

Evolutionstheorien im Wandel: ein „wissenschaftstheoretischer Nachschlag“

Die Evolutionstheorie ist in Bewegung – dieses freundlich gehaltene Fazit könnte man aus den vorstehenden Beiträgen von Klaus NEUHAUS und Judith FEHRER ziehen. Einerseits zeigt sich eine Flexibilität der Evolutionstheorie, neue Erkenntnisse in ihren Theorierahmen einzubauen. Andererseits handeln beide Beiträge jedoch von unerwarteten Entwicklungen. Immerhin: Die „Evolutionäre Synthese“ war von einzelnen Kritikern (welche Makroevolution an sich nicht in Frage stellten) immer wieder aus verschiedenen Gründen als unzureichend zur Erklärung von Makroevolution herausgestellt worden (z. B. RIEDL 1975, LØVTRUP 1987, GUTMANN 1989, SCHMIDT 1990); die Mehrheit aber schien es anders zu sehen: es gebe keinen Grund, über die Synthetische Evolutionstheorie hinauszugehen – so formulieren es viele Lehrbuchautoren bis heute. Doch die Kritik will nicht verstummen und auch neuere Ansätze kränken letztlich an denselben Defiziten wie die alte „Synthese“ – so die Einschätzung von FEHRER (2000). Diese Situation entspricht nicht evolutionstheoretisch motivierten Erwartungen.

Geradezu sensationell angesichts früherer Auffassungen erscheinen die Vorstellungen, wonach das Leben nicht in Form einer ersten und einzigen Urzelle begonnen habe. Wenn heute diskutiert wird, daß Lebensformen in recht unterschiedlichen Formen mehrfach entstanden seien, so ist das evolutionstheoretisch gesehen schon fast ein „GAU“ – ein größter anzunehmender Unterschied gegenüber ursprünglichen Erwartungen. Die von NEUHAUS (2000) geschilderten Befunde, die diesem Wandel zugrundeliegen, wären früher vermutlich als Falsifikationsmöglichkeit zumindest von Teilen der Makroevolutionstheorie genannt worden.

Und wie geht es angesichts dieser Situation mit der Evolutionstheorie weiter? Sie verändert ihr Gesicht. Die Vorgänge bestätigen auf eindrucksvolle Weise den Fortgang von Theorien, wie er von Imre LATAKOS (1974) beschrieben wurde. Danach bleibt ein harter Kern von Forschungsprogrammen unangetastet und wird von einem Mantel von Hilfhypothesen vor Widerlegung geschützt. Diese Vorgehensweise hat – wie LATAKOS zeigt – wissenschaftsgeschichtlich gesehen durchaus seine Berechtigung. Allerdings: Die gleiche Vorgehensweise muß auch konkurrierenden Forschungsprogrammen zugestanden werden. So wurden auch im Rahmen der Grundtypenbiologie, die von einer schöpfungstheoretischen Sicht der Welt motiviert ist, immer wieder Anpassungen an neue Befunde

vorgenommen. Sie wurden von Kritikern jedoch gerne mit der Bemerkung quittiert, die Grundtypenbiologie betreibe „Rückzugsgefechte“. Hier wird deutlich, daß der jeweils bevorzugte Forschungsansatz und nicht die wissenschaftstheoretische Situation die Wortwahl bestimmt. Das eingangs formulierte freundliche Fazit könnte nämlich auch kritisch ausfallen: Man könnte von Erklärungsnot der Synthetischen Evolutionstheorie und ihrer Nachfolgetheorien sprechen. Außerdem könnte man sagen, daß die Vorstellung einer mehrfachen Entstehung von Lebewesen aus Nichtleben sich mindestens formal einer Schöpfungsvorstellung annähert, und könnte auch hier von einem „Rückzugsgefecht“ sprechen.

Bemerkenswert ist die neue Entwicklung auch noch von einem anderen Gesichtspunkt: In jedem evolutionstheoretischen Lehrbuch werden (homologe) Ähnlichkeiten oder Sequenzähnlichkeiten von Proteinen oder Genen als entscheidende Belege für gemeinsame Abstammung gewertet. Ausnahmen bedürfen einer besonderen Begründung (z.B. Konvergenz, Gentransfer). Die von NEUHAUS (2000) beschriebenen Ähnlichkeitsbeziehungen unter den Mikroorganismen schwächen dieses Argument in der üblichen Form erheblich. Dies alles spielt sich keineswegs auf einem „Nebenkriegsschauplatz“ ab, sondern trifft das Zentrum evolutionärer Rekonstruktionen von Abstammungsverhältnissen. Sequenzähnlichkeiten können nicht mehr als eindeutige Indizien für den Grad oder die Art der Verwandtschaft gewertet werden.

In diesem Zusammenhang stellt sich weiter die Frage, welche *Ähnlichkeitsmuster* evolutionstheoretisch zu erwarten sind – wissenschaftstheoretisch eine der wichtigsten Fragen, die an Theorien mit naturwissenschaftlichem Anspruch gestellt werden. Es scheint, daß die Evolutionstheorie so modifiziert oder umgebaut werden kann, daß sie im Nachhinein an recht unterschiedliche Ähnlichkeitsmuster angepaßt werden kann. Könnte es sein, daß dies ein generelles Merkmal von Ursprungstheorien ist?

Reinhard Junker

Literatur

- FEHRER J (2000) Behebt die molekulare Entwicklungsgenetik die Schwächen der Evolutionären Synthese? Stud. Int. J. 7, 90-91.
GUTMANN WF (1989) Die Evolution hydraulischer Konstruktionen. Frankfurt.

LAKATOS I (1974) Falsifikation und die Methodologie wissenschaftlicher Forschungsprogramme. In: LAKATOS I & MUSGRAVE A (Hg) Kritik und Erkenntnisfortschritt. Braunschweig: Vieweg, S. 89-189.

LØVTRUP S (1987) Darwinism: The refutation of a myth. Croom Helm.

NEUHAUS K (2000) Wächst der „Stammbaum der Evolution“ jetzt im Vorgarten der Schöpfungslehre? Stud. Int. J. 7, 88-89.

RIEDL R (1975) Die Ordnung des Lebendigen. Hamburg.

SCHMIDT F (Hg, 1990) Neodarwinistische oder kybernetische Evolution? Heidelberg.

Experimentelle Mutagenese bei *Arabidopsis thaliana*

Die Evolutionstheorie geht davon aus, daß durch das Zusammenwirken von zufälliger Mutation und anschließender Selektion nicht nur eine Differenzierung und Spezialisierung bereits vorhandener Strukturen erfolgen kann (Mikroevolution), sondern neue, vorher nicht vorhandene Konstruktionen entstehen können (Makroevolution). Es wird davon ausgegangen, daß evolutionäre Veränderungen lange Zeiträume benötigen, was zum Teil an der relativen Seltenheit von Mutationen liegt. Umgekehrt kann auf dieser Basis angenommen werden, daß eine Erhöhung der Mutationsrate eventuell zusammen mit einer stärkeren Selektion Evolution beschleunigen und damit eventuell im Laborsystem beobachtbar machen könnte.

Die Blütenpflanze *Arabidopsis thaliana* (Acker-Schmalwand) aus der Familie Brassicaceae (zu dieser Familie gehören z. B. Kohl und Rettich) wird als Modellorganismus in der Pflanzengenetik verwendet (Abb. 1). Die Pflanze ist klein, anspruchslos und kann auf begrenztem Raum kultiviert werden. Ihre Generationszeit ist 6 Wochen, das haploide Genom enthält auf 5 Chromosomen etwa 130-140 Millionen Basenpaare DNA. Die komplette Sequenzierung durch die „*Arabidopsis* Genom Initiative“¹ wird für die nächsten 12 Monate erwartet.

Künstliche Mutagenese ist ein wichtiges molekularbiologisches Verfahren, um Aussagen über die Funktion von Proteinen oder Genen zu gewinnen. Dabei wird künstlich die Mutationsfrequenz beispielsweise in Pflanzensamen erhöht und die so gewonnenen Mutanten nach interessierenden Mutationen durchsucht, welche dann weiter untersucht werden.

In der Mutagenese finden Röntgenstrahlen, schnelle Neutronen und Chemikalien wie Ethylmethansulfonat (EMS) Verwendung. EMS führt vornehmlich zu spezifischen DNA-Veränderungen (Alkylierung), wodurch bei der Replikation das Basenpaar von G:C zu A:T verändert wird (SEGA 1984, BURNS et al. 1986). Das besondere daran ist, daß EMS vor allem Punktmutationen erzeugt.

Extrapolationen von bei Mikroorganismen gefundenen Raten ergeben für *Arabidopsis* eine abgeschätzte Spontanmutationsrate von 0,0033 pro Genom und Replikation (DRAKE 1991, DRAKE et al. 1998), wobei einzelne Genorte des *Arabidopsis*-Genoms recht unterschiedliche Raten aufweisen

können. Eine Studie fand für genetisch bestimmte Merkmale, die mit der Fortpflanzung in Zusammenhang stehen wie die Anzahl der Früchte, oder die Anzahl der Samen pro Früchte eine im Verlauf mehrerer Generationen um einen Mittelwert schwankende Variabilität (SHAW et al. 2000).

Bei *Arabidopsis* wird bevorzugt Mutagenese mittels EMS betrieben, da dieser farblose, leicht flüchtige, bei Zimmertemperatur flüssige Stoff ein leistungsfähiges Mutagen ist, welches zugleich nur eine geringe Sterblichkeit verursacht. Dabei werden jeweils einige Tausend *Arabidopsis*-Samen in einer 100 millimolaren EMS-Lösung einige Stunden gebadet und anschließend kultiviert. Unter EMS ist die Mutationshäufigkeit um ein vielfaches erhöht (KOORNEEF et al. 1982) – wahrscheinlich ein Faktor der Größenordnung einige 1000.

In der 1. Generation mutagenetisch veränderter Pflanzen kommen typischerweise chlorophyllarme Areale in geringer Anzahl (eine Pflanze unter 100 bis 1000) vor.² Ihr Auftreten gilt als Indikator für eine erfolgreiche Mutagenese, ihr Auftreten erklärt sich wie folgt: Pflanzensamen sind vielzellige Organe. Durch Mutagenese werden in einigen ihrer Zellen genomische Veränderungen erzeugt, in anderen nicht. Es entstehen so ausgewachsene Pflanzen, die Mosaik aus intakten und veränderten Genomen sind, was sich beispielsweise im Vorliegen einzelner chlorophyllarmer Blätter an einer ansonsten unauffälligen Pflanze zeigt. In der 2. Generation zeigen 20-30% der Pflanzen ontogenetische oder physiologische Veränderungen wie ein allgemein kränkliches Aussehen, vorzeitiges oder verspätetes Blühen, Sterilität oder Zwergwuchs (REITER et al. 1997) und Chlorosis (Bleichheit durch Chlorophyllmangel). Festzuhalten ist, daß eine EMS-Behandlung durchweg und typischerweise defizitäre Pflanzen hervorbringt.

Jede Arbeitsgruppe durchsucht die entstandenen Mutationen nach den für die angestrebten Forschungsfragen relevanten Mutationen. Die weitaus größte Zahl ist jeweils uninteressant und wird verworfen. Aus diesem Grunde existiert keine genaue Aufstellung über alle bisher beobachteten Mutationen. Freilich geben die bisher näher untersuchten Mutationen einen guten Eindruck für typische durch Mutagenese induzierte Veränderungen.



Abb. 1: *Arabidopsis thaliana* – ein unscheinbares Pflänzchen aus der Familie der Kreuzblütler (Brassicaceae).