



Schöne Biologie

# Variatio delectat

■ 2004 tobte eine erbitterte Diskussion durch das Internet. Anlass war ein Paper, das ein Herr Stephen C. Meyer in den *Proceedings of the Biological Society of Washington* veröffentlicht hatte (Bd. 117, S. 213-39). Titel: „The origin of biological information and the higher taxonomic categories“.

Nun muss man wissen, dass Herr Meyer das „Discovery Institute“ mitbegründete, welches heute als *das* Zentrum der amerikanischen Intelligent Design (ID)-Bewegung gilt. Inhalt und Absicht des oben erwähnten Artikels dürften einem damit bereits dämmern: Einschlagen auf die Evolutionstheorie.

Eines der Hauptargumente des Herrn Meyer hierbei war, dass Gene und Proteine zu komplex seien, als dass sie alleine durch zufällige Mutation und natürlich Selektion entstehen könnten. Ein „intelligenter Schöpfer“ könne daher die Entstehung neuer Gene, Proteine und Eigenschaften besser erklären als die Darwinschen Theorien, so sein Fazit.

Andere ID-Anhänger stoßen in dasselbe Horn und attackieren Evolutionsbiologen mit der Forderung: „Zeigt uns doch mal, wie in Euren Labors ein neues Gen entsteht.“

Nun gut, dazu muss man zunächst sagen, dass vermutlich schon seit sehr langer Zeit neue Gene nur noch aus bereits existierenden Sequenzen entsteht. Jedenfalls hat man bisher kein Beispiel, dass eine Zelle aus einzelnen Nukleinsäuren eine komplett neue Sequenz zusammengebaut und diese dann ins Genom integriert hat. (Obwohl das zu „Ursuppen“-Zeiten ja passiert sein muss).

Der Punkt ist aber nicht, dass die Zelle das womöglich nicht *kann*. Nein, sie *braucht* es nicht. Sie hat im Genom derart viel Sequenzmaterial „rumliegen“, dass reines Kopieren und Variieren des Bestehenden zur Schaffung neuer Funktionen und Eigenschaften ausreicht. In etwa, wie wenn ich einen neuen Text schreibe. Dazu nehme ich ja auch Wörter, die schon lange existieren, und lasse sie in meinem Text neue Sätze bilden.

Doch zurück zur Biologie. Beispiele, wie in der Evolution neue Gene durch Variation und/oder Neukombination bestehender Sequenzen entstanden, gibt es wahrlich genug. So viele, dass man sie bereits nach jeweiligem Mechanismus in verschiedene Klassen

einteilt. So entstehen neue Gene etwa durch Genduplikation und anschließende Divergenz; durch Genfusionen oder Genspaltungen, durch Exon-Shuffling, durch Retrotransposition oder gar durch lateralen Gentransfer.

Eines der schönsten Beispiele für solch eine Neu-Koaptierung einer vorhandenen Sequenz ist das Antifrierprotein AFGP der barschartigen Antarktische. Dieses entstand vor etwa 10 bis 15 Millionen Jahren aus dem Gen für ein Trypsinogen. Nach und nach wurde ein für die Proteasefunktion des Enzyms unwesentliches Aminosäuretriplett Threonin-Alanin-Alanin derart oft wiederholt, bis die Triplett-Repeats plötzlich Eiskristalle binden konnten. Seitdem spaltet der Trypsinogen-Abkömmling nicht mehr Proteine in der Bauchspeicheldrüse, sondern verhindert als AFGP nur noch das Gefrieren des Fischblutes im antarktischen Eiswasser.

Wie gesagt, all diesen Mechanismen ist gemeinsam, dass die neuen Gene durch Rekrutierung bereits existierender genetischer Elemente entstehen. Seit kurzem erst gibt es indes auch Beispiele, wie neue Gene aus nicht-kodierenden DNA-Sequenzen entstanden sind.

So publizierten taiwanische Forscher gerade ein *Drosophila*-Gen namens *hydra*, welches offenbar „out of nowhere“ durch Transposition und Vervielfältigung nicht-kodierender DNA-Sequenzen entstanden ist (*PLoS Genet.* 3(7): e107). Jedenfalls fanden sie außerhalb der Subgruppe *melanogaster* kein homologes Gen.

Bereits zuvor hatte eine kalifornische Gruppe gezielte in den Genomen mehrerer Spezies der *Drosophila melanogaster*-Subgruppe nach Genen gesucht, die neu aus zuvor nicht-kodierenden Sequenzen entstanden waren. Sie fanden fünf (*PNAS* 103, S. 9935).

All diese Gene, *hydra* und die anderen fünf, exprimieren Fliegenmänner vorwiegend in ihren Hodenschläuchen. Scheint daher, als ob das männliche Reproduktionssystem besonders empfänglich für eine *de novo*-Rekrutierung neuer Gene aus „Schrott-Sequenzen“ ist.

Stephen C. Meyer und Co. wird aber auch das vermutlich nicht überzeugen.

RALF NEUMANN