

Bei der Vorstellung von Sydney Brenner in Basel sprach der Entwicklungsbiologe Walter Gehring vom „bushy eyebrow phenotype“.

Ein Gespräch  
mit Sydney Brenner

## „Eine einsame Stimme aus der Präge-nomik-Ära.“

■ Sydney Brenner (75) gestaltete die frühen Tage der Molekularbiologie entscheidend mit – und gilt seitdem als einer der originellsten Forscher weltweit. Ralf Neumann unterhielt sich mit ihm am Rande des Festsymposiums „30 Jahre Biozentrum“ in Basel. Vor allem über die Bioforschung heute.

*Erinnern Sie sich an einen Postdoc namens Leonardo da Vinci?*

**Brenner:** Ja, sicher - er arbeitete in einem Labor in Neapel. Nein, natürlich meinen Sie die Geschichte, als ich mir in einem Manuskript für die britische Royal Society den Spaß erlaubte mitten im Text zu schreiben „Leonardo da Vinci, personal communication“. Und als der Editor deswegen anrief, sagte ich ihm, das wäre ein italienischer Postdoc, der gerade in meinem Labor angefangen hätte. Ich weiß nicht mehr, warum ich das gemacht

habe. Es kam einfach so aus dem Augenblick.

*Das ist aber nur eine Anekdote von vielen ähnlichen. Der Nobelpreisträger Joseph Goldstein bezeichnete Sie daher in seiner Laudatio anlässlich der Verleihung des Lasker-Preises im vorletzten Jahr als den witzigsten Wissenschaftler, der jemals gelebt hat. Wie wichtig ist Humor für Sie in der Wissenschaft?*

**Brenner:** Absolut essentiell. Ich denke, zu viele Wissenschaftler nehmen sich selbst zu ernst. Humor ist ein Teil des Lebens, und daher auch der Wissenschaft. Er dreht die Dinge herum und verschafft einem einen anderen Blickwinkel. Und so kann Humor auch zu neuen Erkenntnissen führen. Oder gar beim Entwickeln von Ideen helfen. In der Tat muss eine gute Idee nicht nur gut sein, sondern in gewissem Sinne auch witzig.

*Was war für Sie neben dem Humor noch wichtig beim Entwickeln von Ideen?*

**Brenner:** Das ist schwer zu beantworten. Ich denke, die Hauptsache ist, sich mit Möglichkeiten befassen zu können.

Oder, wie in der Zeit, in der ich mit Francis Crick in einem Büro arbeitete: Dinge einfach auszusprechen, auch wenn sie falsch sein mögen. Indem ich sie ausspreche, oder auch niederschreibe, kann ich besser erkennen, was daran falsch sein könnte. Und das kann zu einer robusteren Idee führen. Letztlich geht es also darum, die Dinge nicht zurückzuhalten.

Ideen sind aber nur das eine. Ideen sind ziemlich billig in der Biologie. Vielmehr geht es darum, einen Weg zu finden, wie ich sie in der realen Welt tatsächlich testen und beweisen kann. Das, denke ich, ist das Interessante.

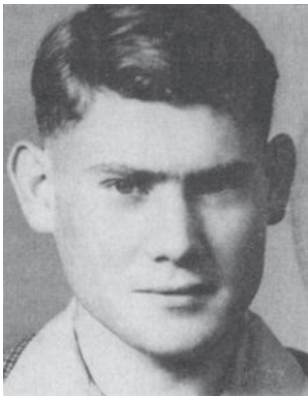
Sehen Sie, gerade im Moment gibt es starke Bewegungen gegen Hypothesen-

„Im Moment gibt es starke Bewegungen gegen Hypothesengetriebene Forschung. Ich glaube, das ist der größte Müll, der jemals vorgebracht wurde.“

getriebene Forschung. Ich selbst bin da so etwas wie eine einsame Stimme aus der prägenomischen Ära. Und ich glaube, das ist der größte Müll, der jemals vorgebracht wurde. Obwohl es zuerst vernünftig klingt, wenn man sagt: „Warum nicht alle Daten sammeln? Warum ein Gen nach dem anderen, wenn wir alle auf einmal machen können?“ Okay, und dann macht man jede Menge Beobachtungen. Aber der Punkt ist doch: Was will man damit herausfinden? Also sagt man dann als nächstes: Nun ja, die Daten werden schon von selbst irgendwas liefern, was man dann eine Theorie nennen kann.

*Aber das passiert gerade kaum – eine Theorie entwickeln. Man sammelt einfach Daten, macht Korrelationen...*

**Brenner:** Genau. Man sammelt Daten und macht Korrelationen. Das ist das richtige Wort. Ich bin altmodisch genug um zu wissen, dass das, was man gemeinhin eine kau-



**Sydney Brenner**, bevor er 1954 in Cambridge ankam.

sale Ursache nennt, immer noch sehr wichtig ist. Denn ohne Ursachen zu verstehen kann man keine Voraussagen machen. Ich verstehe nicht, dass viele die Möglichkeit aufgeben wollen einzugreifen und damit all die Hypothesen zu testen, die man entwickelt.

Einmal wurde ich beschuldigt einen schlechten Einfluss auf junge Menschen auszuüben, weil ich über Hypothesen redete (*lacht*). Ich entgegnete:

„Nein, ich mache keine Hypothesen-getriebene Forschung, ich mache Experiment-getriebene Forschung. Ich möchte *testbare* Hypothesen finden, das ist etwas anderes als pure Hypothesen.“ Hypothesen kann man Tausende entwickeln. Über den Kaffeetisch hinweg. Aber wie kann ich sie testen? Das ist es, was mich interessiert.

*Okay, das ist offenbar ein Unterschied zwischen den Pioniertagen der Molekularbiologie und heute. Einen anderen haben Sie einmal folgendermaßen ausgedrückt: „Wir kamen zu großen Einsichten, indem wir uns einfach Löcher auf Bakterienrasen anschauten - heute haben wir Abertausende von Maschinen und Computern, die riesige Mengen nichtssagender Daten ausspucken.“ Sie scheinen das als eine ungute, fast gefährliche Entwicklung anzusehen?*

**Brenner:** Nein, nicht wirklich gefährlich. Ich denke, dass all das sich als irrelevant herausstellen wird. Und daher lohnt es auch nicht dagegen anzukämpfen. Man geht einfach daran vorbei und macht das nächste Ding. Ich glaube wir sind längst an dem Punkt angelangt, dass so viele Daten da sind, und die Leute jetzt merken, dass das meiste davon Rauschen ist. Weil es keine Bedeutung hat. Alles steckt nun in Computern, und die Leute versuchen jetzt daran zu arbeiten, wie sie die wichtigen Daten aus dem ganzen Rauschen wieder herausziehen können. Welches war dann aber zu Beginn der Grund alle diese Daten zu messen? Was man jetzt hat, ist ein kontaminiertes System. Es ist, als würde man eine Zeitung produzieren mit einer riesigen Menge Extra-Buchstaben. Der Text ist irgendwo darin enthalten, klar – aber verborgen in all dem Müll. Und so hört man jetzt die Leute schreien: „Wie können wir die Daten in Wissen umsetzen?“ Natürlich wird das Erste sein eine Men-

„Stellen Sie sich doch nur mal vor, wir müssen am Ende all dieses Genom-Zeug lehren und erklären. Wie sollen wir das machen ohne umfassende Theorie?“

ge Daten wieder rauszuschmeißen, weil sie schlichtweg keine Bedeutung haben.

Zur gleichen Zeit schreien viele nach einer neuen Biologie. Man liest, sie wollen „Integrative Biologie“ machen, oder „Systembiologie“. Kaum einer nennt es beim richtigen Namen: Theoretische Biologie. Weil diese einen schlechten Klang hat. Ich jedoch denke, ich kann die Sünden der Vergangenheit vergeben und nehme das Wort: Wir brauchen eine Theorie, die das alles einschließt. Stellen Sie sich doch nur mal vor, wir müssen am Ende all dieses Zeug nicht nur unter Fachleuten besprechen, sondern müssen es an Universitäten lehren, in der Schule, und es der Öffentlichkeit erklären. Wie sollen wir das machen ohne umfassende Theorie? Das, denke ich, ist die Herausforderung, der wir uns stellen müssen.

## Sydney Brenner

■ Wenn es in der Biologie lebende Legenden gibt, dann gehört Sydney Brenner sicherlich dazu. 1954 kam der gebürtige Südafrikaner nach Cambridge und entwickelte sich schnell zu einer der dominierenden Persönlichkeiten des „Golden Age of Molecular Biology“. Zwanzig Jahre lang teilte er sich dort ein Büro mit Francis Crick, und die Entdeckung der mRNA sowie des Triplet Codes gingen maßgeblich auf sein Konto. Unter anderem stammt der Begriff „Codon“ von ihm.

Mitte der Sechziger hatte Brenner das Gefühl, er könne die weiteren Details der reinen Molekularbiologie anderen überlassen. An Max Perutz schrieb er damals: „Ich habe schon lange das Gefühl, dass die Zukunft der Molekularbiologie darin liegt, die Forschung auf andere Gebiete der Biologie auszudehnen, vor allem auf Entwicklung und Nervensystem.“ Das ging natürlich nicht mehr mit Bakterienkulturen, und so präsentierte Brenner kurz darauf mit dem Rundwurm *Caenorhabditis elegans* „seinen“ neuen Modellorganismus. Gut dreißig Jahre später war „der Wurm“ der erste vielzellige Organismus, dessen Genom komplett sequenziert war.

Doch da hatte Brenner jedoch abermals das Feld gewechselt und sich wiederum einen neuen Modellorganismus ausgewählt: den

Sie selbst haben mit dem Genom des Pufferfischs *Fugu* ja auch gerade jede Menge Daten geliefert.

**Brenner:** Ja, die Sequenz ist gerade fertig. Der Unterschied aber ist: *Fugu* hat ein kompaktes Wirbeltiergenom, fast ohne nichtssagenden Schrott. Jeder, der es jetzt sieht, fragt mich: Warum haben wir das nicht schon vor acht Jahren gemacht? Es hätte uns die Interpretation des Humangenoms so sehr erleichtert. Doch das Politbüro des Genomprogramms hat anders entschieden, wie man weiß.

Als Sie von der abgeschlossenen ersten Analyse des Humangenoms hörten - von der unerwartet niedrigen Zahl der Gene, von all dem viralen und bakteriellen Sequenzschrott - welches waren Ihre ersten Gedanken?

**Brenner:** Mein erster Gedanke war: Geht zurück und macht es richtig. Wirklich. Ich bin ein wahrhafter Befürworter des Schimpansengenomprojekts geworden. Nicht, weil es der Schimpanse ist, sondern weil er möglicherweise als „wei-



terer Mensch“ erhalten kann, um das Ganze richtig zu machen. Das waren meine Gedanken. Die Leute hätten es professioneller machen müssen. Ich weiß zwar nicht, was Celera hat, aber ich habe gesehen, was in den öffentlichen Datenbanken steckt: es ist fürchterlich lückenhaft. Das Hauptübel ist, dass sie in dem großen Genom mit seiner Riesenladung Schrott eine Menge Gene nicht finden können. 25.000 ist lächerlich wenig, es gibt mit Sicherheit noch mindestens zehntausend mehr. In der Zwischenzeit werden die Zahlen ja auch weiter nach oben korrigiert. In *Fugu* reden wir jetzt, nach den neuesten Daten, von irgendetwas zwischen 40 und 50.000.

Das Entscheidende aber ist: Wenn man es sich genau anschaut, sollten diese Dinge nicht Gene genannt werden, sondern Genorte, Genloci. Es ist was ganz anderes zu fragen, wie viele funktionelle Produkte ein Genoculus produziert. Nehmen wir zum Beispiel *Drosophila*. Sie sieht zwar nach einem höherentwickelten Tier aus als ein Wurm, hat aber weniger Gene, weniger Genloci. Aber, jeder Genoculus macht mehrere Produkte. Von daher habe ich kein Problem damit, dass viele Leute sagen, sie hätten mehr als 100.000 Gene. Die haben sie über cDNAs gezählt, ich sehe das nicht als unvereinbar mit den Zahlen des Humangenomprojekts. Wir

japanischen Pufferfisch *Fugu rubripes*. Dessen kompaktes Genom kommt nahezu ohne „sinnlose Junk-DNA“ aus, weswegen Brenner es für das ideale Wirbeltier-Modellgenom hält.

Seit wenigen Wochen ist auch dessen Sequenz bekannt, doch Brenner verneint vehement, dass er nun „Genomik“ mache. Den Begriff mag er nicht - was er tue, sei nach wie vor Genetik, sagt er. Allerdings mit einem starken Schwerpunkt auf experimenteller Evolution (siehe Interview).

Doch nicht nur als Forscher stand er im Rampenlicht, auch als Firmengründer (Lynx Therapeutics), Forschungspolitiker wie auch mit seinen berühmten Kolumnen in *Current Biology* („Loose Ends“, „False Starts“) voller witziger Anekdoten aus dem Forscherleben machte er sich einen Namen.

In diesem Jahr wird der 75-Jährige vom Molecular Sciences Institute in Berkeley, das er selbst begründete, an das Salk-Institute in La Jolla, Kalifornien, wechseln - als *Distinguished Professor* (Brenner: „I use to say *Extinguished Professor*“). Dort wird er auch Francis Crick wieder treffen. Aber dessen Büro ist zu voll, als dass er dort ein zweites Mal einziehen könnte. Er wird im gegenüberliegenden Teil des Instituts sitzen.

Eine Frage jedoch bleibt: Warum bekam Brenner bis heute keinen Nobelpreis? Darauf hat keiner eine befriedigende Antwort.

kennen doch viele Beispiele, wo ein Gen fünf verschiedene Produkte macht – und keines ist trivial, alle haben wichtige Funktionen. Man steckt etwa ein kleines Extra-Exon in das Protein und schon kann es in den Kern wandern. Oder man fügt an ein Ende ein Extra-Stück an, damit das Protein membrangebunden bleibt. Beim Immunsystem ist das sehr wichtig, dieses Umschalten zwischen membrangebundenen und ausgeschütteten Immunglobulinen - nur, indem

„Deswegen denke ich, Proteomik ist Quatsch. Und auch all die anderen „-omiken“ werden nicht funktionieren.“

man ein kleines Stück Peptid vom Proteinschwanz abschneidet. Auf diese Weise hat dieser Locus zwei Produkte, die funktionell relevant sind, mindestens. Das Hauptproblem jedoch, das ich sehe, ist, dass man bisher fast nichts über die Abschnitte links der kodierenden Sequenzen weiß, über die Kontrollregionen der Genloci. Die ganze Regulation fehlt fast komplett.

Es ist noch viel Arbeit, all dies aufzuklären. Und natürlich fragen die Leute: Gibt es dafür eine High-Throughput-Möglichkeit. Ich denke, der bessere Weg ist das, was ich „Di-Throughput“ nenne. Nicht „high“, sondern „di“ – für „directed“. Diese Massenhochdurchsatztechniken eignen sich doch nur für Nukleinsäuren, befürchte ich. Nukleinsäuren haben immer einen Partner, der sie spezifisch bindet, man kann sie amplifizieren, und man erhält die essentielle Information aus der linearen Abfolge der Basen. Mit dreidimensionalen Proteinen kann man das nicht tun. Deswegen denke ich, Proteomik ist Quatsch. Und auch all die

anderen „-omiken“ werden nicht funktionieren.

*Sie haben in Ihrer langen Forscherzeit immer wieder neue Felder eröffnet, etwa bei der Entdeckung von mRNA und tRNA mitgewirkt, Caenorhabditis elegans und Fugu als Modellorganismen eingeführt und auch theoretisch gearbeitet. Dennoch steht über alledem ein großes Thema: Wie entsteht ein voll funktionierender Organismus aus dessen interner Beschreibung, seiner Gene also.*

**Brenner:** Ja, genau das ist Genetik.

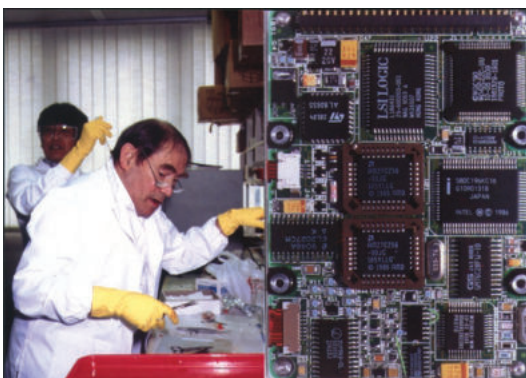
*In ihrem letzten Institut, dem multidisziplinären Molecular Sciences Institute in Kalifornien, setzen Sie dazu unterm auch auf Computer. Machen Sie jetzt auch Computational Biology?*

**Brenner:** Nein, nein, so kann man das nicht sehen. Ich habe eine lange Vergangenheit mit Computern. Schon in den Sechzigern versuchten wir *Caenorhabditis elegans* dreidimensional im Computer zu rekonstruieren. Aber es war eindeutig zu früh dafür, die Computer waren lange noch nicht so weit. Heute könnte es wohl funktionieren. Ich war aber immer interessiert an einer „*Theory of Computation*“. Denn eine Art, wie man die Welt betrachten kann, ist, dass sie voller Rechengänge ist. Und die entsprechende Art, wie man Wissenschaft und Technologie sehen kann, ist: Wie bekommen wir darauf einen Zugriff? Vor einigen Jahren schrieb ich daher ein kleines Paper, in dem ich sagte: *Computational Biology* beginnt mit *Biological Computation*. Das war damals ein Argument gegen den Mystizismus um das, was man „Systembiologie“ nennt. „Systembiologie“ oder „Integrative Biologie“ sagt, es gäbe einen Weg, auf dem all diese Dinge interagieren. Und daraus entstünde emergentes Verhalten. „Emergent“ meint, das Ganze ist mehr als die

Summe seiner Teile. Ich glaube das nicht. Das Ganze ist die Summe seiner Teile *und* seiner Interaktionen. Und was tun die Interaktionen? Sie berechnen das Ergebnis. Wenn wir diesen Blickwinkel einnehmen, dass Biologie ein einziges System von Berechnungen ist, dann können wir beginnen zu fragen, welches dessen Eigenschaften sind - und man könnte ein anderes Gerüst darum errichten.

*Computational Biology, Bioinformatik – all das ist gerade ziemlich „in“. Glauben Sie, dass man mehr und mehr biologische Fragen künftig in silico lösen wird?*

**Brenner:** Nun, *in silico* sollte man vielleicht besser „in sillyco“ buchstabieren. Nein, man kann sie nicht nur *in silico* lösen. Man könnte es glauben, aber letztlich macht man im Computer nie das wahre Ding. Den Unterschied habe ich vor einigen Jahren begriffen. Ich hatte einen Studenten, der simulieren wollte, wie *C. elegans* über den Agar kriecht. Er schrieb also ein Programm - und tatsächlich, am Ende konnte man lauter kleine Würmer über den Bildschirm kriechen sehen. Ich bat den Studenten mir das Programm zu zeigen, und natürlich war es voller trigonometrischer Kalkulationen. Nur, auf diese Art war es keine Simulation, es war eine Imitation. Das Programm imitierte das Verhalten auf dem Bildschirm mittels mathematischer Gleichungen und Grafiken. Wenn man simulieren will, muss man aber Verhalten *generieren*. In dem Programm muss jeweils etwas sein für Muskeln, für Neuronen und alles andere, was bei dem Verhalten eine Rolle spielt. Das ist enorm schwer. Und das ist die Message, die ich mitgenommen habe aus der Zeit, als ich



War sich nie zu schade für die „Bench“: **Sydney Brenner** vor etwa 10 Jahren.

versuchte *C. elegans*-Verhalten aus seiner Gehirnstruktur zu berechnen. Wenn wir also erfolgreich Zellen oder gar Organismen simulieren wollen, dann müssen wir nicht nur das Vokabular der Maschinen-

sprache verstehen, sondern wir müssen auch das beachten, was man die Grammatik eines biologischen Systems nennen könnte. Wir müssen uns vollkommen klar darüber sein, auf welche Art die Zelle oder der Organismus Informationen verarbeitet.

*„In der Biologie gibt es keinen allgemeingültigen Weg, wie man etwas verstehen kann. Biologie ist das Gebiet, in dem das Beispiel alles ist. Es ist nicht Beispiel für irgendetwas anderes. Es ist, was es ist.“*

*In den letzten Jahren offenbarten Ihre Veröffentlichungen ein auffälliges Interesse an Evolution. Auch Ihren Fugu setzen Sie hauptsächlich für evolutionäre Fragestellungen ein. Glauben Sie, dass es durch die Verfügbarkeit immer neuer Genomdaten zu Neu-Interpretationen der Evolution kommen wird?*

**Brenner:** Ja, ich denke doch. Vielleicht nicht zu Neu-Interpretationen, aber auf jeden Fall dort zu größeren Erkenntnissen, wo wir noch nicht verstehen, wie all diese Organismen sich entwickelten. Das betrifft Fragen wie: Wie viele Änderungen muss man vornehmen um den Wandel vom Fisch zur Maus zu bewerkstelligen? Und wie viele um den Schimpansen zum Mensch zu machen? Ich glaube, das können wir wirklich in den Griff bekommen. Und zwar wegen zweierlei: Einmal durch die Möglichkeit Gene zu sequenzieren - und natürlich durch die Möglichkeit, DNA über natürliche Grenzen hinweg zwischen zwei Organismen hin- und herzubewegen. Das erlaubt uns letztlich den Mensch mit einem Fisch zu kreuzen, oder eine Maus mit einem Fisch. Natürlich nicht im wörtlichen Sinne. Aber ich kann mit menschlichen Genen in den Fisch gehen.

Ich denke, solche Dinge werden sehr aufregend sein.

*Sie selbst konzentrieren sich unter anderem auf Gene, die sich im Laufe der Evo-*

*lution sehr langsam verändern. Was erwarten Sie davon?*

**Brenner:** Oh, sie bringen einen zurück in weit entfernte Zeiten. Genome beinhalten ja eine Aufzeichnung der Vergangenheit. Aber ein Genom entwickelt sich nicht an allen Stellen mit der gleichen Geschwindigkeit. Manche Gene verändern sich sehr langsam, manche andere sehr schnell. Das erklärt uns viel über die Eigenschaften der Genome. Aber was am interessantesten ist: Wir können uns ein Bild machen, wie bestimmte Gene vor langer Zeit ausgesehen haben. Ich habe zum Beispiel in unserem Genom viele Gene gefunden, die immer noch Eigenschaften typischer Invertebratengene haben. Das heißt, die letzten 500 Millionen Jahre sind an diesen Genen fast spurlos vorüber gezogen.

*Sie interessieren sich demnach für Fragen der Genomevolution, weniger für das Zeichnen neuer molekularer Stammbäume?*

**Brenner:** Richtig. Natürlich wird es Änderungen in den Stammbäumen geben. Ich möchte aber all diese Dinge kombinieren und letztlich versuchen zu zeigen, dass zumindest in Vertebraten Evolution durch Änderungen in den regulatorischen Teilen der Gene voran getrieben wird, nicht durch Änderungen in den kodierenden Abschnitten. Grundsätzlich haben doch Mensch und Fisch das gleiche Repertoire. Die Frage ist also, wie nutzen diese beiden verschiedenen Organismen dieses gleiche Repertoire. Dazu haben wir mit Experimenten angefangen, in denen wir *Fugu*-Gene nahmen, in die Maus steckten und fragten: Kann die Maus diese Information lesen?

*Und? Kann die Maus?*

**Brenner:** Die Maus kann es perfekt. Und wir haben gerade dasselbe mit Genen für das Immunsystem gemacht. Der Grund, warum man erwarten kann, dass es funktioniert, ist, dass die fundamentalen Eigenschaften der ganzen Subsysteme in *Fugu*, der Maus und uns Menschen dieselben sind. Das Immunsystem besteht aus denselben Zellen, also kann man erwarten, dass auch das Programm dasselbe ist. Das ist, was ich „Inverse Genetik“ nenne. Wir suchen nach Konstanz in einem Meer aus Rauschen - im Gegensatz zur Standardgenetik, die nach Unterschieden in einer Wüste der Uniformität sucht. In unseren Experimenten haben wir bereits einige kleine Flecken gefunden, in denen Sequenzen komplett konserviert

sind. Und wir denken, das ist der Beginn eines Lexikons. Oder eines evolutionären Entwicklungs-Codes, wenn man so will. Wenn ich also ein Gen aus dem *Fugu* nehme, und die Maus exprimiert es in denselben Zellen wie ihr eigenes homologes Gen - dann kann ich nach einem Vergleich der beiden Gene sagen: Das sind die Teile, die dafür notwendig sind. Mehr noch, ich kann experimentell testen, ob es richtig ist: Ich kann zeigen, dass diese Teile notwendig sind, ich kann sie entfernen und das Experiment wiederholen. Und zweitens kann ich zeigen, dass sie hinreichend sind, indem ich entsprechende Promotoren synthetisiere. Der Weg ist also frei zu formalen und voll akzeptierten Beweisen für diesen



Brenner über Platten mit „seinem“ Wurm *Caenorhabditis elegans*

Entwicklungs-Code. Und ich denke, man sollte auf diese Art damit weiter machen: Versuchen, Sequenzen zu definieren und die Steuereigenschaften des Gens, beziehungsweise des Genlocus zu interpretieren. Wenn wir das können, hätten wir das Geschäft zuende gebracht. Wir würden sogar in der Lage sein, neue Tiere kalkulieren zu können. Im Moment können wir keine neuen Tiere berechnen. Aber wir werden Tiere kalkulieren können, wenn wir einmal wissen welches die Änderungen sind, durch die sie verbunden sind. Ich denke, die Leute wären mit solchen Dingen gewinnbringender beschäftigt, als wenn sie mit Bioarrays ar-

beiten oder Proteomik versuchen. Das ist alles Zeitverschwendung. Experimentelle Evolution wird das interessanteste Thema sein.

*Neben Ihrer Forschung hatten Sie auch über Jahre Erfolg mit den Kolumnen „Loose Ends“ und „False Starts“ in der Zeitschrift Current Biology. In einem dieser Texte stellten Sie sich vor, wie Francis Crick in den Himmel kommt ...*

**Brenner:** Oh ja, das war ein guter Text: „Francisco Crick in Paradiiso“.

*... Ja, genau. Und Crick fragt darin Gott, wie denn diese verdammten Imaginalscheiben bei Drosophila funktionieren. Worauf er antwortet: „Nun, wir nehmen ein bisschen hiervon, fügen ein paar Dinge hinzu und ... - eigentlich wissen wir es gar nicht. Aber ich kann Dir sagen, wir machen hier Fliegen seit 200 Millionen Jahren und es gab nie Beschwerden.“ Wollten Sie damit sagen, dass derjenige, der in der Biologie nach allgemeingültigen Regeln und Gesetzen sucht, oft enttäuscht wird?*

**Brenner:** Ja, das stimmt. Sehen Sie, in der Biologie gibt es keinen allgemeingültigen Weg, wie man etwas verstehen kann. Und das ist typisch für die Biologie. Biologie ist das Gebiet, in dem das Beispiel alles ist. Es ist nicht Beispiel für irgendetwas anderes. Es ist, was es ist. Und zwar, weil die Details zählen. In der Biologie geht es eher zu wie beim Ingenieurswesen. Ingenieure bauen zum Beispiel auch Brücken, obwohl es keine allgemeingültige Theorie der Brücken gibt – eine, die man in der Schwerkraft und der Physik und so weiter testen kann. Und man kann Brücken nicht durch Schrödingers Gleichung verstehen, obwohl Schrödingers Gleichung bei Brücken gilt. Ich denke daher, Biologie ist einfach ein anderer Teil der Natur, der nicht von Gesetzen abhängt.