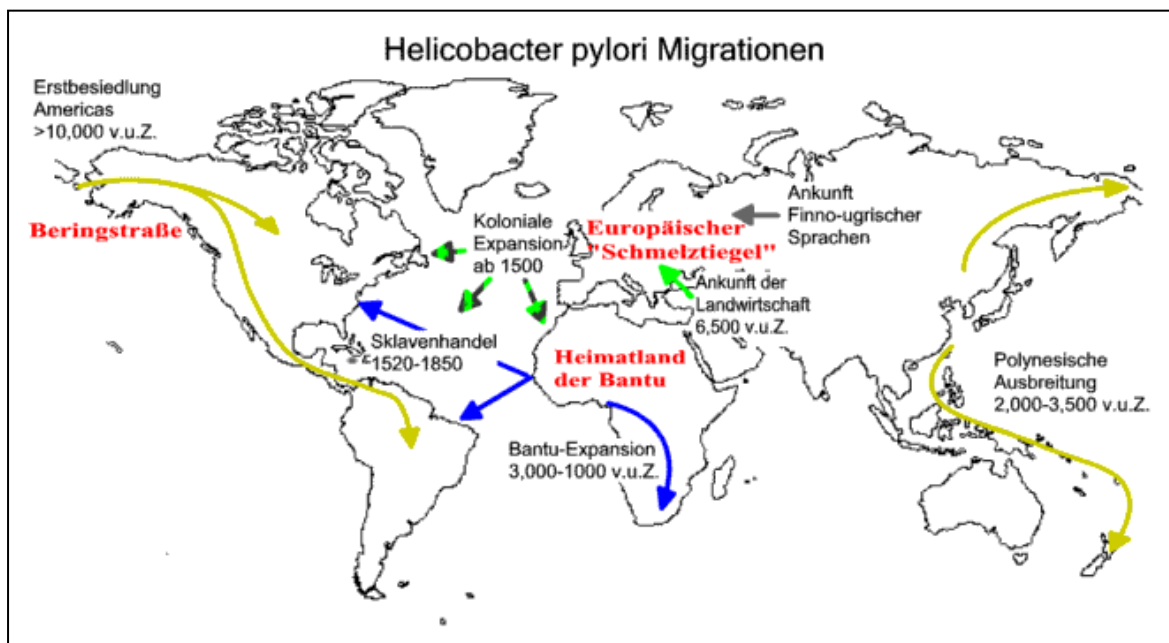


Abb. 2.4.1.: Die Karte zeigt auf welchem Weg sich H.pylori auf der ganzen Welt verbreitet hat.

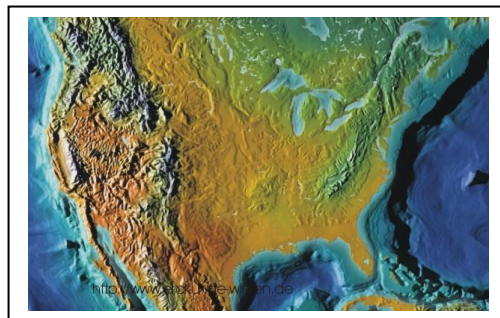
### 2.4.2. Der ostasiatische Stamm

Der ostasiatische Stamm „wanderte“ bei der Besiedelung Amerikas im 11.500 vor Christi über die Beringstraße nach Nordamerika ein und verbreitete sich von dort aus über Mexiko nach Südamerika. Ebenfalls fand es seinen Weg während der „polynesischen Ausbreitung“ ab 4.000 vor Christi, bis nach Neuseeland.

### **2.4.2.1. Die Erstbesiedelung Amerikas über die Berlingstraße**

Dass Amerika über die Berlingstraße besiedelt wurde ist, ist eine der am anerkanntesten Theorien über die Erstbesiedelung Amerikas. Sie ist die einzige, für die es genügend archäologische Beweise gibt, so dass sie auch von den meisten Wissenschaftlern vertreten wird.

Sie besagt, dass während oder gegen Ende der letzten Eiszeit, also vor etwa 11.000 bis 35.000 Jahren, aus Ostasien stammende Normadenstämme, die zur damaligen Zeit aus Jägern und Sammlern bestanden, über eine Landbrücke, die sich dort befunden hat, wo sich heute die Berlingstraße befindet und die sich auf Grund des niedrigen Wasserstandes während der letzten Eiszeit dort gebildet hatte, auf den heutigen amerikanischen Kontinent gelangten. Jedoch wurden sie vorerst durch den Laurentidischen Eisschild und den Rocky-Mountains-Gletscher daran gehindert, weiter ins Innere des Landes vorzudringen. Erst vor ca. 11.500 Jahren schmolzen diese Gletscher und gaben einen Weg in das von Menschen noch unberührte Land frei. Rund tausend Jahre später trafen die ersten Menschen an der Südspitze Amerikas ein.



*Abb. 2.4.2.1.: Das Bild zeigt ein Satellitenbild der Berlingstraße*

### **2.4.2.2. Die „polynesische Ausbreitung“**

Das „polynesische Dreieck“ stellt das größte zusammenhängende Siedlungsgebiet der Erde dar. Seine drei „Eckpunkte“, Neuseeland, Hawaii und die Osterinsel, liegen jeweils 7.600 km voneinander entfernt - das entspricht der Entfernung zwischen Gibraltar und Novosibirsk.

Weitere dazugehörige Inseln sind: Tahiti, Samoa, die Fidschi Inseln, Tonga, die Marquesas Inseln, Kiribati, Niue, sowie die Cook-Inseln.

Man nimmt an, dass die ersten Inseln des Dreiecks (Fidschi, Samoa und Tonga) schon vor über 5.000 Jahren, von aus Ostasien stammenden seefahrenden Stämmen, Austronesier genannt, besiedelt wurden, die sich mit riesigen Auslegerkanus auf den Weg machten, um Neuland zu erobern.

Von Samoa, der „Wiege“ Polynesiens, ging es dann in einem weiteren Schub zu den Marquesas Inseln und Tahiti.

Um 1.000 nach Christus startete dann wiederum eine neue Eroberungswelle. Hier teilten sich die Austronesier in zwei Gruppen auf. Die eine Gruppe zog in Richtung Norden, die andere in westliche Richtung. Dabei entdeckten sie Hawaii und die heutigen Cook-Inseln. Von dort aus startete dann auch die letzte Entdeckungsreise der Austronesier, auf der sie Neuseeland entdeckten und sich auch dort niederließen.

Bewundernswert ist, dass sich trotz jahrhundertelanger Isolation, die Sprachen, das Aussehen und die Kultur der Menschen im „polynesischen Dreieck“ noch äußerst ähnlich sind.

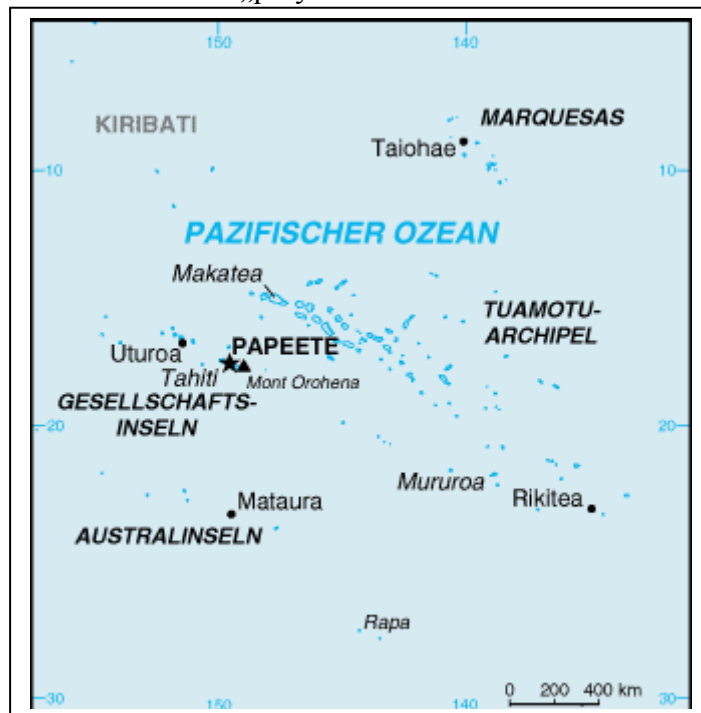


Abb. 2.4.2.2.: Das Bild zeigt eine Karte von Polynesien

### 2.4.3. Der zentralafrikanische Stamm

Der zentralafrikanische H.pylori Stamm verbreitete sich während der „Bantu-Expansion“ um 3.000 bis 1.000 Jahre vor unserer Zeit, von Zentralafrika bis nach Südafrika.

Während der Zeit des Sklavenhandels um 1520 bis 1850 überwand er den Weg über den Atlantik und verband sich mit dem (ursprünglich von Ostasien stammenden) dort ansässigen H.pylori Stamm.

### **2.4.3.1. Die „Bantu-Expansion“**

Man nimmt an, dass die Bantu ursprünglich aus dem Hochland Kameruns und dem Südosten Nigerias stammen. Im zweiten Jahrtausend vor Christus, begannen die Bantu, damals als Hackfrüchtepflanzer, ihr Gebiet weiter auf die Regenwälder Zentralafrikas auszudehnen, um mehr Platz für ihre Felder zu haben.

Etwa 1.000 Jahre später setzte eine erneute Welle der Expansion ein, die weitaus schneller von statten ging als die Erste. Hier verbreiteten sich die Bantu in Richtung Süden und Osten. In jede Region in die sie kamen und in der sie sich ansiedelten, vermischten sie sich mit den dort lebenden Völkern und bildeten so neue Gesellschaften.

1.000 Jahre vor Christus hatte sich zwischen dem Tschadsee und den großen Seen Ostafrikas die Eisengewinnung entwickelt. Als die Bantu diese Eigenschaft übernahmen, hatte ihr Siedlungsgebiet schon gewaltige Ausmaße angenommen. Gleichzeitig verbreiteten sich auch andere wichtige Kultureigenschaften, wie Viehzucht, Anbau von Getreide und so weiter unter ihnen.

Am Schluss erstreckte sich das Siedlungsgebiet der Bantu in einem Bogen von Nigeria über Ostafrika (Kenia, Tansania) bis nach Namibia und Südafrika.

Auch heute gibt es die Bantu noch. Das Wort „Bantu“ bezeichnet allerdings heute mehr eine Sprache, oder es wird von der westlichen Welt häufig auch als Bezeichnung für einen sogenannten Schwarzafrikaner benutzt.

Ebenfalls ist es faszinierend, dass sich die einzelnen Volksstämme, die sich aus dem Bantuvolk entwickelt haben, untereinander in ihrer Sprache unterhalten können, auch wenn sie hunderte von Kilometern voneinander entfernt leben und aufgewachsen sind. Das liegt daran, dass sich ihre Sprachen nicht sehr von einander unterscheiden, wie auch ihre Kulturen und ihr Aussehen sehr ähnlich sind.

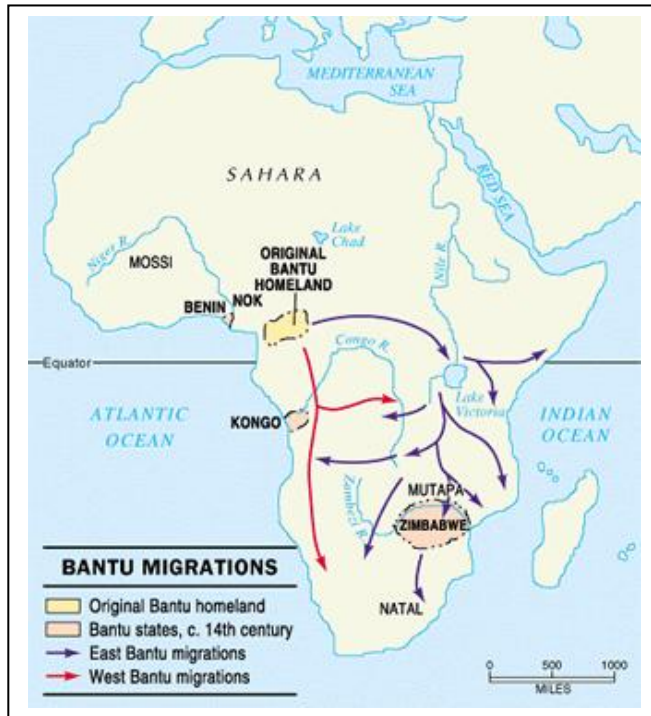


Abb. 2.4.3.1.: Das Bild zeigt eine Übersichtskarte der Bantu-Expansion

### **2.4.3.2. Der Sklavenhandel zwischen 1520 und 1850**

In den amerikanischen Kolonien der europäischen Mächte wurden Sklaven gebraucht, um in den Mienen der Kolonialherren zu arbeiten. Zuerst benutzten sie indianische Sklaven dafür, aber die starben bald, weil sie gegen die eingeschleppten Krankheiten der Weißen nicht immun waren. Also begann man, schwarzafrikanische Sklaven nach Amerika zu bringen, da sie als widerstandsfähiger galten.

Der Handel mit den Sklaven kann als „Dreieckshandel“ bezeichnet werden: Europäische Sklavenhändler tauschten an der afrikanischen Küste Waren, wie etwa Werkzeuge, Waffen und Textilien aus Europa, gegen Sklaven. Diese Sklaven wurden wiederum mit Profit für den Sklavenhändler in Amerika verkauft. Dort mussten sie dann für den neuen Sklavenbesitzer auf dessen Feldern und in dessen Mienen arbeiten. Die erzeugten Waren wurden dann, mit Profit für den Sklavenbesitzer, wieder in Europa verkauft.

Damals war ein Sklave, den man in Afrika für fünf Gulden gekauft hatte, in Amerika ein zehnfaches an Zucker wert. Dieser Zucker konnte dann wiederum in Europa für ein vielfaches seines Wertes weiterverkauft werden.

Im 18. Jahrhundert wurde im Zuge der abolitionistischen Bewegung in Europa versucht, den Sklavenhandel abzuschaffen. Man war der Meinung, dass es zu schwer wäre, die Sklaverei

sofort völlig abzuschaffen. Statt dessen dachte man, dass die Sklaverei von selbst zu Grunde gehen würde, wenn kein Sklavennachschub mehr kam.

1815 wurde auf dem Wiener Kongress der Sklavenhandel, sowie der Besitz von Sklaven offiziell geächtet. So wurde nach und nach zuerst der Sklavenhandel und dann auch die Sklaverei ansich abgeschafft, so dass der transatlantische Handel schlussendlich zum Erliegen kam.

In der Mitte des 19. Jahrhundert kam es dann in Amerika zum sogenannten Sezessionskrieg, auch bekannt als der Krieg zwischen den Nord- und den Südstaaten, bei dem der Auslöser die Sklavenfrage war. Die Nordstaaten waren gegen, die Südstaaten für einen weiteren Handel beziehungsweise dafür, dass sie weiterhin Sklaven besitzen und für ihre Arbeiten einsetzen durften. In diesem amerikanischen Bürgerkrieg gewannen die Nordstaaten und die Sklaverei wurde auch in den Vereinigten Staaten von Amerika verboten.



Abb. 2.4.3.2.: Das Bild zeigt eine Übersichtskarte des Sklavendreieckshandels

#### **2.4.4. Der nahöstliche Stamm**

Bei der „Ankunft der Landwirtschaft“ um 6.500 Jahre vor Christus, wanderte er vom Nahen Osten aus bis nach Europa.

#### **2.4.4.1 Die „Ankunft der Landwirtschaft“ in Europa**

Die Geschichte der Landwirtschaft begann, als die Menschen anfangen sesshaft zu werden, um ihr Dasein als Jäger und Sammler abzulegen. Wann genau aber die Menschen begannen Pflanzen zum Zwecke der Ernte anzubauen und Nutztiere züchteten, die sie nicht nur zur Fell und Nahrungsbeschaffung hielten, ist nicht genau bekannt. Man vermutet jedoch, dass dies vor etwa 13.000 Jahren geschah.

Nach der geläufigsten Theorie nimmt man an, dass sich die Landwirtschaft zuerst in den Ländern des Nahen Ostens entwickelte. Dort war die Bevölkerung wegen der fast 1.000 Jahre langen Klimaentwicklung gezwungen, sich Vorräte anzuschaffen und das endogene Getreide anzubauen und zu bewässern, da die Vorkommen, die es bisher in der freien Wildbahn gab, nicht länger genutzt werden konnten.

5.500 vor Christi kam die Landwirtschaft dann vom Balkan die Donau entlang nach Mitteleuropa. Doch bereits zuvor wanderte sie entlang der italienischen Mittelmeerküste nach Südfrankreich.

Zuerst wurde nur auf Flusstertassen und auf Lössböden Landwirtschaft betrieben. Jedoch begann man schnell damit Wälder zu roden, um noch mehr Platz für Felder zu bekommen.

#### **2.4.5. Der zentralasiatische Stamm**

Bei der Ankunft der finno-ugrischen Stämme in Europa verbreitete sich das H.pylori Bakterium in Europa.

Dieser Stamm vermischte sich dann im „europäischen Schmelztiegel“ mit dem, aus dem Nahen Osten stammenden. Jener „neue“ Stamm verteilte sich nun mit der „Kolonialen Expansion“ ab 1500, über den afrikanischen und den amerikanischen Kontinent.

#### **2.4.5.1. Die „Ankunft der finno-ugrischen Stämme“ in Europa**

Als „finno-ugrischen“ Stämme bezeichnet man heute die Volksgruppen, die in der Geschichte und in der Gegenwart die finno-ugrischen Sprachen verwendeten.

Sie stammen ursprünglich aus dem zentralasiatischen Raum und verbreiteten sich von dort aus über Teile Nordeuropas.

Schon damals gab es acht verschiedene finno-ugrische Völker:

- Die Meschera: Sie lebten im heutigen Mittelrussland, in der Gegend um die Stadt Rjasan.
- Die Muroma: Sie gründeten die Stadt Murom
- Die Norova: Ihr Name verweist auf den gleichnamigen Grenzfluss zwischen Estland und Russland hin
- Die Perm und Petschora: Die Vorfahren der Komi
- Die Sawolotschje-Tschuden: Sie lebten zwischen dem Onega-See und der heutigen Republik Komi
- Die Tschuden: Auch eine allgemeine Bezeichnung für Finno-Ugrier und ein alter slawischer Name für die Esten
- Die Wessen (Wes'): Die Wepsen dürften ihre Nachfahren sein

#### **2.4.5.2. Die „koloniale Expansion“ ab 1500**

Als die Portugiesen 1415 die marokkanische Stadt Ceuta eroberten und die ersten Ausgangspunkte für Gold- und Sklavenhandel an der afrikanischen Küste errichteten, führten sie somit das Zeitalter der europäischen Expansion in Richtung Afrika ein.

1492 entdeckte Christoph Kolumbus, ein Portugiese der von Spanien aus losgesegelt war, um einen Seeweg nach Indien zu erkunden, Amerika und 6 Jahre später (1498) erschloss der Portugiese Vasco da Gama den Seeweg nach Indien. Damit war das Zeitalter der Neuzeit eingeleitet, was gleichgesetzt werden kann mit dem Zeitpunkt, an dem die koloniale Expansion der Europäer in Richtung Asien und Amerika einsetzte.

Die ersten Kolonialgroßmächte waren Spanien und Portugal. Die beiden Großmächte einigten sich im Vertrag von Tordesillas über die Aufteilung der noch unerschlossenen Gebiete der neuentdeckten Welt. Spanien bekam Süd- und Mittelamerika sowie die Karibik. Portugal nahm 1500 Brasilien in Besitz. Da die Portugiesen jedoch schon in Afrika, China und Indien Kolonien besaßen und außerdem nicht die nötigen Kapazitäten hatten, um weiter ins Landesinnere vorzudringen, blieben sie in Brasilien und beschränkten sich auf ihr Monopol des Sklavenhandels und des Gewürzhandels, welches sie durch die afrikanischen und indischen Kolonien besaß.

Am Ende des 16. Jahrhundert machten die Engländer und Holländer den Portugiesen den transatlantischen Handel mit Ostasien streitig und verdrängten sie nach und nach aus ihren Stützpunkten in Indien.

Am Anfang des 17. Jahrhundert etablierte sich die englische ostindische Kompanie in Indien und begann 1757 mit der Eroberung des Subkontinents. Um 1800 hatte Holland Java und Sri Lanka erobert.

## **3. Quellenangaben**

### **3.1. Internetseiten**

[http://www.unilabs.ch/suisse/ch/de-ch/file.cfm/  
document/Steckbrief\\_Helicobacter\\_pylori.pdf?contentid=845](http://www.unilabs.ch/suisse/ch/de-ch/file.cfm/document/Steckbrief_Helicobacter_pylori.pdf?contentid=845)

[http://www.onmeda.de/krankheiten/helicobacter\\_pylori\\_infektion.html](http://www.onmeda.de/krankheiten/helicobacter_pylori_infektion.html)

[http://www.gesundheitslexikon.de/ghl\\_heliobacter\\_pylori.html](http://www.gesundheitslexikon.de/ghl_heliobacter_pylori.html)

[http://de.wikipedia.org/wiki/Helicobacter\\_pylori#Therapie](http://de.wikipedia.org/wiki/Helicobacter_pylori#Therapie)

<http://www.medizinfo.de/gastro/magen/helicobacter.shtml>

<http://www.wissenschaft-online.de/artikel/833696>

[http://de.wikipedia.org/wiki/Besiedlung\\_Amerikas#weitgehend\\_anerkannte\\_Theorien](http://de.wikipedia.org/wiki/Besiedlung_Amerikas#weitgehend_anerkannte_Theorien)

<http://de.wikipedia.org/wiki/Polynesien>

[http://www.uni-oldenburg.de/musik-for/musikderwelt/instrumente/blatt15\\_polynesien.pdf](http://www.uni-oldenburg.de/musik-for/musikderwelt/instrumente/blatt15_polynesien.pdf)

<http://www.suedsee-travel.de/html/polynesien.html>

[http://de.wikipedia.org/wiki/Bantu#Geografie\\_belegt mit:](http://de.wikipedia.org/wiki/Bantu#Geografie_belegt_mit:)

[http://www.globaldefence.net/kulturen\\_im\\_konflikt/afrikanische\\_kulturen/afrikanische\\_kulturen\\_534\\_27.html](http://www.globaldefence.net/kulturen_im_konflikt/afrikanische_kulturen/afrikanische_kulturen_534_27.html)

<http://www.wissenschaft.de/sixcms/detail.php?id=203944>

<http://de.wikipedia.org/wiki/Agrargeschichte>

[http://de.wikipedia.org/wiki/Finno-Ugrische\\_Sprachen](http://de.wikipedia.org/wiki/Finno-Ugrische_Sprachen)

<http://www.wilder-westen-web.de/bk-vor.htm>

[http://de.wikipedia.org/wiki/Amerikanischer\\_Bürgerkrieg](http://de.wikipedia.org/wiki/Amerikanischer_Bürgerkrieg)

[http://de.wikipedia.org/wiki/Sklavenhandel#Handel\\_mit\\_afrikanischen\\_Sklaven\\_seit\\_dem\\_Altertum](http://de.wikipedia.org/wiki/Sklavenhandel#Handel_mit_afrikanischen_Sklaven_seit_dem_Altertum)

<http://www.hschumacher.de/html/kolonialismus.html>

[http://de.encyarta.msn.com/encyclopedia\\_761563786\\_2/Genetik.html](http://de.encyarta.msn.com/encyclopedia_761563786_2/Genetik.html)

<http://de.wikipedia.org/wiki/Diversität>

<http://de.wikipedia.org/wiki/Nukleotid-Sequenz>

<http://de.wikipedia.org/wiki/Adenin>

[http://de.wikipedia.org/wiki/Transkription\\_\(Biologie\)#Bakterielle\\_Transkription](http://de.wikipedia.org/wiki/Transkription_(Biologie)#Bakterielle_Transkription)

[http://de.wikipedia.org/wiki/Ribosomale\\_RNA](http://de.wikipedia.org/wiki/Ribosomale_RNA)

<http://de.wikipedia.org/wiki/MRNA>

<http://de.wikipedia.org/wiki/TRNA>

<http://de.wikipedia.org/wiki/Thymin>

<http://de.wikipedia.org/wiki/Guanin>

<http://de.wikipedia.org/wiki/Cytosin>

<http://de.wikipedia.org/wiki/Polymerase-Kettenreaktion>

### **3.2. Literaturangaben**

Biologiebuch Natura, Ernst Klett Verlag, 1.Auflage

Pschyrembel, klinisches Wörterbuch, de Gruyter Verlag, 257.Auflage

### **3.3. Abbildungsverzeichnis**

- Abbildung 1.1.: <http://www.bu.edu/bridge/archive/2004/04-02/photos/photonics.jpg>
- Abbildung 1.3.: <http://www.gastroenterologie.uni-hd.de/>
- Abbildung 1.3.2.: [http://www.diagnostik-nord.de/contor\\_bilder/HBP-K20\\_m.jpg](http://www.diagnostik-nord.de/contor_bilder/HBP-K20_m.jpg)
- Abbildung 2.1.: <http://www.mpiib-berlin.mpg.de/de/institut/dasinstitut.htm>
- Abbildung 2.2.2.1.: <http://de.wikipedia.org/wiki/Adenin>
- Abbildung 2.2.2.2.: <http://de.wikipedia.org/wiki/Thymin>
- Abbildung 2.2.2.3.: <http://de.wikipedia.org/wiki/Guanin>
- Abbildung 2.2.2.4.: <http://de.wikipedia.org/wiki/Cytosin>
- Abbildung 2.2.2.5.: <http://de.wikipedia.org/wiki/Polymerase-Kettenreaktion>
- Abbildung 2.4.1.:  
<http://www.mpg.de/bilderBerichteDokumente/dokumentation/pressemitteilungen/2003/pressemitteilung20030307/index.html>
- Abbildung 2.4.2.1.: <http://www.datenbank-europa.de/erdkunde/land/amerika/usa/lk.jpg>

- Abbildung 2.4.2.2.: <http://wikitravel.org/upload/de/1/1a/Karte-fp.png>
- Abbildung 2.4.3.1.:  
<http://occawlonline.pearsoned.com/bookbind/pubbooks/brummettconcise/chapter8/mediabib/illustrations/WALL5295198.gif>
- Abbildung 2.4.3.2.: <http://www.kriegsreisende.de/absolutismus/absol-img/dreieck.jpg>