

Evolution von Komplexität über Fehlentwicklungen?

Können Missbildungen und Abnormitäten das Rohmaterial für eine Zunahme der Komplexität im Laufe von Evolution sein? Nach einem in *Spektrum der Wissenschaft* vorgestellten Modell einer „selektionsfreien Evolution“ soll dies tatsächlich möglich sein. Doch stellen sich einige Fragen, ob dieser Ansatz realistisch ist.

Reinhard Junker

Unter der Überschrift „Evolution ohne Selektion“ veröffentlichte der bekannte Wissenschaftsjournalist Carl ZIMMER in der viel gelesenen Zeitschrift *Spektrum der Wissenschaft* im Mai 2014 einen Artikel über eine neue Idee, wie Komplexität im Laufe der hypothetischen Evolution entstehen könnte. „Evolution ohne Selektion“ ist als Schlagwort nicht neu; schon im Jahr 1988 veröffentlichte A. LIMA-DE-FARIA ein Buch unter dem Titel „Evolution without selection“. Eine neue Grundidee zu „Evolution ohne Selektion“ wird im kurzen Intro-Text so zusammengefasst: „Nach Ansicht mancher Forscher können auch ohne Selektionskräfte komplexere biologische Strukturen und Lebewesen entstehen – quasi als Nebeneffekt von zunächst unbedeutenden Fehlentwicklungen.“

In den letzten Jahrzehnten wurde eine ganze Reihe neuer Ansätze entwickelt, mit denen man dem Problem Makroevolution – die Entstehung konstruktiver und funktioneller Neuheiten – zu Leibe rücken möchte (eine kurzgefasste Übersicht findet sich bei CABEJ 2013, 249ff.). Das ist ein Indiz dafür, dass hier ein Problem gesehen wird; entgegen oft geäußerten Beteuerungen, die Frage nach den Evolutionsmechanismen sei im Wesentlichen beantwortet. Auch ZIMMER (2014, 26) meint, im Großen und Ganzen bestätige die moderne Biologie DARWINs Gedanken zur Entstehung von Komplexität, wonach neue Organe unter dem Wirken der natürlichen Auslese schrittweise aufgebaut würden. (Das zur Illustration angeführte Beispiel des Linsen-*Auges* ist dafür aber denkbar schlecht geeignet, vgl. ULLRICH et al. 2006.) Doch sei fraglich, ob Komplexität immer auf solche Weise entsteht. Zum einen gebe es eine dem Leben innewohnende Tendenz zur Komplexitätssteigerung. Was das sein soll und woher diese kommt, wird allerdings nicht gesagt.

Komplexität als Nebeneffekt?

Zum anderen soll eine Komplexitätssteigerung auch ohne Selektion als *Nebeneffekt* von Mutationen möglich sein. Das sind richtungslose Änderungen des Erbguts. Manchmal entstünden auf diese Weise „einfach so“ komplexe Phänomene. Das klingt zwar fast wie Zauberei, aber ZIMMER nimmt hier Bezug auf das Buch „Biology’s First Law“ von MCSHEA und BRANDON (2010). Darin wird die Entstehung neuer Komplexität als eine Art „Gesetz“ gefasst, das sie als „zero-force evolutionary law“ bezeichnen, was man als „kraftfreies Evolutionsgesetz“ übersetzen kann. Getestet haben sie dieses Gesetz – so berichtet ZIMMER weiter – an Laborstämmen der Taufliege *Drosophila*. Diese wurden dauerhaft rundum versorgt und hatten somit ein stressfreies Leben bzw. sind vergleichsweise wenig mit Selektionsdrücken konfrontiert. Anders als bei wild lebenden Populationen, die unterschiedlichen Selektionsfaktoren unterworfen sind, können bei Wegfall von Selektion Individuen mit Mutationen, die ihre Vitalität einschränken, überleben und werden nicht ausgemerzt. Denn gewisse Schäden durch Mutationen sind unter den günstigen Lebensbedingungen verkraftbar, während sie unter den härteren Freilandbedingungen nachteilig wären und die betreffenden Formen der Auslese zum Opfer fallen würden. Also müssten die Laborfliegen „allmählich komplexer geworden sein als ihre Artgenossen in der Wildnis“ (ZIMMER 2014, 28) – so die Hypothese, weil sich mehr Mutationen ansammeln und weniger durch Auslese verloren gingen.

MCSHEA und seine Doktorandin Leonore FLEMING haben die wissenschaftliche Literatur zu 916 Laborlinien der Taufliege nach „Missbildungen“ durchgeforstet und stießen dabei auf eine große Zahl von Abnormitäten, z. B. auf Tiere

„mit ungleichen Beinen, mit ungewöhnlich gemusterten oder deformierten Flügeln oder mit ‚verkehrt‘ gebildeten Fühlern (Antennen) und so weiter.“ Diesen (eigentlich altbekannten) Befund werten die Forscher als Bestätigung dafür, dass die Fliegen bei Abwesenheit oder Minderung der Selektion komplexer geworden seien als ihre wild lebenden Verwandten und mithin als Beleg für ihre Hypothese. ZIMMER untermauert diese Deutung mit einer Abbildung, in der eine deformierte *Drosophila* einer normalen gegenübergestellt wird und interpretiert dies in der Legende so: „In der Wildnis sind Taufiegen starken Anpassungszwängen ausgesetzt, die bei einer Laborhaltung wegfallen. Dadurch treten bei Laborstämmen auffallend viele Abweichungen von Körperstrukturen auf, die sich erhalten, weil sie den Tieren nicht schaden (...). Verglichen mit Wildformen (...) sind die Laborstämme nach Ansicht von Forschern komplexer“ (ZIMMER 2014, 27).

Man nimmt es verwundert zur Kenntnis, denn worin besteht überhaupt die Zunahme an Komplexität? Zugenommen hat die Vielfalt an unterschiedlichen Ausprägungen von Körpermerkmalen. Von diesen schränken aber viele die Vitalität des entsprechenden Individuums nachhaltig ein. Ist dann aber der Begriff „Komplexität“, verstanden als formale Steigerung der Vielfalt an Strukturen, überhaupt hilfreich, wenn keine Bewertung der neuen Vielfalt vorgenommen wird? Offenbar wird die größere Anzahl an gestaltlichen Ausprägungen als „Komplexitätszunahme“ bezeichnet, doch besteht kein Zweifel daran, dass es sich dabei um mehr oder weniger ausgeprägte *Missbildungen* handelt; ZIMMER selbst spricht von „Abnormitäten“. In Bezug auf die eigentlich relevante Frage nach einer Erklärung für die Entstehung evolutionärer struktureller oder funktioneller Neuheiten wird dagegen mit diesen Befunden nichts gewonnen.

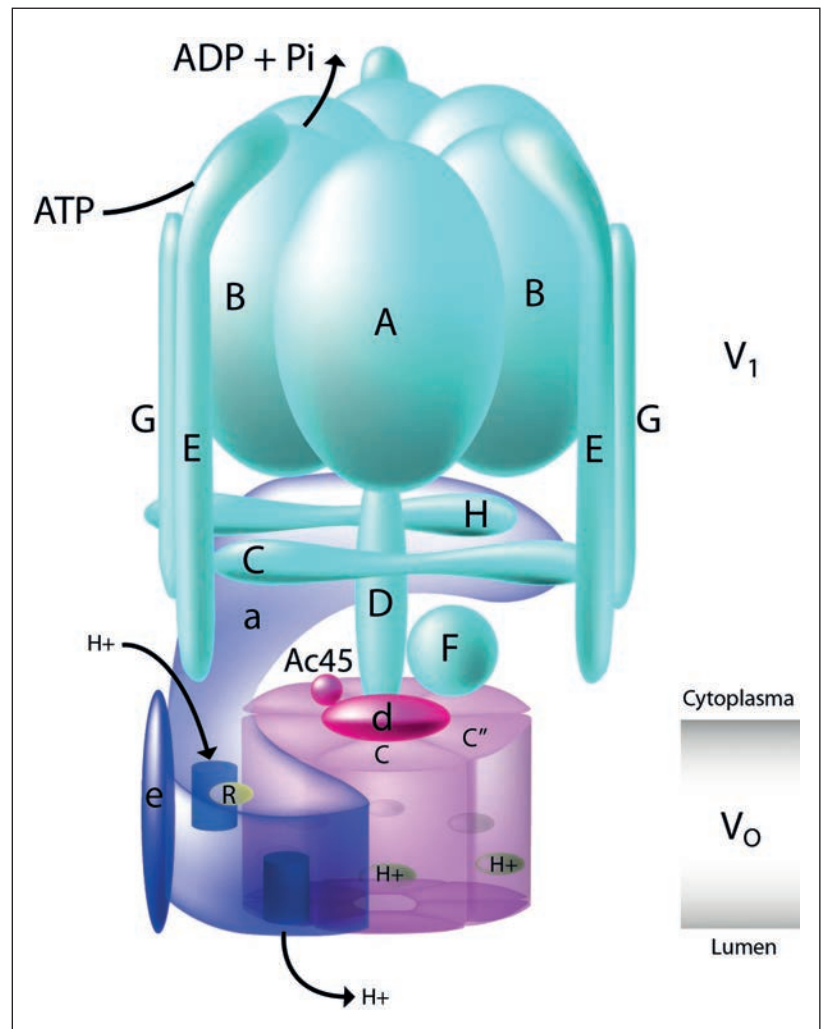
Kritik

ZIMMER erwähnt denn auch in seinem *Spektrum*-Artikel einige Kritiker dieses Konzepts, die noch andere Einwände bringen. So weist der Paläontologe Douglas ERWIN darauf hin, dass auch bei den umhegten *Drosophila*-Fliegen in vielerlei Hinsicht Selektion massiv wirke und dass schon bei der Larvalentwicklung hunderte Gene genau aufeinander abgestimmt sein müssten, damit die Gewebe und Organe sich funktionsfähig entwickeln könnten. Hier seien schon kleinere Störungen meist tödlich; sie werden durch die so genannte „innere Selektion“ ausgemerzt (auch im Labor sterben viele *Drosophila*-Mutanten während der Embryonalentwicklung aufgrund von Mutationen).

Auch die Handhabung des Begriffs „Komplexität“ wird von manchen kritisch gesehen. MCSHEA und BRANDON entgegnen – so ZIMMER (2014, 29) –, sie würden „eine Komplexität betrachten, aus der die andere Komplexität erwachsen könne. Die bei *Drosophila* beobachteten Veränderungen stellten Ausgangsmaterial für mögliche anschließende Selektionsprozesse dar – seien also eine Grundlage, aus der dann funktionale komplexe Strukturen entstehen könnten, die dem Überleben dienten.“ Doch das ist bestenfalls Hoffnung, kein Ergebnis von Experimenten. Und ob sich diese Hoffnung erfüllt, gewisses „Ausgangsmaterial“ – und zwar ausgerechnet mehr oder weniger stark ausgeprägte Missbildungen – könne Grundlage für später entstehende neue funktionale Strukturen sein, muss erst noch geprüft werden. Aber die Qualität des Ausgangsmaterials nach dem „zero-force evolutionary law“ gibt nicht zu Hoffnung Anlass, dass es sich dabei um Startrampen für echte evolutionäre Neuheiten handeln könnte (wobei mit „echt“ neue funktionale Strukturen gemeint sind, die auch nicht latent angelegt waren).

Dennoch wird dieser Ansatz auch im molekularen Bereich verfolgt. ZIMMER berichtet vom Beispiel der V-ATPase (Abb. 1), einer speziellen, aus mehreren Molekülen zusam-

Abb. 1 V-ATPasen sind aus mehreren Untereinheiten aufgebaut. Sie kommen zum Beispiel in Vakuolen von Pflanzen- und Hefepilz-Zellen vor und bauen einen Protonengradienten unter Spaltung von ATP auf, wodurch sie dessen pH-Wert steuern. Der entstandene Protonengradient wird zum Im- und Export anderer Moleküle genutzt. Der V_0 -Komplex bildet den Kanal, der V_1 -Komplex ragt ins Zellplasma. (Wikipedia, CC BY-SA 3.0)



mengesetzten Protonenpumpe, die Ionen durch Zellmembranen schleust. Zur V-ATPase gehört ein Ring aus sechs Proteinen, der bei Hefen aus drei verschiedenen Proteinen besteht (vier Vma3- und je ein Vma11- und Vma16-Protein). Bei Tieren enthält der Sechsering dagegen nur *zwei* verschiedene Proteine (fünf Vma3- und ein Vma16-Protein). Diese Unterschiede werden evolutionstheoretisch darauf zurückgeführt, dass sich früh in der Evolution der Pilze eine Genverdoppelung ereignete. Eines der beiden Gene wurde später zum Gen für das Vma11-Protein. Man könnte die V-ATPase der Pilze als komplexer betrachten, weil sie aus *drei* verschiedenen Vma-Proteinvarianten besteht. Der Weg dahin – ausgehend von zwei Varianten – kann modellhaft als selektionsfrei dargestellt werden, was das Modell einer selektionsfreien Zunahme von Komplexität stützen würde. Aber abgesehen davon, dass die Komplexitätszunahme sehr geringfügig ist, wird sie damit erkaufte, dass zwei der drei V-ATPase-Proteine der Pilze nicht so vielseitig verknüpfbar sind wie die entsprechenden Proteine der Pumpe bei den Tieren. Insgesamt kann daher kaum von einer Komplexitätszunahme die Rede sein.

Fazit

Gemessen am Erklärungsziel einer Komplexitätszunahme *mit neuer Struktur und Funktion* von Organen, Stoffwechselkaskaden oder molekularen Maschinen sind die im Artikel von ZIMMER erwähnten Beispiele in keiner Weise beweiskräftig. Geringfügige, z. T. nur hypothetische Änderungen oder regelrechte Missbildungen können nicht als Rohmaterial für evolutionäre Neuheiten interpretiert werden. Eine nicht mehr ganz so neue Idee, die anhand der gewählten Beispiele nicht überzeugend präsentiert wird, wird hier mit umfangreichen Hoffnungen verknüpft. Ob diese sich zukünftig erfüllen werden, wird sich zeigen müssen.

Literatur

- CABEJ N (2013) Building the most complex structures on earth. An epigenetic narrative of development and evolution of animals. Amsterdam: Elsevier.
- ULLRICH H, WINKLER N & JUNKER R (2006) Zankapfel Auge. Ein Paradebeispiel für „Intelligent Design“ in der Kritik. Stud. Integr. J. 13, 3–14.
- ZIMMER C (2014) Evolution ohne Selektion. Spektr. Wiss., Mai 2014, 26–31.

„Brauchen wir eine neue Evolutionstheorie?“

Unter der Fragestellung „Does evolutionary theory need a rethink?“ erschien Anfang Oktober in der Wissenschaftszeitschrift *Nature* ein Pro und Contra zweier Gruppen von Wissenschaftlern. Ende November wurde eine deutsche Übersetzung veröffentlicht.¹ Die Auseinandersetzung zeigt, dass es nicht die eine, alles erklärende Evolutionstheorie gibt, sondern eine Vielzahl von theoretischen Ansätzen, die zum Teil miteinander konkurrieren oder gar einander ausschließen. Manche Ansätze laufen darauf hinaus, dass eine Zielorientierung angenommen werden muss. Das erinnert an den Design-Ansatz, doch die Quellen für Zielsetzungen werden in den Lebewesen gesucht, während ein willensbegabter geistiger Urheber tabu ist.

Reinhard Junker

Als im Jahr 1959 das hundertjährige Jubiläum von Charles DARWINS Evolutionstheorie gefeiert wurde, galten die wesentlichen Fragen der Evolutionsforschung als geklärt. Dazu gehörte auch der auf DARWIN zurückgehende Mechanismus von Variation und Selektion (natürliche Auslese), der als rein natürlicher Prozess verstanden wird und gleichsam naturgesetzmäßig verlaufen soll. Die Variationen innerhalb von Arten entstehen demnach durch Mutationen, das sind Änderungen des Erbguts, die richtungslos in Bezug auf

potentielle Ziele verlaufen (und in diesem Sinne zufällig sind). Die durch Mutationen entstandenen Varianten bilden das Rohmaterial, das der Selektion zur Verfügung steht. Bei Überproduktion der Nachkommen gelangt tendenziell nur der bestangepasste Teil selbst zur Fortpflanzung und kann seine Merkmalsausprägungen an die nächste Generation weitergeben. Dieses Wechselspiel von Zufallsvariation (Mutation) und Auslese (Selektion) soll im Laufe großer Zeiträume dafür sorgen, dass Arten sich nicht nur