

Untersuchungen zu experimenteller Evolution

Welche Änderungen treten im Erbgut auf, wenn Organismen sich an neue Bedingungen anpassen? Zu diesem als Adaption bezeichneten Vorgang liegen zahlreiche Untersuchungen vor. Der Biochemiker Michael BEHE hat eine größere Anzahl solcher Studien gesichtet und in verschiedene Rubriken genetischer Änderungen eingeteilt: Gewinn, Modifikation und Verlust – mit etwas überraschendem Ergebnis.

Juri van Dam

Einleitung

Im Dezember 2010 erschien in der Zeitschrift *Quarterly Review of Biology* eine umfassende Literaturübersicht von Michael J. BEHE über experimentelle Evolution unter dem Titel „Experimental evolution, loss-of-function mutations, and the first rule of adaptive evolution“ (Experimentelle Evolution, Funktionsverlust-Mutationen und die erste Regel der adaptiven Evolution). Diese Arbeit hat eine heftige Diskussion entfacht und wurde von Freund und Feind als bedeutender Beitrag und als ein gründliches Stück Arbeit gewürdigt. BEHEs Überblicksarbeit soll einen Beitrag zum Verständnis der genetischen Basis von evolutionären Adaptionen (Anpassungen) liefern, die in Laborexperimenten erzeugt wurden. In diesem Artikel soll ein kurzer Überblick über BEHEs Arbeit und über die dadurch ausgelöste Diskussion erfolgen.

Michael BEHE, Jahrgang 1952, arbeitet als Professor für Biochemie an der Lehigh Universität, einer privaten Forschungsuniversität in Pennsylvania (USA). Er gilt als Vertreter des „Intelligent Design“ und hat das Konzept der nichtreduzierbaren Komplexität in seinem berühmten Buch „Darwins Black Box“ (1996) bekannt gemacht. BEHE ist außerdem Senior Fellow am Center for Science & Culture (CSC) des Discovery Instituts (www.discovery.org).

Die Zeitschrift *Quarterly Review of Biology* (QRB) ist seit 1926 eine führende Review-Fachzeitschrift (Zeitschrift mit Überblicksartikeln) und veröffentlicht Artikel auf allen Gebieten der Biologie, mit traditionellem Schwerpunkt auf Evolution, Ökologie und Biochemie. QRB bringt aber nicht nur Zusammenfassungen einer

Thematik, sondern stellt auch wichtige neuere Ideen, Konzepte und Synthesen vor.

Zusammenfassung von Behes Artikel

BEHEs Review über die Literatur zum Thema experimentelle Evolution umfasst 27 Seiten und beinhaltet 90 Referenzen. Mit seiner Darstellung will er einen Überblick über evolutionäre Veränderungen geben, die in den vergangenen 40 Jahren an Mikroben in Laborexperimenten beschrieben wurden. Über eine bloße Zusammenfassung verschiedener Adaptionen hinaus geht er der Frage nach, was über die *genetische Basis* der beschriebenen Veränderungen bekannt ist. Diese Veränderungen teilt er in verschiedene Kategorien ein und quantifiziert sie, um daraus Schlussfolgerungen für die genetische Basis von Adaption zu ziehen.

Ausgangspunkt für BEHEs Analyse sind drei umfangreiche Überblicksartikel. Der erste, *Evolution experiments with microorganisms: the dynamics and genetic bases of adaptation*¹, stammt von ELENA & LENSKI. Er wurde 2003 in *Nature Reviews Genetics* veröffentlicht und diskutiert Literatur zu experimenteller Evolution. Besonderes Augenmerk liegt hier auf der genetischen Basis für Adaptionen. Die beiden anderen verwendeten Reviews sind das Buchkapitel *Evolution of new*

1 übersetzt: Evolutionsexperimente mit Mikroorganismen: die Dynamik und genetische Basis von Anpassung.

2 Evolution neuer Stoffwechselfunktionen in Labororganismen.

3 Mikroorganismen als Modellsysteme für die Untersuchung von Evolution.

*metabolic functions in laboratory organisms*² von B. G. HALL (1983) in dem Buch *Evolution of Genes and Proteins* sowie das Buch *Microorganisms as Model System for Studying Evolution*³ von R. P. MORTLOCK (1984). Der Fokus dieser Artikel liegt auf den evolutionären Veränderungen, die bei Mikroorganismen, meistens Bakterien, beobachtet wurden. Bakterien sind in vielerlei Hinsicht ideale Organismen zum Studium von Evolution, unter anderem aufgrund der einfachen Handhabung und Manipulierbarkeit sowie der Fähigkeit, sich besonders schnell zu vermehren. Bakterien sind vielzelligen Lebensformen außerdem ähnlicher als Viren, weil sie im Gegensatz zu letzteren echte Lebewesen mit zahlreichen komplexen Stoffwechselwegen sind. Bei vielen evolutionären Änderungen werden hunderte oder tausende Generationen von Zwischenformen vorausgesetzt. Mit einer vergleichsweise niedrigen Reproduktionsrate wie beispielsweise bei Mäusen oder anderen Säugetieren würde es Tausende von Jahren dauern, um evolutionäre Veränderungen direkt im Labor untersuchen zu können. Dagegen können – und konnten bisher – tausend Generationen von Bakterien über einen Zeitraum von lediglich einigen Monaten produziert werden. Aufgrund all dieser Faktoren kann man hohe Erwartungen in gründliche Laboruntersuchungen mit Bakterien stecken.

BEHE wollte in erster Linie untersuchen, welche Art von genetischer Veränderung in den letzten 40 Jahren in Laborexperimenten mit Mikroben beobachtet wurde. Hauptaugenmerk lag auf den kodierenden Sequenzen der DNA (oder RNA im Fall von einigen Viren), die er als „funktionale kodierte Elemente („*Functional Coded elements*“, FCT) bezeichnete. Als FCT bezog er nicht nur Gene ein, sondern auch Promotoren*, Verstärker*, Isolatoren*, Shine-Dalgarno-Sequenzen* und alles andere, was als spezielle Nukleotidsequenz mit irgendeiner Art von Funktion betrachtet werden kann. BEHE wollte wissen, ob die in evolutionären Studien gefundenen Adaptionen 1) das Resultat von Mutationen sind, die *neue* genetische Elemente oder *neue* Funktionen für bereits existierende genetische Elemente erzeugt haben, oder 2) eine *Modifikation* von bereits existierenden Funktionen, oder 3) der *Verlust* einer Funktion von genetischen Elementen oder der genetischen Elemente selbst. Entsprechend versuchte BEHE, alle beschriebenen evolutionären Adaptionen hinsichtlich Gewinn (G), Modifikation (M), Verlust (V) oder einer Kombination davon zu klassifizieren. Ein Funktionsverlust ist beispielsweise eine Mutation, die ein regulatorisches Element wie z. B. einen Promotor abschaltet, was

Kompakt

Im Dezember 2010 erschien in der Zeitschrift *Quarterly Review of Biology* eine umfassende Literaturübersicht von Michael J. BEHE über experimentelle Evolution. Seine Arbeit soll einen Beitrag zum Verständnis der genetischen Basis von evolutionären Adaptionen (Anpassungen) liefern, die in Laborexperimenten erzeugt wurden. BEHE untersuchte vor allem, welche Art von genetischer Veränderung in den letzten 40 Jahren in Laborexperimenten mit Mikroben beobachtet wurde, und unterteilt dazu die Ergebnisse der zugrundegelegten Studien in „Gewinn“, „Modifikation“ und „Verlust“ funktionaler kodierter Elemente („FCT“). FCTs können dabei nicht nur Gene, sondern auch verschiedene Arten von Steuerungselementen sein, die eine Funktion ausüben. Bei der Mehrheit der Studien wurden Bakterien als Testorganismen verwendet, aber auch Veränderungen an Viren wurden berücksichtigt. Unter den 50 Studien, in denen genetische Veränderungen klassifiziert werden konnten, konnten die Adaptionen in 12 Fällen auf einen Verlust eines kodierenden Elements zurückgeführt werden; 34 mal waren die Adaptionen Ergebnis von Modifikation einer bestehenden Funktion und nur in 4 Studien konnten die Adaptionen als Funktionsgewinn eingestuft werden, drei davon waren Studien mit Viren. Die Gewinn-Adaptionen werden näher beschrieben und in Bezug auf ihr evolutionäres Potential bewertet.

BEHEs Artikel löste einige kontroverse Diskussionen aus. Der Wert und die Qualität von BEHEs Arbeit wurden dabei kaum bestritten, doch über ihre Aussagekraft in Bezug auf Evolution gehen die Bewertungen auseinander. Die wichtigsten Argumente dazu werden wiedergegeben und kommentiert.

zu einem Verlust von Translation oder zu einer (unkontrollierten) Dauer-Expression eines Gens führt. Ein Beispiel für Funktionsmodifikation ist eine Mutation in einem regulatorischen Bereich, die zu veränderter Expression eines Gens führt, die Regulationsfunktion jedoch beibehält. Eine Genduplikation (Verdopplung ohne Funktionsänderung des duplizierten Gens) wird ebenfalls als Modifikation betrachtet. Als Funktionsgewinn werden z. B. Mutationen bezeichnet, die die Konstruktion eines neuen Promotors, einer neuen Spleißstelle oder einer neuen katalytischen Stelle für ein Enzym bewirken. (Spleißen ist das Ausschneiden von Introns aus der mRNA, das kann an verschiedenen Stellen erfolgen.)

Für die Klassifikation der Adaptionen erstellte BEHE zuerst eine Liste aller in den drei Reviews beschriebenen Experimente. Diese Experimente stammen aus (mindestens) 57 Publikationen. Daraufhin bestimmte er die genetische Basis der Adaptionen und klassifizierte diese in Gewinn, Modifikation oder Verlust von FCT. Die Ergebnisse sind in Tab. 1 zusammengefasst.

Bei der Mehrheit der Studien wurden Bakterien als Testorganismen verwendet. Ein typischer Versuchsaufbau war das Wachstum eines Bakterienstammes, der durch Fehlen der normalen Nahrungsquelle gezwungen wurde, eine neue Art von Nahrung zu nutzen. 16 Publikationen beschreiben evolutionäre Experimente mit Viren oder Bakteriophagen (Viren, die Bakterien infizieren). In vielen dieser Studien wurden Viren gezwungen, sich an eine neue Umgebung oder einen neuen Wirt anzupassen.

Sieben Studien konnten nicht G, M oder V zugeordnet werden, entweder weil nicht ausreichend Datenmaterial vorlag oder weil die genetischen Veränderungen neutral waren (in zwei der sieben Fälle). Unter den 50 Studien, in denen genetische Veränderungen klassifiziert werden konnten, fand BEHE 12 Studien, bei denen die Adaptionen ausschließlich das Ergebnis des Verlusts eines kodierenden Elements waren. In 34 Studien waren die Adaptionen Ergebnis von Modifikation einer bestehenden Funktion. Unter diesen 34 Studien waren 5 Studien mit Adaptionen Ergebnis sowohl von Modifikation als auch Verlust von FCT. In 4 Studien konnten die Adaptionen als Funktionsgewinn eingestuft werden, drei davon waren Studien mit Viren. Daher scheint es, dass die evolutionären Adaptionen in Laborexperimenten hauptsächlich das Resultat von Modifikation und Funktionsverlust von genetischen Elementen sind.

Beispiele von Funktionsgewinn

Von besonderem Interesse sind diejenigen adaptiven Veränderungen, die BEHE als *Funktionsgewinn* klassifiziert hat. Was weiß man genauer über diese Änderungen? In einem Experiment mit Bakterien wurde ein *E. coli*-Stamm gezwungen, auf D-Arabinose zu wachsen (eine Zuckerverbindung, ein Monosacharid mit 5 Kohlenstoffatomen). Normalerweise benötigt das Bakterium L-Arabinose als Substrat, aber in diesen Experimenten musste es die Fähigkeit entwickeln, das D-Isomer (die spiegelbildliche Form) zu nutzen, um zu überleben. Die Bakterien bewältigten diese Herausforderung entweder durch eine Dauer-Expression von Genen, die am Aufschluss von L-Fucose beteiligt sind (einem Zucker mit 6 Kohlenstoffatomen) oder durch Mutationen, die die Empfindlichkeit der Regulatorproteine erhöhten, die die Expression dieser Gene kon-

Tab. 1 Überblick über die Ergebnisse der Analyse von BEHE. G Gewinn, M Modifikation, V Verlust.

Untersuchter Organismus	Art der Adaption	Anzahl der ausgewerteten Studien	Art der Experimente und Ergebnisse
Bakterien (+1 Studie über Hefe)	G	0	Wachstum von Bakterien in Gegenwart neuer Nährstoffe / Substanzen führte zu Punktmutationen oder Änderungen der Kopiezahl von Genen. Genetische Veränderungen während Langzeitkulturen von <i>E. coli</i> .
	M	21	
	V	12	
	V + M	1	Bakterienwachstum auf Medium mit einem bestimmten Nährstoff nach Verlust des Gens, das zu dessen Verarbeitung benötigt wird. Mutation eines anderen Enzyms und Zerstörung eines Repressors erleichtern die Nutzung des Nährstoffs.
	V + G	1	Wachstum von <i>E. coli</i> auf einem neuen Zucker; Mutationen im Gen eines Enzym, das für einen anderen Zucker benutzt wird und in dessen regulatorischer Region.
	M + G	0	
	neutrale + unbekannte Mutationen	2	Genetische Veränderungen während der Langzeitkultur von <i>E. coli</i> .
	unbekannt	4	
<i>Insgesamt</i>		41	
Viren	G	2	Modifikation des Viren-Genoms (Deletionen, Verluste), um zu sehen, ob die ursprüngliche Funktion wieder hergestellt wird. Deletionen wurden kompensiert und in beträchtlichem Maß wieder hergestellt.
	M	9	Viren mussten sich an neue Umgebungen oder neue Wirte anpassen.
	V	0	
	V + M	3	Absichtliche Modifikation des Viren-Genoms oder Entfernung eines Teils des Genoms, um ein wichtiges FCT zu zerstören. Damit sollte untersucht werden, ob die ursprüngliche Funktion wieder hergestellt wird; Bakteriophagen wurden durch Populations-Engpässe getrieben.
	V + G	0	
	V + M + G	1	Zwei genetisch modifizierte Bakteriophagen wurden dazu gezwungen, voneinander abhängig zu sein. Zwei Phagen evolvierten eine Integration ihrer Genome in einer einzigen Proteinhülle.
	neutrale Mutationen	0	
	unbekannt	1	Der Bakteriophage wurde genetischer Drift unterworfen im Anschluss an mehrere Populations-Engpässe.
<i>Insgesamt</i>		16	

trollierten. Die neue und veränderte Affinität des Regulatorproteins war richtigerweise als Funktionsgewinn klassifiziert worden; es handelt sich dabei aber um eine geringfügige Änderung, weil keine neuen Enzyme oder gar Signalwege entstanden waren. Selbstverständlich sollte man keine große oder komplizierte Veränderung erwarten, wenn auch eine einfache Veränderung den Zweck erfüllt.

Die Experimente, bei denen Viren einen Funktionsgewinn gezeigt hatten, waren mit gentechnisch veränderten Viren durchgeführt worden. Hier waren die beobachteten adaptiven Veränderungen dramatischer. In einer Experimentserie wurde die Funktion von 19 essentiellen Nukleotiden, die zerstört worden waren, aus dem Genom eines Bakteriophagen wiederhergestellt (vgl. OLSTHOORN & VAN DUIN 1996). Dafür war allerdings eine ungeheure Anzahl an Bakteriophagen gebraucht worden. Die Wahrscheinlichkeit für die Wiederherstellung war auf 10^{-10} oder noch kleiner geschätzt worden. Weil Bakteriophagen in ungeheurer großer Anzahl vorkommen, ist es nicht unwahrscheinlich, dass sich ähnliche Ereignisse auch in der Natur abspielen. In einer anderen Studie brachten SACHS & BULL (2005) von der Universität Texas zwei entfernt verwandte Bakteriophagen (55% der Nukleotide identisch und 10 homologe Gene) dazu, das gleiche Bakterium zu befallen und darin sich zu vermehren, was normalerweise nicht geschieht. In diesem intelligenten Experiment versuchten sie eine Situation nachzuahmen, die in der Natur oft vorkommt, nämlich eine Situation von Konflikt und notwendiger Zusammenarbeit. Durch den Versuchsaufbau wurde sichergestellt, dass zu bestimmten Stadien des Experiments Kooperation zwischen den Phagen erforderlich war, während sie zu anderen Zeiten konkurrieren mussten. Innerhalb von 50 Zyklen von „Infektion, Wachstum unter Selektionsdruck und Reproduktion“ entwickelten die Bakteriophagen eine symbiontische Beziehung. Die Genome beider Bakteriophagen waren in die gleiche Proteinhülle zusammengepackt worden und schließlich hatte einer der Bakteriophagen den Großteil seiner Gene verloren. Das sind deutliche Veränderungen mit einer *de novo*-Entwicklung einer symbiontischen Beziehung. Eine extrem große Anzahl von Bakteriophagen war in diesem Prozess allerdings nicht erfolgreich.

BEHE „Regel für adaptive Evolution“: „Trenne dich von jedem FCT, dessen Verlust einen Nettofitnessgewinn bedeutet.“

Aufgrund der Analyse all dieser Experimente kommt BEHE zum Schluss, dass die adaptive Ent-

Einige Beispiele von FCTs

Enhancer: Ein kurzer Abschnitt der DNA, an dem Proteine binden können, so dass die Transkription (Ablesen der Gen-Information) verstärkt wird.

Insulator (auch „Grenzelement“): DNA-Sequenz, die Bereiche der Genexpression (Verwenden der genetischen Information) definiert, indem sie verschiedene genetische Kontrollelemente wie → Enhancer und → Promotor voneinander abgrenzen und damit isolieren. Insulatoren können beispielsweise Transkriptionsfaktoren daran hindern, die Gene zu aktivieren, die upstream liegen, so dass diese nur in der Lage sind, downstream zu wirken. (Nach Wikipedia)

Intron/Exon-Spleißstelle: Eine bestimmte Nukleotidsequenz innerhalb eines Gens, die bestimmt, welcher Teil der codierenden Sequenz durch RNA-Spleißen entfernt wird, wenn das endgültige RNA-Produkt eines Gens erzeugt wird.

miRNA-Gen: Kurzes RNA-Molekül (aus durchschnittlich 22 Nukleotiden) in eukaryotischen Zellen, das Regulationsfunktionen nach der Transkription hat.

Promotor: Eine Regulations-Region der DNA, die gewöhnlich vor einem Gen liegt

und eine Art Kontrollstelle für die Transkription des Gens darstellt.

Proteincodierende Sequenzen: Abfolgen von Aminosäuren, die als Signale fungieren, um ein Protein einer spezifischen Bestimmung in der Zelle zuzuführen oder die ein Signal für die Modifikation der RNA nach der Translation beinhalten.

Shine-Dalgarno-Sequenz: Eine ribosomale Bindungsstelle in der mRNA, die hilft, das Ribosom zur mRNA zu schaffen und die Proteinsynthese durch Verbindung mit dem Start-Codon zu starten.

tRNA-Gen: tRNAs = Transfer-RNAs sind kurze Ribonukleinsäuren (RNA) mit einer Länge von in der Regel 73 bis 95 Nukleotiden. Sie vermitteln bei der Translation (Übersetzung der mRNA in Proteine) die richtige Aminosäure zum entsprechenden Codon auf der mRNA.

Translations-Signal: Eine DNA-Sequenz, die von den DNA-Polymerasen erkannt wird, wodurch die Transkription gestartet wird.

Translation-Terminations-Signal: Eine DNA-Sequenz, die von den DNA-Polymerasen erkannt wird, wodurch die Transkription gestoppt wird.

wicklung einer neuartig kodierten Funktion ein sehr seltenes Ereignis ist, besonders in komplexen Organismen wie Bakterien (das einzige Beispiel wurde oben beschrieben). Er formulierte folgende Regel für adaptive Evolution: „Trenne dich von jedem FCT, dessen Verlust einen Nettofitnessgewinn bedeutet.“ In anderen Worten: Der wahrscheinlichste Weg eines Fitnessgewinns für einen Organismus ist die Zerstörung oder Modifikation seiner kodierenden Elemente. Anders ausgedrückt: Die Natur wird zu keiner komplizierten Lösung kommen, wenn es auch einfach geht. Möglicherweise wird die Natur zu überhaupt keiner komplizierten Lösung (Neuerung) kommen, wenn sie nur vom Zufall abhängt.

Laborevolution und Evolution im „wirklichen Leben“

Aber wie stehen diese Laborergebnisse im Verhältnis zur realen Welt? Gibt es Beispiele in der Natur, die mit diesen sorgfältig konstruierten, aber künstlichen Experimenten verglichen werden können? BEHE behauptet, dass es solche Beispiele gibt und verweist auf den Protozoen *Plasmodium falciparum*, den Krankheitserreger von Malaria. Die Menschheit hat seit Tausenden von Jahren mit diesem Parasiten gekämpft, und die Ergebnisse dieses Kampfes hinsichtlich evo-

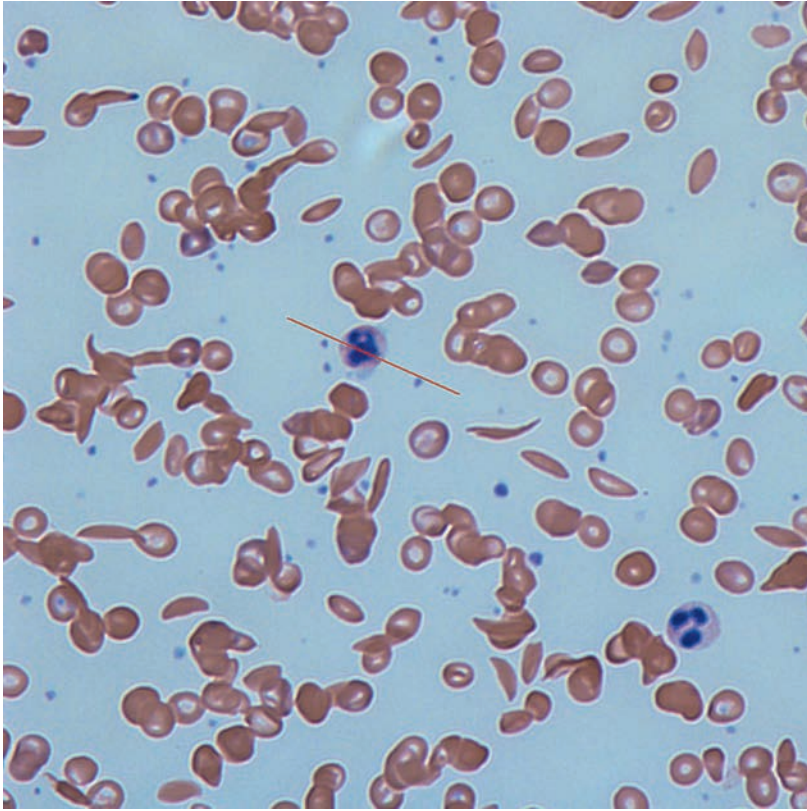


Abb. 1 Blut mit einigen Sichelzellen-Blutkörperchen (z.B. in der Bildmitte). Der Sichelform liegt nach BEHEs Definition eine Gewinn-Mutation eines FCT zugrunde, weil die Fähigkeit des Hämoglobins zur Verklumpung als neue Funktion angesehen werden kann. Diese Fähigkeit ist allerdings bei Homozygotie für den Träger tödlich. (Bild: Dr. Graham BEARDS, Wikimedia Commons)

lutionärer Adaptionen (bei Menschen) sind gut bekannt. Der momentane Wissensstand lässt eine Einordnung der Mutationen bei menschlichen Populationen als Ergebnis von selektivem Druck in gleicher Weise wie bei den Laborexperimenten zu. Interessanterweise bleibt das allgemeine Bild das gleiche. Acht verschiedene Arten von genetischer Veränderung sind bei Malariaresistenz beobachtet worden. Fünf dieser Veränderungen sind das Resultat von Verlust von FCT, zwei Veränderungen sind das Resultat einer Modifikation und eine ist das Resultat eines Funktionsgewinns. Die einzige Mutation mit Funktionsgewinn ist die Bildung des Sichelzellen-Merkmals: Dieses Merkmal ist das Ergebnis eines Austausches einer einzigen Aminosäure an Position 6 der Beta-Globin-Kette des Hämoglobins – ein Wechsel von Glutaminsäure zu Valin. Der Austausch erzeugt eine neue Proteinbindungsstelle, die zu einer Verklumpung des Hämoglobins führt. Das hemmt die Malaria Parasiten derart, dass sie keine richtige Krankheit auslösen. Allerdings reduziert die Mutation die Verbreitung der Parasiten nicht, weil die Gametozyten des Parasiten dennoch gebildet werden; ihre Vermehrung wird vielleicht sogar noch gefördert. BEHE hat diese Mutation als Funktionsgewinn klassifiziert, weil die Fähigkeit des Hämoglobins zur Verklumpung als neue Funktion angesehen werden kann.

Dieser Gewinn hat allerdings einen schwerwiegenden Nebeneffekt: Menschen, die diese Mutation homozygot tragen, leiden an todbringender Sichelzellenanämie. Die Malariaresistenz wird mit einem bitteren Preis bezahlt. Diese Erkenntnis ist nicht neu. Adaptionen haben

oft ihren Preis, und die für den Menschen zerstörerische Reaktion auf Malaria zeigt, wie schwierig es für komplexe Organismen ist, kodierende Sequenzen der DNA zu entwickeln, die etwas hinzufügen, das zugleich neuartig und ausschließlich nützlich ist. Es ist zudem klar, dass diese geringfügige Änderung (eine einzige Mutation) unbedeutend im Vergleich zum Umfang an Veränderungen ist, die für die Erklärung von makroevolutiven Prozessen nötig wären. Wenn aber vorteilhafte Veränderungen so schwer erreichbar zu sein scheinen, stellt sich die Frage, wie die unglaublich komplexen und aufeinander abgestimmten genetischen Programme von Lebewesen überhaupt entstanden sind.

Reaktionen

Auch andere Forscher hätten der Frage nachgehen können, der sich BEHE im Artikel in QRB gewidmet hat; wenn aber ein bekannter Verfechter von „Intelligent Design“ Daten präsentiert, die die Frage nach der Entstehung echter evolutionärer Neuheiten aufwerfen, werden seine Beweggründe kritisch hinterfragt, besonders dann, wenn der Beitrag in einer angesehenen wissenschaftlichen Zeitschrift veröffentlicht werden konnte. Verständlicherweise hat BEHEs Beitrag viele Diskussionen ausgelöst. Auf die Reaktionen von zwei Wissenschaftlern soll abschließend eingegangen werden, nämlich auf die Stellungnahmen von Professor James J. BULL von der Universität Texas und Professor Jerry COYNE von der Universität Chicago. Beide sind Experten auf dem Gebiet der Evolutionsbiologie. Ihre Stellungnahmen sind auf Jerry COYNES Blog zu finden (Link s. u.). James BULL schrieb: „Meiner Ansicht nach ist Michael Behes Beitrag der Erforschung von Evolution dienlich, denn er hat aufgezeigt, in welche Richtung die nächste Generation von Experimenten gehen soll. Es liegen bisher noch nicht viele Studien zur Langzeitevolution von Neuheiten bei Proteinen vor (um dabei extreme Änderungen zu erreichen), und bei den Experimenten wurde gewöhnlich extrem starke Selektion eingesetzt. Lösungen dieser Probleme gibt es bisher lediglich nur deshalb nicht, weil wir einfach noch nicht genügend daran gearbeitet haben. Tatsächlich gibt es immer noch Vieles, was wir zuerst über den anscheinend alltäglichen Prozess von Evolution durch Punktmutation in den einfachsten Umgebungen verstehen müssen. ... Was mich überrascht, ist, dass irgendjemand dieses Fehlen von Neuheiten bei experimentellen Evolutionsstudien überraschend findet, in Anbetracht dessen, was wir einerseits über Evolution und andererseits über die Natur von Experimenten wissen.“ Obwohl James BULL Michael BEHE gegenüber fair auftritt,

scheint er sich doch selbst zu widersprechen. Wenn das Fehlen von Neuheiten bei experimentellen Evolutionsstudien nicht überraschend ist (in Anbetracht dessen, was wir über Evolution und über die Natur von Experimenten wissen), warum hat BEHE dann der Erforschung von Evolution einen guten Dienst erwiesen, indem er aufgezeigt hat, worauf der Fokus von zukünftigen Experimenten liegen soll?

Die Stellungnahme von Jerry COYNE ist schärfer. Er stellt fest, dass BEHES Schlussfolgerungen nur für die Laborexperimente zutreffen und kaum etwas über Evolution in der Realität aussagen: „Während Behes Studie eine nützliche Zusammenfassung darüber ist, wie adaptive Evolution kurzzeitig bei Bakterien und Viren im Labor funktioniert hat, ist sie weit weniger nützlich hinsichtlich der Frage, wie Evolution über einen längeren Zeitraum bei Bakterien und Viren in der Natur geschehen ist – oder bei Eukaryoten. In diesem Sinne sagt die Studie nichts darüber aus, ob neue Gene und Genfunktionen für die Evolution des Lebens wichtig waren. Zugegeben, Behe stellt eine so weitreichende Behauptung nicht auf – sein Artikel wäre nicht veröffentlicht worden, wenn er es getan hätte –, aber es besteht kein Zweifel, dass seine Intelligent Design-Gefolgsleute den Artikel in dieser Weise verwenden werden. ... Letztendlich liefert dieser Artikel den ID-Verfechtern keinen Grund sich zu brüsten, dass ein begutachteter Artikel, der Intelligent Design unterstützt, schließlich in der wissenschaftlichen Literatur erschienen ist. Der Artikel sagt absolut nichts – null Komma nichts – was irgendein Argument der ID-Theorie unterstützt.“

Viele Argumente der Kritiker werden in BEHES Artikel behandelt.

Die beiden Professoren BULL und COYNE bestreiten also im Prinzip die Relevanz der Ergebnisse von 40 Jahren experimenteller Evolutionsstudien für die realen Verhältnisse in der Natur. Dann aber fragt man sich, warum solche Experimente überhaupt gemacht werden. Viele Argumente, die die Kritiker vorbringen, wurden zudem bereits von BEHE in seinem Artikel behandelt, nämlich der begrenzte zeitliche Rahmen, die vergleichsweise geringe Anzahl der Labororganismen im Vergleich zur immensen Vielfalt von Lebensformen und die vielen Unterschiede zwischen künstlichen Versuchsaufbauten und den komplexen Umgebungen im realen Leben. Wahrscheinlich haben BULL und COYNE durchaus Recht damit, dass die Mehrheit der Laborexperimente zu einfach und zu künstlich sind. Man kann kaum Veränderungen in makroevolutivem Ausmaß erwarten, wenn geringe Veränderungen für die Adaption ausreichend

sind. Dennoch zeigen diese Experimente, dass viele Adaptionen relativ wenige genetische Veränderungen erfordern (meistens nur Modifikation und Funktionsverlust). Und es kam nichts auch nur in die Nähe dessen, was man als makroevolutionäre Veränderung hätte klassifizieren können. Lediglich die Veränderungen an Bakteriophagen sind relativ weitreichend; sie können aber nicht ohne weiteres auf Bakterien oder Eukaryoten übertragen werden.

Weil die primäre Zielsetzung dieser Experimente nicht in der Erforschung von makroevolutiver Veränderung lag, können aus diesen Studien keine unmittelbaren Schlussfolgerungen über Makroevolution gezogen werden. In seinem Review war BEHE sehr sorgfältig, keine voreiligen Schlüsse zu ziehen, und er lässt wenig Raum für Kritik. Als Konsequenz daraus liefert die Diskussion von BULL und COYNE kaum neue Einsichten. Warum wird einem Artikel dennoch so viel Aufmerksamkeit gewidmet, wenn er weder Falsches noch grundsätzlich Neues behauptet? Es könnte daran liegen, dass 40 Jahre Experimente über die genetischen Grundlagen adaptiver Evolution keine nennenswerten Einblicke in die Mechanismen makroevolutiver Veränderung erbracht haben. Für Evolutionsbiologen bleibt natürlich die Hoffnung, dass die nächsten 40 Jahre Studien auf dem Gebiet der experimentellen Evolution Erkenntnisse hervorbringen werden, die ein besseres Verständnis von Evolution in der realen Welt ermöglichen werden.

Literatur

- BEHE M (2010) Experimental evolution, loss-of function mutations, and „The First Rule of Adaptive Evolution“. *Quart. Rev. Biol.* 85, 419–445.
- ELENA SF & LENSKI RL (2003) Evolution experiments with microorganisms: the dynamics and genetic bases of adaptation. *Nat. Rev. Genet.* 4, 457–469.
- OLSTHOORN RCL & VAN DUIN L (1996) Evolutionary reconstruction of a hairpin deleted from the genome of an RNA virus. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 93, 12256–12261.
- SACHS JL & BULL JJ (2005) Experimental evolution of conflict mediation between genomes. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 102, 350–355.
- HALL BG (1983) Evolution of new metabolic functions in laboratory organisms. In: NEI M, KOEHN K & SUNDERLAND MA (eds) *Evolution of Genes and Proteins*. Sinauer Associates; 1983, 234–257.
- MORTLOCK RP (1984) *Microorganisms as Model System for Studying Evolution*. Plenum Press. New York.
- COYNE J, Blog: <http://whyevolutionistrue.wordpress.com/2010/12/20/an-experimental-evolutionist-replies-to-behe/>; <http://whyevolutionistrue.wordpress.com/2010/12/12/behes-new-paper/>

Anschrift des Verfassers:

Juri van Dam, Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn,
juri.vandam@gmail.com