

grammen, die durch einige wenige „Schaltergene“ gesteuert werden. Ob diese Netzwerke flexibel genug sind, um beispielsweise die Entstehung bzw. das Auftreten von Beinen bei Landtieren aus Fischflossen zuzulassen, muß zukünftigen Forschungen überlassen werden.

Abschließend sei noch bemerkt, daß die *Evolution* (im Sinne von *Höherentwicklung*) von Panzerplatten der Beckenstacheln (d.h. ihre *erstmalige Entstehung* bei nicht gepanzerten bzw. bestachelten Stichlingsvorfahren) durch die obigen geschilderten Befunde nicht erklärt wird.

Niko Winkler

## Literatur

- CRESKO WA, AMORES A, WILSON C, MURPHY J, CURREY M, PHILLIPS P, BELL MA, KIMMEL CB & POSTLETHWAIT JH (2004) Parallel genetic basis for repeated evolution of armor loss in Alaskan threespine stickleback populations. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 101, 6050-6055.
- PENNISI E (2004) Changing a fish's bony armor in the wink of a gene. *Science* 304, 1736-1739.
- SHAPIRO MD, MARKS ME, PEICHEL CL, BLACKMAN BK, NERENG KS, JONSSON B, SCHLUTER D & KINGSLEY DM (2004) Genetic and developmental basis of evolutionary pelvic reduction in threespine sticklebacks. *Nature* 428, 717-723.
- COLOSIMO PF, PEICHEL CL, NERENG K, BLACKMAN BK, SHAPIRO MD, SCHLUTER D & KINGSLEY DM (2004) The Genetic Architecture of Parallel Armor Plate Reduction in Threespine Sticklebacks. *PLoS Biology* 2, 1-7.
- SHUBIN NH & DAHN RD (2004) Lost and found. *Nature* 428, 703-704.

## Evolution virtueller Lebewesen?

**Zusammenfassung:** LENSKI et al. (2003) untersuchten zufällige Änderungen an Computer-Programmen, um neue Erkenntnisse über biologische Evolutionsprozesse zu gewinnen. Insbesondere wollten sie demonstrieren, daß die Entstehung „komplexer“ Merkmale durch die bekannten Evolutionsfaktoren möglich sei. Eine kritische Analyse ihrer Vorgehensweise zeigt jedoch, daß der Ansatz zur Abbildung der behaupteten makroevolutiven Prozesse ungeeignet ist.

Die Frage, ob Mutation und Selektion von Buchstabenfolgen wie der DNA auf zufällige Weise zu neuen Informationen führen und von welcher Art die Ergebnisse sind, wurde auch auf anderen Gebieten als dem der Biologie untersucht. In neuerer Zeit werden häufig Computer verwendet, um Zeichenfolgen geringen Änderungen (Mutation) zu unterwerfen. Die so geänderten Zeichenfolgen werden anschließend bewertet, um sie nach vorgegebenen Selektionskriterien entweder zu eliminieren oder nicht; und die Ergebnisse nach vielen „Generationen“ werden zusammenfassend dargestellt.

Ein vielbeachteter Artikel zu diesem Thema erschien im Mai 2003 in der renommierten Zeitschrift *Nature*. Der Autor Richard E. LENSKI und seine Mitarbeiter stellten darin die Behauptung auf, daß die Entstehung „komplexer“ Merkmale von Organismen durch das von ihnen beschriebene technische Verfahren verdeutlicht werden könne. Robert PENNOCK, einer der Mitautoren, behauptet sogar, mit dieser Arbeit sei die Evolution eines irreduzibel komplexen Systems experimentell demonstriert worden (PENNOCK 2004, 141).

**Vorgehensweise.** An Stelle eines echten Organismus wurden *kleine Programme* verwendet, die sich selbständig vermehren können. Diese Programme

können aber nur „überleben“, wenn sie bestimmte Rechenaufgaben lösen, weil sie für jede richtige Lösung „Futterpunkte“ erhalten. An Stelle von molekularbiologischen Codons der DNA besteht das Genom der Programme aus *einfachen mathematischen Befehlen*, von denen es 26 verschiedene gibt. Durch eine Zusammensetzung solcher einfacher Befehle entstehen sogenannte *Boolesche Funktionen*. Diese erzeugen bei Eingabe von zwei Werten, die beide entweder 0 („nein“) oder 1 („ja“) sein können, wiederum eine 0 oder 1 als Ausgabe. Insgesamt gibt es nach Regeln der elementaren Algebra nur 16 Boolesche Funktionen mit unterschiedlicher Bedeutung wie etwa „und“ und „oder“. Die Länge der Befehlsfolgen ist jedoch nicht begrenzt. Somit kann jede der 16 Bedeutungen auf viele verschiedene Weisen dargestellt werden. Wenn man zur Verdeutlichung anstelle von Ausdrücken mit „und“ und „oder“ einmal Ausdrücke mit + und – betrachtet, kann man zum Beispiel die beiden Ausdrücke  $a+b$  und  $a+b+a-a$  miteinander vergleichen. Die beiden Ausdrücke sind zwar unterschiedlich lang, bedeuten aber genau das gleiche, da sich  $+a$  und  $-a$  im zweiten Ausdruck aufheben und so der Wert des ersten Ausdrucks übrig bleibt. Jede arithmetische Funktion mit  $a$  und  $b$  kann also auf mehrere, ja sogar beliebig viele Weisen dargestellt werden. Dabei bleibt die Funktion immer die gleiche, und nur die Länge der Darstellung ändert sich. Genau so gibt es auch für die 16 verschiedenen Booleschen Funktionen unendlich viele (beliebig lange) Darstellungen durch Befehlsfolgen.

Die Unterscheidung zwischen der *Darstellung* einer Funktion durch Befehlsfolgen und der *Funktion selbst* ist ein ganz wesentlicher Gesichtspunkt in der Programmierung; und sie ist ebenfalls wesentlich für die Molekularbiologie, da nicht

schon die Folge der Aminosäuren in einem Eiweiß (Syntax), sondern erst deren physiologischer Effekt (Semantik) eventuell einen Vorteil oder Nachteil für ein Lebewesen darstellt. Derselbe Effekt kann im Prinzip zudem von ganz unterschiedlichen Eiweißen erzielt werden, deren Aminosäuren-Folgen äußerlich keinerlei Ähnlichkeit erkennen lassen.

Zu Beginn der Experimente nach LENSKI et al. enthält jedes Genom 50 einfache Befehle, deren Abfolge noch keine solche Funktion darstellt, und außerdem 15 Codons, die für die Vervielfältigung des Genoms zuständig sind. Durch Änderungen im Genom eines solchen Programms entstehen nach einigen Generationen neue Folgen von elementaren Befehlen, die schließlich die beschriebenen Booleschen Funktionen ausdrücken können. Unter den 16 genannten Booleschen Funktionen wurden 9 von den Forschern für hinreichend wichtig gehalten, um ihre Entstehung zu belohnen. Wenn ein virtueller Organismus eine dieser 9 Funktionen richtig ausführen kann, bekommt er „Futterpunkte“ und überlebt so leichter als andere virtuelle Organismen, die das nicht können.

Die komplizierteste Funktion, die von LENSKI et al. durch diese „virtuelle Evolution“ erzeugt wird, entspricht in der üblichen Sprache der Aussagenlogik dem Ausdruck „*a und b oder nicht a und nicht b*“. Es handelt sich um die sogenannte Boolesche Äquivalenz-Funktion (Equ). Das System von LENSKI belohnt auch schon Teilergebnisse auf dem evolutiven „Weg“ zu einer Darstellung dieser Funktion durch einen selektiven Vorteil.

---

### Die Belohnung von Teilergebnissen kann nicht ohne Weiteres auf biologische Systeme übertragen werden.

---

**Kritik.** Bei kritischer Betrachtung muß zunächst am letztgenannten Punkt eingehakt werden: Die Belohnung von *Teilergebnissen* auf einem evolutiven Weg kann nicht ohne Weiteres auf lebende Systeme übertragen werden. Dieser Aspekt darf bei einem Vergleich zwischen virtuellen und realen Lebewesen keinesfalls außer acht gelassen werden.

Weiter muß man feststellen, daß die komplizierteste Funktion, die in dem beschriebenen System entstehen kann, kaum mit der Komplexität eines sehr einfachen Proteins zu vergleichen ist. Der Anspruch des Artikels von LENSKI ist aber, die Möglichkeit einer Evolution komplexer Strukturen zu zeigen, für die als Beispiel das Auge genannt wird. Das Entscheidende an solchen komplexen Strukturen ist, daß mehrere funktionelle Einheiten zusammenwirken und so eine kompliziertere Funktion ausführen können. Bei der in den Versuchen evolvierten Äquivalenzfunktion handelt es sich aber nur um eine *einzelne* einfache Funktion,

die mit keiner anderen Funktion interagiert. Wenn man also die Anzahl an zusammenwirkenden Teilstrukturen als Maß für die Komplexität einer Gesamtstruktur nimmt, wird der beschriebene Artikel seinem Anspruch, die Evolution komplexer Funktionen zu beschreiben, nicht gerecht.

Auch die Simulation der Entstehung komplizierterer Eiweiße ist mit diesem System unmöglich, da die Äquivalenz-Funktion schon die komplizierteste ist, die es (semantisch) überhaupt gibt. In dieser Mini-Welt bestehen zwar unendlich viele Möglichkeiten, die 9 verschiedenen Funktionen mit Bedeutung zu erzeugen, es können aber auch nur genau diese 9 Funktionen entstehen.

Auf eine biologischen Zelle übertragen würde das heißen, daß zwar sehr viele verschiedene Eiweiße entstehen können, diese Eiweiße aber alle nur eine von 9 einfachen Funktionen übernehmen können. Eine Mini-Welt mit so stark eingeschränkter Vielfalt an Funktionen kann aber sicher nicht als Nachbildung der überwältigenden Vielfalt in der Welt der Lebewesen betrachtet werden.

Eine weitere zentrale Vorgabe der virtuellen Organismen ist den natürlichen Bedingungen geradezu entgegengesetzt. So werden die Programme nicht nur für die Ausführung von Funktionen mit „Futterpunkten“ belohnt, sondern bekommen auch mehr davon, je größer ihr Genom ist. In der Natur ist es genau umgekehrt. Ein größeres Genom verbraucht mehr Energie, weil z.B. mehr Basen produziert werden müssen und das Kopieren bei der Zellteilung mehr Aufwand erfordert.

**Fazit.** Wir kommen zum Ergebnis, daß der Ansatz von LENSKI zwar insofern eine sehr gute Idee ist, als er die grundlegende Unterscheidung von Syntax und Semantik durch die Verwendung Boolescher Funktionen in die Ursprungs-Diskussion einbezieht, daß aber andererseits von „Komplexität“ der entstandenen Strukturen und Funktionen überhaupt keine Rede sein kann. Grundsätzlich bleibt auch hier das Problem offen, ob Makroevolution durch eine Aneinanderreihung von vielen mikroevolutiven Schritten entstehen kann. Eine Antwort auf die Frage nach der Möglichkeit von Makroevolution konnte mit dem beschriebenen Ansatz nicht gegeben werden.

*Eberhard Bertsch & Torsten Waldminghaus*

## Literatur

- LENSKI R, OFRIA C, PENNOCK RT & ADAMI C (2003) The evolutionary origin of complex features. *Nature* 423, 139-144.
- PENNOCK RT (2004) DNA by Design? Stephen Meyer and the Return of the God Hypothesis. In: DEMBSKI WA & RUSE M (eds) *Debating Design. From Darwin to DNA*. Cambridge, pp 130-148.