

Evolutionäre Entwicklungsbiologie

Reinhard Junker, Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn (Stand: 19. 4. 2010)

Zusammenfassung: HEMMINGER & BEYER (2009) geben in einem Buchbeitrag Einblicke in die neue Forschungsrichtung der Evolutionären Entwicklungsbiologie (kurz: Evo-Devo). Nach Auffassung ihrer Befürworter – auch der beiden Autoren – bietet dieser neue Zweig der Evolutionsbiologie einen hoffnungsvollen Ansatz zum kausalen Verständnis der Evolution, insbesondere zur Entstehung von evolutionären Neuheiten. Die beiden Autoren vermitteln dem Leser durchweg den Eindruck, Evo-Devo liefere bereits für eine große Anzahl offener Fragen solide Erklärungen, obwohl sie – wie auch die von ihnen nur sehr selektiv zu Rate gezogene Originalliteratur – nur vage Vorstellungen und Ideen präsentieren. Die Autoren listen nur notwendige Bedingungen und bloße Beschreibungen möglicher evolutionärer Änderungen der Ontogenese auf, die *per se* keine Erklärungen von (hypothetischen) Evolutionsprozessen beinhalten. Sie versäumen es, auf die fehlenden empirischen und experimentellen Belege für die behaupteten evolutiven Prozesse hinzuweisen. Ob der Evo-Devo-Ansatz wirklich neues Erklärungspotential besitzt, muss sich erst noch erweisen; bislang beruht der Fortschritt der Forschung jedenfalls im Wesentlichen auf der „Devo“-Seite, also der Entwicklungsbiologie, die die Prozesse des Werdens individueller Organismen beschreibt. Hier wurden überraschende und faszinierende Entdeckungen gemacht wie die Modularität in der Genetik und im Stoffwechsel, die Ähnlichkeiten zahlreicher Regulationsgene in verschiedensten Tierstämmen (Konservierung der Gene) und die Mehrfachnutzung von Genen bzw. Proteinen oder ganzer Module. Ob und ggf. inwiefern diese Entdeckungen einen Schlüssel auch zum Verständnis der stammesgeschichtlichen Evolution (Phylogenese) liefern, ist offen.

Prozesse der Ontogenese (Individualentwicklung) dürfen nicht ohne empirisch belegte Nachweise auf phylogenetische Abläufe abgebildet werden, sondern vermitteln allenfalls Ideen, die getestet werden müssen. Diesen für den Anspruch von Wissenschaftlichkeit entscheidenden Schritt übergehen HEMMINGER & BEYER in ihrem Beitrag, die von ihnen vorgestellten experimentellen Befunde erklären im Wesentlichen nur Aspekte von „Devo“. Der Beitrag enthält zudem fachliche Fehler, insbesondere werden Schlüsselbegriffe (z. B. Heterochronie) z. T. falsch definiert und angewendet.

Die Darstellung des Forschungsstandes zur Entstehung des Fledermausflügels ist gegenüber der Fachliteratur verkürzt und dadurch irreführend.

Die beiden Autoren befassen sich in ihrem Beitrag auch mit einem kritischen Artikel über Evo-Devo von JUNKER (2007). Dieser Teil ist durchsetzt von unwahren und sinnentstellenden Aussagen und lässt erkennen, dass von den Autoren wichtige Teile der Evo-Devo-Literatur nicht zur Kenntnis genommen wurden. Auffällig sind hier besonders eine fehlerhafte und geschönte Wiedergabe der Ausgangssituation der Evolutionsbiologie, sachliche Entstellungen von Argumenten sowie eine inkorrekte Einverleibung von Evo-Devo in das überkommene Gebäude der Synthetischen Evolutionstheorie. Ein Großteil der kritischen Analyse des Evo-Devo-Ansatzes durch JUNKER (2007) wird von HEMMINGER & BEYER dagegen nicht einmal erwähnt. Der Beitrag der beiden Autoren erschien im Sammelband „Evolution im Fadenkreuz des Kreationismus“. Dessen Anspruch, Argumentationen von „Evolutionsegegnern“ kritisch zu analysieren, wurde im Beitrag von HEMMINGER & BEYER deutlich verfehlt.

Einleitung

„Die Frage ist, ob das Wechselspiel von genetischen Veränderungen und Selektion eine hinreichende naturwissenschaftliche Erklärung für die Evolution der irdischen Lebenswelt liefert! Die gegenwärtige Biologie beantwortet diese Frage mit Ja“ (HEMMINGER 2007, 22). Entgegen diesem „Ja“ gibt es unter Evolutionsbiologen eine zunehmende Kontroverse über die *Mechanismen* des Artenwandels (wenn auch nicht über das „Ob“ der Evolution). LEDON-RETTIG et al. (2008, 326) stellen fest: „Eines der bedeutendsten ungelösten Probleme der Biologie ist das Verständnis, wie neue, komplexe Phänotypen entstehen, sowohl in der individuellen Entwicklung als auch in der Stammesgeschichte.“¹ Oder ARTHUR (2007, 261): „How do novelties arise? We can't yet agree on a definition for them, let alone answer this fundamental question.“

Kann man diese unterschiedlichen Einschätzungen zusammenbringen? Die Antwort soll die Evolutionäre Entwicklungsbiologie bringen, kurz

„Evo-Devo“ (*evolution and development*). Diese Forschungsrichtung versucht, Entwicklungsbiologie (Erforschung der Entwicklung des Individuums) und Evolutionsforschung zusammenzubringen. Im Sammelband „Evolution im Fadenkreuz des Kreationismus“ schildern HEMMINGER & BEYER (2009) diesen Forschungszweig auf eine Weise, als sei die Frage nach der Entstehung evolutionärer Neuheiten durch Ergebnisse der Evo-Devo-Forschung im Prinzip bereits gelöst. Ihr Beitrag soll nachfolgend besprochen werden. Gleichzeitig soll damit eine Einführung in den neuen Forschungszweig von „Evo-Devo“ gegeben werden.

Um die Erklärungsansätze von Evo-Devo zu verstehen, muss man sich einige neuere erstaunliche Entdeckungen der Entwicklungsbiologie und der Genetik vor Augen halten:

- **Konservierte Gene:** Zu aller Biologen Überraschung stellte sich heraus, dass Regulationsgene, deren Aktivität ganze Kaskaden untergeordneter Prozesse auslösen, bei den verschiedensten Tierstämmen nahezu identisch sind. So werden die Bildung des Auges, des Herzens oder von Extremitäten sowie von vielen anderen Organen bei fast allen Tierstämmen von gleichartigen Masterkontrollgenen gesteuert.²

- **Mehrfachnutzung:** Gleichartige Proteine bis hin zu ganzen Kaskaden von hintereinander geschalteten Proteinen im Stoffwechsel und in der Signalübertragung werden mehrfach. z. T. sogar vielfach genutzt. Ein berühmtes Beispiel sind die Linsencrystalline, der Hauptbestandteil der Linsen von Linsenaugen. Diese erfüllen im Zellstoffwechsel anderer Organe desselben Tieres u. a. auch Aufgaben als Hitzeschockproteine oder bei der Verstoffwechslung von Zuckern oder Alkohol.

- **Modularität:** Die sich entwickelnden und ausgewachsenen Organismen sind modular aufgebaut, also aus einerseits intern stark vernetzten Untereinheiten, die andererseits bezüglich ihrer Funktion relativ unabhängig (autonom) auch gegenüber identischen Modulen in anderen Teilen des Organismus sind.³

Aufgrund dieser Befunde wird mittlerweile die Metapher des **Werkzeugkastens** verwendet, um die Verwendung gleicher Gene oder ganzer Stoffwechsellkaskaden, Signalübertragungen und anderer Module bei verschiedensten Organismen zum Ausdruck zu bringen.

Wichtig sind auch noch sogenannte **Entwicklungszwänge** (*constraints*): Damit sind funktionelle Abhängigkeiten innerhalb von Bauplanmodulen gemeint; diese schränken evolutionäre Veränderungen ein und sollen eine Kanalisierung weiterer Entwicklungen bewirken.

Inwiefern sollen diese Entdeckungen zu einem kausalen Verständnis der Evolution verhelfen?

Diese Entdeckungen sollen einen Schlüssel zum Verständnis der Evolutionsmechanismen bieten. Da viele Gene **hochkonserviert** (also nahezu unverändert in ganz verschiedenen Tierstämmen) sind und in den Organismen auf teilweise identische und/oder verschiedene Weisen **mehrfach genutzt** werden, könnte Evolution dadurch erfolgt sein, dass schon vorhandene Gene immer wieder vervielfältigt und die Kopien dann schrittweise „zweckentfremdet“ in neue Zusammenhänge eingebaut wurden. Man spricht von „Gen-Rekrutierung“, „Neuprogrammierung“, „Neuverdrahtung“ und „Kooptation“. **Modularität** erleichtert Änderungen ohne unerwünschte Nebenwirkungen, da Verflechtungen mit anderen Teilsystemen des Organismus nicht stark ausgeprägt sind. GILBERT (2003, 766) bezeichnet Modularität als „Vorbereitung für Evolution durch Entwicklung“. Module ermöglichen eine relativ freie Kombinierbarkeit, also ein unterschiedliches „Zusammenstecken“, was neue ontogenetische Entwicklungswege und damit auch neue Strukturen ermöglichen soll. In den Worten von HEMMINGER & BEYER (2009, 137): „Die evolutionäre Strategie lautet also, dass Neukombination und Diversifizierung vor Neuerfindung rangieren. Wenn man sich z. B. die evolutionären Schritte vom Vorderbein eines krei-

¹ „One of biology’s most significant unresolved issues is to understand how novel, complex phenotypes originate, both developmentally and evolutionarily.“ Ähnlich MONTEIRO & PODLAHA (2009, 15) „This work is difficult and time consuming, but the question at its core – the genetic origin of new and complex traits – is probably still one of the most pertinent and fundamental unanswered questions in evolution today. At stake is the possibility of testing whether novel complex traits arise from a gradual building of novel developmental networks, gene by gene, or whether pre-existent modules of interacting genes are recruited together to play novel roles in novel parts of the organism.“

² Die Wendung „Gene steuern“ ist eine unsaubere Ausdrucksweise, die hier jedoch nicht problematisiert werden soll. In Wirklichkeit sind auch Regulationsgene in ein komplexes Geflecht von Signalübertragungen und Steuerungselementen eingebettet und steuern selbst nicht.

³ Die Modularität ist wichtig, weil Module quasi-autonome Teile eines Entwicklungssystems sind, die verändert werden können, ohne zugleich andere Teile des Organismus ernsthaft zu stören. Entwicklungsmodule kommen vor bei morphogenetischen Feldern, Signalübertragungswegen, Imaginalscheiben, Zelllinien, Parasegmente von Insekten und Organrudimente bei Wirbeltieren sowie Enhancer-Regionen von Genen (GILBERT 2003, 768).

dezeitlichen Kleinsäugers zum Flügel der Fledermaus so vorstellt, dass Mutationen nacheinander (oder gar gleichzeitig) Flügelbausteine bereitstellen, stößt man auf unlösbare Schwierigkeiten. Wenn dagegen die Haut-, Knochen- und Muskel-elemente, die schon im Bein vorhanden sind, eine anders gesteuerte Entwicklung nehmen, wird der Vorgang erklärbar.“ Und weiter: „Proteine, Zellen, Stoffwechselprozesse wie diejenigen, die den Zeitablauf messen usw. sind nicht auf ein einziges und spezielles Design zugeschnitten, sie sind *vielseitig* verwendbar und durch *kleine* Änderungen an andere ‚Designs‘ anpassbar. Deshalb haben die Mechanismen, die ihren Zusammenbau in der Ontogenese steuern, eine zentrale Funktion auch in der Phylogenese. Ihr Verständnis hat die kausale Evolutionstheorie erheblich weiter gebracht.“

Ideen – aber keine experimentelle Nachweise

Mit diesen Zitaten (und vielen ähnlich lautenden) sind zunächst einmal neue hoffnungsvolle Ideen formuliert, wie Evolution (leichter oder überhaupt) vonstatten gehen (oder gegangen sein) könnte. Zunächst fällt auf, dass die neu vorgeschlagenen hypothetischen Evolutionsmechanismen zweierlei repräsentieren: einmal ein *Ergebnis* (z. B. Kooption – ein identisches Gen erfüllt in einer anderen Umgebung eine andere Funktion) und zum zweiten einen *Prozess* (z. B. ein Gen hat evolutionär an einer anderen Stelle im Organismus eine andere Funktion übernommen).⁴ Doch wie steht es mit der empirischen Basis und den experimentellen Belegen für die vorgeschlagenen *Prozesse*?

Beginnen wir mit der Modularität in der Organisation der Lebewesen. Dass Modularität Evolution erleichtern könnte, scheint aus den oben genannten Gründen nachvollziehbar, aber verhalten sich die postulierten Entwicklungsmodule tatsächlich so unabhängig von einander? Wie sind die ersten Module evolutionär entstanden und wie konnte aus ihnen die Vielfalt in sich wohl abgestimmter Organismen entstehen? „Die Entstehung von Modulen kann man sich durch fortwährendes Verschalten von Genen (und somit logische bzw. logistische Kopplung von Entwicklungswegen) unter so genannte *Regulatorgene* erklären“, meinen HEMMINGER & BEYER (2009). Ob und wie das funktioniert, ist jedoch experimentell bisher nicht gezeigt; eine wissenschaftliche Erklärung wird lediglich in Aussicht gestellt, nicht aber vorgelegt, obwohl die Autoren das Gegenteil behaupten. Die Entstehungsweise der Modularität und die anderen o. g. Fragen können keinesfalls als geklärt gelten, wie ein Blick in die Fachliteratur

zeigt⁵, die Forschung steht hier am Anfang und Ergebnisse wird man abwarten müssen.

Aber selbst wenn der Ursprung der Modularität geklärt wäre, stellte sich weiter die Frage, wie der Einbau vorhandener Proteine oder größerer Module in neue Zusammenhänge überhaupt erfolgen könnte. Man spricht von „Gen-Tinkering“, das ist das „Einflicken“ von Proteinen in neue Zusammenhänge. So sollen die o. g. Linsencrystalline durch ein vielfach (wahrscheinlich über hundertfach) parallel abgelaufenes Einflicken gebildet worden sein (PIATIGORSKI 2008). Das ist eine interessante, aber hochspekulative Idee; es ist offen, ob sich dieser hypothetische Prozess experimentell bestätigen lässt und wie die Crystalline die Form einer Linse angenommen haben. In den Worten von HEMMINGER & BEYER erscheint dieses Szenario spielerisch leicht lösbar: „Auf diese Weise können die bereits vorhandenen Module wie bei einem Lego-Baukasten zu neuen Bauplänen umarrangiert werden. Bildlich gesprochen stand die Evolution also nie vor der Aufgabe, durch blindes Würfeln aus einem ‚Buchstabensalat‘ einen sinnvollen Roman entstehen zu lassen. Vielmehr operiert sie mit ganzen Wörtern, Satzteilen, Sätzen und Text-Abschnitten, die – sind sie einmal entstanden – entlang einer Entwicklungslinie nahezu beliebig oft kopiert, umstrukturiert und zu immer neuen Texten arrangiert werden können. Dieses konstruktive ‚Recycling‘ kann erstaunlich vielfältig sein.“

Wie aber funktioniert dieses Verschalten und Einbauen ohne Zielvorgabe und Akteur? Der anschaulich beschriebene Vorgang ist allein aus dem *Vergleich* vorhandener Module bei verschiedenen Organismen entwickelt worden, der die erwähnte Mehrfachnutzung gleicher Module in verschiedenen Zusammenhängen offenbarte; er wurde also vergleichend-biologisch erschlossen. Damit ist aber noch nichts über *Mechanismen* gesagt, um die es bei Evo-Devo gerade geht. Diesem argumentativen Fehlschluss, mit dem Erklären des Seins zu meinen, auch das des Werdens offengelegt zu haben, erliegen die Autoren mehrfach. Es stellt sich nämlich die Frage, ob dieser hypotheti-

⁴ „Bedauerlicherweise verursachen viele der gegenwärtig benutzten Begriffe wie ‚adaptation‘, ‚exaptation‘, ‚bricolage‘ und nicht zuletzt ‚collage‘ eine deutliche Konfusion, da sie auf zweierlei Bezug nehmen: auf einen Prozess und dessen Produkte. Eine begriffliche Präzisierung ist ohne Frage erforderlich“ (GREGORY 2008, 364).

⁵ Vgl. z. B. WAGNER et al. (2005; 2007) und (COYNE 2005, 1029): „Aber Modularität und ein gemeinsamer genetischer Baukasten können für sich alleine nicht die ‚endlosen Formen‘ begründen, weil konservierte Gene Vielfalt nicht erklären können.“

sche Prozess des Neuerschaltens empirisch belegt und experimentell nachvollziehbar ist.⁶

Die *Idee* der Gen-Tinkering bzw. der Kooption von schon vorhandenen Genen für neue Aufgaben wäre darüber hinaus nur der *allererste Schritt* des Weges, der gegangen werden muss, um den mutmaßlichen evolutionären Vorgang zu erklären. HEMMINGER & BEYER (2009, 139) behaupten dennoch, dass Module schon „durch einfache Mutationen *in komplexer Weise* intern umstrukturiert werden können“; das ist jedoch nicht durch empirische Befunde gedeckt. Sie verweisen dazu auf GILBERT (2003, Kap. 23.5), dort werden aber keine experimentellen Belege dafür geliefert, dass und wie dieser Vorgang funktioniert. SCHERER (2010) hat an einem vergleichsweise einfachen Beispiel – der Kooption eines einzelnen Proteins – gezeigt, welche Abstimmungen schon ein relativ einfacher Schritt zur Erlangung einer neuen Proteinfunktion erfordert. *Mit einer „einfachen Mutation“ ist es bei weitem nicht getan.* Die Schwierigkeiten potenzieren sich, wenn ganze Signalübertragungswege oder andere größere Module kooptiert werden sollen. Das gilt erst recht, wenn ein kompletter Hox-Gen-Komplex dupliziert und diese Vermehrung genetischen Ausgangsmaterials die Basis für neue Strukturen sein soll, wie das für viele Details der frühe Wirbeltierevolution postuliert wird. Das Problem besteht darin, dass bereits für eine einfache Kooption zahlreiche aufeinander abgestimmte Anpassungen des Systems erforderlich sind, um den erfolgreichen Einbau eines Proteins oder eines abgewandelten Funktions- bzw. Entwicklungsmoduls in diesem zu garantieren.

Es hat sich erschwerend für diese Szenarien herausgestellt, dass oft unabhängig voneinander in völlig unterschiedlichen stammesgeschichtlichen Linien *ähnliche Kooptionen* erfolgt sein sollen (z. B. beim Linsencrystallin, s. o.). Das evolutionstheoretische Konvergenzproblem (mehrfach unabhängige Entstehung baugleicher Merkmale) verschärft sich also durch Evo-Devo enorm und damit die evolutionstheoretisch zu erklärenden Probleme. HEMMINGER & BEYER (2009, 139) stellen sich diesen Problemen nicht und meinen, dass die Modularität der Lebewesen es erleichtere, dass „komplexe Umbauten oft sogar mehrmals *unabhängig* voneinander in ähnlicher Art und Weise vonstatten“ gehen konnten. Diese Einschätzung beruht aber der irrigen Auffassung, dass Kooptionen einfache Vorgänge wären. Wenn aber in Wirklichkeit schon ein einfacher Kooptionsschritt viele gleichzeitig erfolgende Abstimmungen benötigt, muss gerade das Auftreten von Konvergenzen unter einem ganz anderen Licht bewertet werden. Da es keine Zielvorgaben in der Evolution gibt, ist – bildlich gesprochen – das unabhängige Einschlagen dessel-

ben Weges *ohne Zielvorgabe* extrem unglaublich, wenn schon der *einmalige* Weg evolutionär nur schwer, wenn überhaupt gangbar ist.

Wie funktioniert die evolutionäre Nutzung des Werkzeugkastens?

Wie erwähnt führte die Entdeckung der nahezu identischen Nutzung ähnlicher Module bei ganz verschiedenen Organismen zur Vorstellung von einem genetischen Werkzeugkasten. Wie aber werden dessen Teile genutzt? HEMMINGER & BEYER (2009, 143) beschreiben es so: „Die ontogenetischen Entwicklungswege, die zu den verschiedenen Gliedmaßen, Augentypen usw. führen, wurden in der Evolution also nicht jedes Mal neu erfunden; vielmehr ist an der Steuerung der Bildung der verschiedenen Strukturen immer ein gemeinsames genetisches Element (bzw. *Entwicklungsmodul*) beteiligt, unter deren Kontrolle die verschiedensten Strukturgene ausgeprägt werden können.“ Sie verweisen auf mobile Gene, sog. Transposons, die beim Hin- und Her-Springen andere Genabschnitte mitnehmen, welche dann irgendwo im Erbgut zufällig eingebaut werden können. Auf diese Weise soll das bereits erwähnte Gen-Tinkering auch zu ganz neuen Funktionalitäten führen. In JUNKER (2007) wird diskutiert, welche Probleme dieser Vorgang beinhaltet, so am Beispiel des Gens *distalless (dll)*, das zur korrekten Ausformung von Extremitäten erforderlich ist (es sei auf diesen Artikel S. 17ff., 29ff. verwiesen). In der Fachliteratur werden diese Probleme natürlich diskutiert; HEMMINGER & BEYER übergehen sie leichtfüßig. Das ist umso erstaunlicher, als sie zwar auf einige Fragmente von JUNKER (2007) eingehen, die dort genannten Probleme des Gen-Tinkering und der Nutzung des Werkzeugkastens nicht einmal erwähnen, geschweige denn lösen.

Exploratives Verhalten

Im Weiteren verweisen HEMMINGER & BEYER auf das „explorative Verhalten“ von Geweben. (Die Autoren übersetzen „explorativ“ mit „selbst entdeck-

⁶ Die Problematik wird auch in diesem Zitat zum Ausdruck gebracht: „William Jeffery, an evolutionary developmental biologist at the University of Maryland, College Park, told Pennisi: ‘You can collect lists of conserved genes, but once you get those lists, *it’s very hard to get at the mechanisms* [of evolution]’. His conclusion is rather drastic: ‘Macroevolution is really at a dead end.’“ (FODOR & PIATTELLI-PALMARINI 2010, 30; Hervorhebung nicht im Original). Es sei darauf hingewiesen, dass mit dem „dead end“ nur die *Mechanismenfrage* gemeint ist.

kend“; s. u.) Damit ist gemeint, dass z. B. Muskel- und Nervenstränge sowie Blutgefäße dem Knochenwachstum flexibel folgen können. Ändert sich dieses, so ziehen Muskeln, Nerven und Blutgefäße koordiniert mit (GERHART & KIRSCHNER 2005). Damit sollen nun weitreichende Änderungen im Laufe der Evolution erklärbar sein. Ein Beispiel: „Als sich z. B. die Knochen der Vordergliedmaßen bei den Vorfahren der Fledermäuse durch eine genetische Veränderung verlängerten, war vermutlich keine weitere Mutation nötig, um auch die Nervenbahnen zu den angehefteten Muskeln zu verlängern. Vielmehr folgten diese der Veränderung *automatisch*, so dass eine synorganisierte Evolution ablaufen kann.“ Diese Argumentation übergeht, dass für viele neue Fähigkeiten ganz neue Muskelstränge erforderlich sind, die nicht einfach durch das explorative Verhalten erklärt werden können. Wieder machen HEMMINGER & BEYER es sich viel zu einfach, da eine Detailanalyse unterbleibt. Das gilt auch für das folgende Beispiel der beiden Autoren: „Ähnlich kann man sich die Entstehung neuer Hirnareale in der menschlichen Evolution vorstellen: Die Unterschiede bezüglich der kognitiven Fähigkeiten von Mensch und Schimpanse sind wahrscheinlich weniger die Folge *genetischer* Neuerungen als vielmehr die Konsequenz einer entsprechender *Verlängerung* der Wachstumsphase, wonach sich die Struktur des Gehirns, biomechanischen Prinzipien folgend, modifiziert. Gerade im Gehirn ist der Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse frappierend gering, was den Aufbau und die Aktivität der Gene betrifft (vgl. KHAITOVICH et al. 2005). Folglich muss der Grund für die strukturellen Unterschiede der Gehirne weitgehend im ‚selbst entdeckenden Verhalten‘ der Ontogenese zu suchen sein. Geringe Veränderungen in der Entwicklungsregulation, die dafür sorgen, dass die Hirn-Entwicklung beim Menschen länger anhält, könnten so die Emergenz neuer Hirnareale und mentaler Prozesse begründen“ (S. 144/145). Hier werden offensichtlich allenfalls sehr wenige notwendige Bedingungen für die Ausprägung des menschlichen Gehirns genannt; von einer Erklärung seiner Entstehung kann hier nicht einmal ansatzweise die Rede sein.

Erneut gehen HEMMINGER & BEYER nicht auf Gegenargumente gegen die Erklärungskraft mittels explorativem Verhalten ein (vgl. dazu CHARLESWORTH 2005; ERWIN 2005; JUNKER 2006).

Notwendige und hinreichende Bedingungen

Im vorigen Abschnitt wurde schon auf den Fehler hingewiesen, aus notwendigen Bedingungen oder

bloßen Begleiterscheinungen hinreichende Ursachen zu machen. Diesen Fehler begehen HEMMINGER & BEYER außer beim oben genannten noch in weiteren Beispielen, so z. B. bei der Erklärung von Flügelflecken bei Insekten (S. 145). Man hat herausgefunden, dass bei der Ausbildung von Flecken- oder Augenmustern dasselbe Regulationsgen *dll* eine wichtige Rolle spielt wie bei der Ausbildung der Extremitäten. Wie die Rekrutierung für diese vollkommen andere Aufgabe erfolgt ist, ist zum einen unbekannt. Zum anderen erklärt der Einsatz von *dll* bei der Ausbildung von Flügelflecken die Muster genauso wenig wie der An/Aus-Knopf ein technisches Gerät erklärt.

Ein weiteres Beispiel: HEMMINGER & BEYER (2009, 156) schreiben folgende bemerkenswerte Sätze: „Denn auch die größten Neuerungen in der Evolution können immer nur auf das ‚Ausschöpfen‘ des in den Genen schlummernden Entwicklungspotenzials zurückgeführt werden. Die Evolution der Fledermausflügel belegt dies in besonderer Weise: Für diese evolutive Neuerung waren offensichtlich keine komplexen Innovationen erforderlich; eine bereits vorhandene Struktur, die Vorderextremität konventionell gebauter Vierfüßer, wurde lediglich modifiziert.“ Das kann man wohl nur als Wunschvorstellung bezeichnen. Sie hat jedenfalls keine Basis in den vorliegenden experimentellen Befunden der Entwicklungsbiologie oder der vergleichenden Anatomie (z. B. ist die Flughaut von Fledermäusen insgesamt als Innovation zu werten; s. u.) oder in den Kenntnissen aus der Teratologie (Lehre von den Missbildungen). Denn Änderungen in Steuergenen führen bekanntermaßen zu (oft monströsen) Missbildungen, nicht aber zu physiologisch nützlichen Neuerungen für den Organismus wie etwa zu einem Fledermausflügel. Schwerwiegende krankhafte Veränderungen nach Mutationen von Regulationsgenen sind tausendfach dokumentiert, nicht aber evolutionsförderliche. HEMMINGER & BEYER (2009, 156) argumentieren unbeirrt weiter: Der morphogenetische Mechanismus, der zu den verlängerten Fingerknochen der Fledermäuse führte, sei bekannt: „Es handelt sich um eine Modifikation des morphogenetisch wirksamen Peptids *Bone morphogenetic protein 2* (BMP2). Je mehr BMP2 in den Fingerknochen vorhanden ist, desto länger werden die Knochen. Für die Fledermäuse konnte die Ursache für die Voraussetzung des aktiven Fluges, nämlich die verlängerten Phalangen, auf eine einfache Mutation zurückgeführt werden, die dafür verantwortlich ist, dass die Finger in der Embryogenese schneller wachsen als die übrigen Knochen (SEARS et al. 2006).“⁷ Auch in diesem Beispiel wird damit nur eine einzige *notwendige*, aber bei weitem nicht hinreichende *Voraussetzung* für die Ausbildung des

Fledermausflügels beschrieben (die Wirkung von BMP2), deren evolutive Entstehung selbst nur hypothetisch angenommen werden kann. Mit einem Gen, durch das die *Länge* von Extremitätenknochen beeinflusst wird, ist schließlich bei weitem nicht geklärt, wie die Form und physiologische günstigste Länge der einzelnen Fingerglieder, geschweige denn der Fledermausflügel als Ganzes entsteht. Dasselbe gilt für die Entstehung der Flughäute. Für deren Entstehung wurde eine weitere notwendige, nicht hinreichende Bedingung entdeckt, nämlich die Unterdrückung des programmierten Zelltods zwischen den Fingergliedern. Das erklärt noch lange nicht die Entstehung der Flughaut, denn diese besteht aus weit mehr als nur aus Geweberesten zwischen den Fingern. Aber verlängerte Fingerknochen plus Flughaut ermöglichen immer noch keinen Flug. Dazu braucht es spezifisch agierende Muskeln und vieles mehr. Weiter oben wurde erläutert, warum das „explorative Verhalten“ von Geweben, das die Autoren hier ins Spiel bringen, keine Antwort zur evolutiven Entstehung liefert. Bereits die beiden notwendigen Bedingungen „Verlängerung der Knochen“ und „Bildung der Flughaut“ müssten bei deren erstmaliger Entstehung – neben vielen weiteren Änderungen – *gekoppelt* auftreten, um einen Selektionsvorteil zu ermöglichen. HEMMINGER & BEYER machen es sich unter Ausblendung der Fülle an anatomischen, physiologischen und ontogenetischen Kenntnisse erneut sehr einfach mit einer angeblichen Erklärung zur Evolution des Fledermausflügels.⁸

Um es nochmals zu sagen: Die Entdeckung von Regulationsgenen und ihren Aufgaben besagt über ihre evolutive Entstehung und der von ihnen beeinflussten Organe und Strukturen relativ wenig. Ähnliches kann zur von den Autoren ebenfalls diskutierten Evolution des Schildkrötenpanzers (dazu ist eine gesonderte Publikation geplant) und der Entstehung von Giftzähnen gesagt werden (s. u.).

Experimentierfreudige Stadien

Nicht weniger problematisch wie der doppeldeutige und teleologische Gebrauch der Begriffe „Koption“, „Rekrutierung“ oder „Neuprogrammierung“ ist die Rede von „experimentellen Stadien“ der Evolution, da es in der Evolution keine „Experimentatoren“ gibt. Aufgrund des Befundes, dass viele Gruppen von Lebewesen plötzlich in großer Vielfalt und Verschiedenartigkeit fossil in Erscheinung treten, wird diese Redewendung schon länger in der Paläontologie gebraucht. In solchen Fällen wird vermutet, dass die Organismen zu Beginn der Formenexplosion viel flexibler gestal-

tet waren als später (oder als heute) und noch in viele Richtungen evolvieren konnten, und dies auch mehrfach unabhängig voneinander mit ähnlichem Ergebnis (Konvergenz) vollzogen. Diese Idee greifen HEMMINGER & BEYER (2009, 147) auf, wenn sie schreiben: „Die Evolution befindet sich, salopp gesprochen, noch in einem experimentierfreudigen Stadium. Dies kann eine vergleichsweise schnelle adaptive Radiation (*Formenexplosion*) zur Folge haben, wie z. B. die ‚Kambrische Explosion‘, die sich mit diesem Modell gut erklären lässt. Im Laufe der Zeit bauen immer neue Merkmale auf den älteren auf, und entsprechend steigt deren Bürde. Viele Merkmale sind heute zum Ausgangspunkt so vieler anderer, wichtiger Entwicklungsschritte geworden, dass sie (in dem betreffenden Taxon) überhaupt nicht mehr veränderbar sind“ (147). Diese zuletzt genannte Entwicklung soll zu Kanalisierungen führen, so dass die weiteren Evolutionsmöglichkeiten zunehmend eingengt werden. Außerdem soll auf diese Weise das häufige Auftreten von Konvergenzen plausibler werden.

Die Idee genetisch flexibler Vorläufer (quasi modular-evolutionäre Multitalente) ist rein hypothetisch. Aber gesetzt den Fall, es gab solche Formen, ergibt sich ein Paradox für die Evolution: Einerseits soll es zu Kanalisierungen kommen, die zu einer zunehmenden Einengung der Veränderungsmöglichkeiten (sog. „*constraints*“) führt, andererseits sollen immer wieder Formen entstanden sein, die zu Ausgangspunkten neuer Artaufspaltungen (Radiationen bzw. „experimenteller Stadien“) werden konnten und wieder große Flexibilität aufwiesen. Das heißt: Die „Entwicklungszwänge“ (*constraints*) mussten immer wieder aufgebrochen oder entschärft werden. Entstehung von *constraints* und deren Auflösung widerstreiten einander – eine Zwickmühle für Evo-Devo! Denn einerseits müssen *constraints* soweit aufgebrochen werden können, dass dadurch neue Strukturen entstehen können, andererseits wird dadurch die Stabilität der Organismen stark gefährdet, so dass sie ihre Konkurrenz- oder sogar Existenzfähigkeit verlieren könnten. Und die Idee, dass gelockerte *constraints*

⁷ Die Autoren SEARS et al. (2006) argumentieren übrigens vorsichtiger.

⁸ Ähnlich kritisiert MINELLI (2009, 212) unzulässig vereinfachende Vorstellungen zur Evolution des Giraffenhalses: „The vertebrae of the neck, the number of wings, or the overall size of an animal are important as well as showy aspects of its organization, but they are only a tiny fraction of the whole. ... It may be a good thing to bring the mouth and brain to a height of almost six meters, but you cannot accomplish this if the heart is not able to pump the blood to that height“ (Hervorhebung nicht im Original).

zu einer Explosion neuer Formen und Konstruktionen führen können, ist nicht belegt, sondern ausgesprochen spekulativ; möglicherweise ist dies sogar prinzipiell nicht prüfbar und damit außerhalb der Naturwissenschaft (da wir diese hypothetische Existenz solcher Organismen gar nicht empirisch kennen).

Auch diese Problematik wird in JUNKER (2007) ausführlich behandelt, die dort erläuterten Argumente finden jedoch bei HEMMINGER & BEYER keinen Niederschlag.

In den vorigen Abschnitten wurde öfter auf das Fehlen experimenteller Belege hingewiesen. Auf diesen Hinweis kommt regelmäßig der Einwand, Naturwissenschaft bestehe nicht nur aus Experimenten und es werde seitens der Kritiker ein überholtes Verständnis von Naturwissenschaft zugrunde gelegt. Dieser Einwand sticht nicht. Denn bei Evo-Devo geht es um die *Mechanismen* der hypothetischen Makroevolution, daher ist es angebracht, nach *experimentellen* Nachweisen zu fragen, denn das ist die Basis naturwissenschaftlich begründeter Aussagen im Rahmen der kausalen Evolutionsforschung. Evo-Devo wird sich an Experimenten und empirischen Belegen messen lassen müssen, nicht daran, ob die Ideen der Kooptation, Neuprogrammierung, des Aufbrechens von *constraints* oder von experimentierfreudigen Stadien sich in ein Evolutionskorsett phänomenologisch oder formal logisch einpassen lassen.

Falsche Verwendung von Begriffen

Grundbegriffe der evolutionären Entwicklungsbiologie werden von HEMMINGER & BEYER wiederholt zweckentfremdet oder falsch eingesetzt. Dazu zwei Beispiele: 1. Im Zusammenhang mit der Entstehung des Rückenpanzers der Schildkröten argumentieren die Autoren mit „Heterotopie“, das ist eine räumliche Verschiebung von Elementen einer Konstruktion im Verlauf der Evolution. Der Schildkrötenpanzer sei durch Heterotopie entstanden: „Dabei handelt es sich um Heterotopie, ein in der Ontogenese nicht ungewöhnlicher Vorgang“ (S. 160). Von Heterotopie zu sprechen macht aber nur in einem evolutionären Szenario Sinn, wenn man Einzelmerkmale in unterschiedlichen Ontogenesen hinsichtlich ihrer Position miteinander vergleicht. Die Tatsache, dass in der individuellen Ontogenese der Schildkröte Gewebeanteile von dorsal (rückenseitig) nach medial (in die Mitte) und ventral (bauchseitig) wandern, ist keine Heterotopie, sondern ein sich immer wieder wiederholender normaler Entwicklungsvorgang. Heterotopie ist eine begriffliche Zuschreibung für ei-

nen hypothetischen phylogenetischen Abwandlungsprozess, der zu örtlich unterschiedlichen Lagen von homologisierbaren Gewebestrukturen bei Embryonen verschiedener Arten geführt haben soll (hier konkret Verlagerung des Schulterblattes unter die dorsalen Rippen bei Schildkröten im Vergleich zu den übrigen Wirbeltieren).

2. Im Zusammenhang mit der phylogenetischen Verlagerung der Giftzahnanlage im Oberkiefer bei Schlangen von dorsal nach ventral sprechen die Autoren von „Heterochronie“, obwohl hier ein Beispiel der Heterotopie vorliegt. Und das obwohl die Originalpublikation (VONK et al. 2008) an keiner Stelle von Heterochronie redet, sondern darüber, dass ein Prozess der „ontogenetic allometry displaces the fang from its posterior developmental origin to its adult front position“. Dass dieser Verlagerungsprozess durch HEMMINGER & BEYER dennoch unbeirrt mit verschiedenen Aspekten der Heterochronie gleichgesetzt wird (wie Neotenie, Progenese), ist fachlich falsch. Dazu kommt ein fast grenzenloser Glaube in die schöpferische Macht von Heterochronien, der in der Formulierung gipfelt: „Weder dieser Schritt noch die Heterochronie erfordern allzu große Veränderungen der Entwicklungsregulationen. So lässt sich die Frage, wie die Giftschlangen in der Evolution zu ihren Zähnen kamen, mit Hilfe von Evo-Devo elegant beantworten“ (S. 167). Erneut ein Beispiel der Verwechslung von notwendigen mit hinreichenden Voraussetzungen und zugleich einer Verwechslung von Beschreibung und Erklärung. Die Idee, dass durch Heterochronie evolutionäre Innovationen zustande kommen können, wird in JUNKER (2007) diskutiert; einige Evolutionsbiologen äußern sich über die evolutionären Möglichkeiten durch Heterochronie kritisch (z. B. MÜLLER 1991, KELLOGG 2002, 77; ARTHUR 2004, 82); auch darüber findet sich bei HEMMINGER & BEYER kein Wort.

Die Rezeption des „Genesisnet“-Artikels über Evo-Devo durch HEMMINGER & BEYER

Unter der Überschrift „Kreationismus und ‚intelligentes Design‘“ gehen HEMMINGER & BEYER auf meinen Genesisnet-Artikel über „Evo-Devo ein (JUNKER 2007). Anstelle einer Auseinandersetzung mit den dort erläuterten und detailliert begründeten Argumenten bietet dieser Abschnitt in weiten Teilen Unterstellungen und Verdrehungen, was im Folgenden anhand einiger Zitate von HEMMINGER & BEYER gezeigt werden soll. Die Behauptungen der Autoren sind nachfolgend **dunkelblau** gesetzt.

„Die ... Studiengemeinschaft WORT UND WISSEN versucht den Eindruck zu erwecken, dass viele Biologen immer noch unsicher seien, ob überhaupt eine Evolution stattgefunden habe.“ – Begründet wird dies mit einem Text aus einer Buchbesprechung, in dem es heißt, dass „die beobachteten mikroevolutiven Vorgänge und die Indizien aus Biologie und Paläontologie u. E. in keiner Weise ausreichen, eine Entwicklung neuer Baupläne als bewiesen und gut begründet zu betrachten.“ Offenbar haben die Autoren „u. E.“ – unseres Erachtens – überlesen. Für Ihre Behauptung werden Hemminger & Beyer keinen Beleg bei Wort und Wissen finden.

„Das Argument beruht auf einer Irreführung. Denn ob die Entstehung neuer Baupläne in der Evolution kausal erklärt werden kann oder nicht, hat mit der Frage, ob es eine Evolution (Stammesgeschichte) und in deren Zuge die Entwicklung besagter, neuer Baupläne gegeben hat, erst einmal nichts zu tun.“ – Diese angebliche „Irreführung“ kann ebenfalls durch keinen Text von Wort und Wissen belegt werden. Den Unterschied zwischen dem tatsächlichen *Ob* und dem modellierenden *Wie* der hypothetischen Stammesgeschichte hat Wort und Wissen schon immer betont und klar auseinandergehalten.

„Seine wenigstens teilweise sachliche Darstellung wird jedoch von einer schier endlosen Folge von Zitaten umrahmt, die aus den Irrungen und Wirrungen der Biologiegeschichte stammen und suggerieren, dass die Evolutionstheoretiker ihrer Sache nicht sicher seien.“ – Es handelt sich erneut um eine durch nichts begründete Unterstellung, die in keiner Weise dem Tenor des kritisierten Artikels entspricht.⁹ Biologiegeschichte ist in meinem Evo-Devo-Artikel nur ein Randthema, das nicht einmal eine halbe von über 40 Seiten einnimmt. Was an der Darstellung meines Evo-Devo-Artikels unsachlich ist (da nur „teilweise sachlich“), wird nicht gesagt. Es ist ein bloßes Schlechtmachen.

„Ausführliche Beispiele sollen demonstrieren, dass Biologen so von der Evolution sprechen, als hätte diese Absichten und Ziele (40 ff). Belegt das, wie JUNKER meint, eine unterschwellige Tendenz zum ‚intelligenten Design‘?“ – Diese Frage impliziert eine weitere unzutreffende Unterstellung. Vom „intelligenten Design“ ist im Genesisnet-Artikel über Evo-Devo überhaupt nicht die Rede. Ein Kernsatz in diesem Abschnitt lautet im Original: „Es ist schon sehr erstaunlich, dass ein solches Vokabular verwendet wird, obwohl in Wirklichkeit ein ungeplanter, ziel- und geistloser Vorgang beschrieben werden soll.“ Zum Argument, es handle sich nur um Metaphorik sei auf Abschnitt 3.1 in Junker (2009a) verwiesen.

„Die Forschung wird zum Teil korrekt, aber auch verzerrt und mit einem durchgehenden Grundton des Bezweifelns referiert.“ – Eine weitere Unterstellung. Verzerrt ist die Wiedergabe meines Textes in der Darstellung von Hemminger & Beyer, wie in den vorgenannten Beispielen bereits belegt wurde. Und wenn behauptet wird, ich würde Dinge verzerrt darstellen ohne dies mit einem einzigen konkreten Beispiel zu

belegen, handelt es sich erneut um ein bloßes Schlechtmachen.

„Das durch die evolutionäre Entwicklungsbiologie erweiterte Gesamtmodell der Evolution kommt gar nicht in den Blick. Stattdessen werden Teilaspekte betrachtet (S. 13): ‚Populationsgenetik und Entwicklungsgenetik beschreiben also zwei zu unterscheidende, wenn auch keine alternativen Evolutionsmechanismen.‘“ – Letzteres Zitat ist sinngemäß bei einer Reihe von Evo-Devo-Forschern zu finden (wie in meinem Artikel belegt), aber es hat überhaupt nicht die Funktion, das Gesamtmodell der Evolution aus dem Blick zu verlieren. Im Gegenteil geht aus meinem Artikel unmissverständlich hervor, dass beide Aspekte (Populationsgenetik und Entwicklungsgenetik) zusammenkommen müssen. Die Unterstellung von Hemminger & Beyer ist abwegig. Übrigens sind Populationsgenetik und Entwicklungsgenetik keine „Evolutionsmechanismen“ sondern methodisch klar definierte Forschungsgebiete. Forschungsmethoden sind keine kausalen Mechanismen.

„Warum? Es handelt sich nicht um zwei ‚Mechanismen‘, sondern um zwei Systemebenen, die das Evo-Devo-Modell miteinander verbindet.“ – Genau das wird in meinem Artikel thematisiert.

„Eine weitere, unverständliche Trennlinie zieht JUNKER zwischen Entwicklungsplastizität und ‚Neuprogrammierung‘ (S. 15).“ – Auch hier kann von Trennlinie nicht die Rede sein! Unverständlich ist dagegen, warum Hemminger & Beyer so etwas behaupten. Sie zitieren aus meinem Artikel: „In Kurzform können zwei verschiedene Mechanismen von Evo-Devo wie folgt zusammengefasst werden [...]: 1. Evolution geschieht durch Neuprogrammierung bzw. Neuverwendung von Genen, die regulatorische Aufgaben haben. 2. In der Evolution neuer Strukturen sind phänotypische Veränderungen die Vorreiter, bevor es zu Änderungen des Erbguts kam. Dies ist möglich durch die große Formbarkeit (Plastizität) auf den ontogenetischen Entwicklungswegen.“ Wo ist hier von einer Trennung die Rede? Diese beiden (z. T. hypothetischen) Prozesse werden auch nicht „künstlich auseinander“ genommen, wie HEMMINGER & BEYER behaupten. Diese Behauptung der beiden Autoren ist abwegig. Ihre weitere Behauptung „Aber dabei wird die evolutionäre Entwicklungsbiologie bis zur Unkenntlichkeit entstellt, denn ihr Wesen hegt eben in der *Synthese* dieser beiden Aspekte“ entbehrt daher jeglicher Grundlage in meinem Text.

⁹ Was die „endlose Aneinanderreihung von Zitaten betrifft, sei auf Folgendes hingewiesen: In meinem Evo-Devo-Artikel gebe ich zu Beginn folgenden deutlich hervorgehobenen Hinweis: „Der Artikel hat zum Teil (vor allem in den Anmerkungen) den Charakter einer Stoffsammlung, da viele Beispiele und Hypothesen nur andiskutiert werden können.“ Die Zitatensammlung findet sich vor allem in den Fußnoten als zusätzliche Belege und Hinweise zu eigenem Studium.

„Auch die vermeintlichen Gegensätze zwischen der „Synthetischen Evolutionstheorie“ und Evo-Devo, die JUNKER auf S. 3, Abb. 2 anführt, wurden von ihm mehr oder weniger gewaltsam konstruiert.“ – Das ist vollkommen falsch und stellt die Tatsachen auf den Kopf. Die genannten Gegensätze sind durchweg anhand zahlreicher Zitate von Evo-Devo-Forschern belegt, wie man sich leicht anhand meines Artikels und der angegebenen Literatur vergewissern kann. HEMMINGER & BEYER müssen sich hier die Frage gefallen lassen, wie gut die die Evo-Devo-Literatur überhaupt kennen – eine Frage, die sich übrigens auch angesichts ihrer Literaturangaben stellt.

„Wer behauptet heute beispielsweise noch, es bestehe „eine einfache Beziehung zwischen Genotyp und Phänotyp“? Diese Position ordnet JUNKER fälschlicherweise der Synthetischen Evolutionstheorie zu.“ – Auch das ist falsch. Diese Zuordnung habe ich referiert und mit Zitaten belegt. Es ist nicht *meine* Zuordnung. Ich empfehle hierzu besonders die Lektüre von AMUNDSON (2005).

„Evo-Devo füllt gerade jene Lücke aus, die in der klassischen Theorie als ‚black box‘ behandelt wird. Das allgemeine Mutations-Selektions-Erklärungsschema wird nicht verdrängt, sondern mit Inhalt gefüllt.“ – Dass dem so ist, verdeutlichen sogar zwei Abbildungen in meinem Artikel (Abb. 2 und 8).

„Da viele Genexpressionen in der Ontogenese über Master-Gene und nachgeschaltete Hierarchien gemeinsam reguliert werden, kann die Expression aller untergeordneten Gene durch eine Mutation am Regulator auch gleichzeitig verändert werden.“ – Das ist, wie in den vorhergehenden Abschnitten erläutert, keineswegs der Fall. Das Master-Gen schaltet nachfolgende Kaskaden ein oder aus (wobei das schon verkürzende Redeweise ist), und nur insofern beeinflusst es diese, aber deren Expression kann dadurch nicht koordiniert geändert werden. Wenn doch, müsste das empirisch (deskriptiv) oder experimentell gezeigt werden. Auf die in meinem Artikel diskutierte eigentliche Problematik der Änderung von Steuerungen gehen HEMMINGER & BEYER dagegen nicht ein.

„Das homöotische Gen Pax-6 beispielsweise steuert bei *Drosophila melanogaster* mehr als 2000 einzelne Genloci an. Eine Veränderung der Funktion eines solchen ‚Mastergens‘ verändert möglicherweise ein ganzes ‚Programm‘ synchron und kooperativ, was die Entstehung adaptiver Innovationen wesentlich erleichtert. Das demonstrieren die homöotischen Mutationen der Antennapedia-Genfamilie bei *D. melanogaster*.“ – Das tun sie nicht, denn die nachfolgende Kaskade wird im Wesentlichen unverändert abgerufen und vor allem zeigen die homöotischen Mutationen nicht, wie neue Funktionalitäten entstehen. Wieder fehlt die Auseinandersetzung mit den von mir präsentierten Argumenten.

„Doch JUNKER ignoriert den vorgestellten Erklärungsansatz ebenso wie die anderen, durch Evo-Devo erreichten, theoretischen Fortschritte; zumindest hält er sie für untauglich, die „Makroevolution“ zu erklären.“ – Was

gilt nun: „ignoriert“ oder „hält sie für untauglich“ zur Erklärung von Makroevolution? Hemminger & Beyer beschreiben nicht einmal die von mir vorgestellten Evo-Devo-Mechanismen angemessen, geschweige denn, dass sie sich mit der vorgebrachten Kritik auseinandersetzen.

„Man gewinnt dabei den Eindruck, er habe sehr viel über Evo-Devo gelesen und gleichzeitig nur wenig verstanden, da er vor den entscheidenden Aussagen konsequent die Augen verschließt.“ – Das ist ein klassisches *argumentum ad hominem*, das Neukamm an anderer Stelle des Buches „Evolution im Fadenkreuz des Kreationismus“ als untaugliches rhetorisches Mittel (zurecht) kritisiert. In Wirklichkeit referieren Hemminger & Beyer nur einen kleinen Teil meiner Darstellungen über Evo-Devo und gehen auf die Argumente nicht ein.

„Die bloße Behauptung, dass der entwicklungsgenetische „Werkzeugkasten“ unreduzierbar komplex sei und auf einem Planungsakt beruhe, führt erkenntnistheoretisch und biologisch nirgendwo hin.“ – Die Behauptung, der entwicklungsgenetische „Werkzeugkasten“ sei unreduzierbar komplex, findet sich nicht in meinem Artikel, auch nicht sinngemäß, und auch nicht in anderen Publikationen der Studiengemeinschaft Wort und Wissen.

„Warum diese gut belegten Mechanismen für JUNKER die Möglichkeit von Innovationen in der Stammesgeschichte nicht wahrscheinlicher machen, bleibt unklar.“ – Genau das wird ausführlich in meinem Artikel diskutiert, doch Hemminger & Beyer gehen nicht darauf ein. Täten sie das, dann würde deutlich, dass ihre Auffassung „In diesem Modell müssen weder kleinere noch größere Zwischenschritte gefordert werden, als sie durch plausible genetische Veränderungen möglich sind. Damit sind zwei gegensätzliche kreationistische Argumente hinfällig“ nicht durch Daten gedeckt ist.

Diese immer noch unvollständige Auswahl verzerrender und sachlich falscher Behauptungen über meinen Genesisnet-Artikel über Evo-Devo mag genügen, um hinreichend zu belegen, dass HEMMINGER & BEYER einer sachlichen Auseinandersetzung aus dem Wege gegangen sind, weil sie prinzipiell evolutionskritischen Argumenten nichts zutrauen und sie selber nicht genügend über den Diskussionsstand bei Evo-Devo informiert zu sein scheinen. Auf S. 162f. nennen die Autoren zusammenfassend vier Punkte meiner Kritik, die nicht annähernd widerspiegelt, was in meinem Genesisnet-Artikel ausgeführt wurde. Dort werden acht Kritikpunkte zusammengefasst, und sie lauten anders als die vier Punkte, die HEMMINGER & BEYER formulieren. Umso unerfreulicher ist, dass sie am Schluss ihres Beitrags u. a. an meine Adresse gerichtet von „grundsätzlicher Verweigerungshaltung“ und „naturwissenschaftlichen Totalverweigerern“ sprechen (S. 168). Ein Vergleich von HEMMINGER & BEYER (2009) mit JUNKER (2007) würde offenbaren, wer hier was verweigert.

Die Design-Perspektive: nomen est omen

In seinem Buch „Biased Embryos and Evolution“ schreibt ARTHUR (2004, 36) folgenden bemerkenswerten Satz: „Obwohl der Begriff ‘Schöpfungswissenschaft’ anrühige Assoziationen beinhaltet, weil er häufig von einigen religiösen Fundamentalisten verwendet wird, brauchen wir wirklich eine Art ‘Schöpfungswissenschaft’ (in einem anderen Sinne dieses Begriffs) als einen Hauptbestandteil der Evolutionstheorie.“ Evo-Devo, die „Evolutionäre Entwicklungsbiologie“ soll dies leisten. Bisher ist Evo-Devo – soweit experimentell nachvollziehbar – jedoch im Wesentlichen „Devo“ und fast kein „Evo“. Die Entwicklungsbiologie ist experimentell arbeitende Naturwissenschaft, die zu faszinierenden Entdeckungen geführt hat, denen sicher noch viele weitere folgen werden. Die darauf aufbauenden Mutmaßungen über evolutionäre Prozesse, die nur mit mehrdeutigen und teleologischen Begriffen beschrieben werden können („wir brauchen eine Art ‚Schöpfungswissenschaft‘“), sind dagegen außerhalb der naturwissenschaftlichen Methodik und überschreiten die Grenze dessen, was naturwissenschaftlich begründet werden kann. Diese Grenze darf auch in Richtung einer Design-Perspektive überschritten werden, zumal gerade im Rahmen des Evo-Devo-Ansatz vermehrt teleologische Begriffe verwendet werden („evolutionäre Strategie“, „Kooption“, „Neuprogrammierung“, „Flickschusterei“ bzw. „Gen-Tinkering“ – auch ein Flickschuster verfolgt ein Ziel – und andere). Wenn man so will: Es gibt eine Evolution der *teleologischen Sprache* (Zielorientierung durch einen Akteur) in der Evolutionsbiologie. Aus teleologischer (Schöpfungs-)Perspektive ergibt sich ebenfalls eine Fülle von Fragen, die naturwissenschaftlich bearbeitet werden können bzw. müssen. Wie breit ist das Spektrum, in dem experimentell fassbare Veränderungen von Genen, Organen und Organismen dokumentiert werden? Welche Voraussetzungen für konstruktive „Neuprogrammierungen“ müssen gegeben sein? Kann erwartet werden, dass diese durch ungerichtet agierende Mechanismen entstehen und sich durchsetzen? Gibt es Hinweise auf vorprogrammierte Variabilität und Plastizität, die den Lebewesen ermöglichen, größere Umweltschwankungen zu verkraften? Bilden Endpunkte des möglichen Variabilitäts- und Plastizitätsspektrum von Organismen die Basis für evolutionäre Neuerungen? (vgl. JUNKER 2009b) Diese Fragen, die sich aus der Design-Perspektive ergeben, können nur durch weitere Forschung beantwortet werden. Die Komplexität der Lebewesen macht dies zu einer Mammutaufgabe, und einfache sowie eindeutige Antworten sind

nicht zu erwarten. Dennoch: Je genauer das untersuchte System bekannt ist, desto besser können die aufgeworfenen Fragen beantwortet werden. Die Design-Perspektive braucht ebenso wie die Perspektive Evolution Forschung zu ihrer Stärkung (JUNKER 2009a)!

Literatur

- AMUNDSON R (2005) The Changing Role of the Embryo in Evolutionary Thought. The Roots of Evo-Devo. Cambridge Univ. Press.
- ARTHUR W (2004) Biased Embryos and Evolution. Cambridge Univ. Press.
- ARTHUR W (2007) The search for novelty. *Nature* 447, 261-262.
- CHARLESWORTH B (2005) On the origins of novelty and variation. *Science* 310, 1619-1620.
- COYNE JA (2005) Switching on evolution. How does evo-devo explain the huge diversity of life? (Rezension). *Nature* 435, 1029-1030.
- ERWIN D (2005) A variable look at evolution. *Cell* 123, 177-179.
- FODOR J & PIATTELLI-PALMARINI M (2010) What Darwin got wrong. New York.
- GILBERT SF (2003) *Developmental Biology* 2003, 7th ed. Sunderland, Mass.
- GREGORY TR (2008) The Evolution of Complex Organs. *Evo. Edu. Outreach* 1, 358-389. doi 10.1007/s12052-008-0076-1
- HEMMINGER H & BEYER A (2009) Evolutionäre Entwicklungsbiologie: Schlüssel zum kausalen Verständnis der Evolution. In: NEUKAMM M (Hg) *Evolution im Fadenkreuz des Kreationismus*. Göttingen, S. 134-170.
- JUNKER R (2006) Rezension von Marc W. Kirschner & John C. Gerhart: *The Plausibility of Life. Resolving Darwin's Dilemma*. *Stud. Int. J.* 13, 53-56.
- JUNKER R (2007) Evo-Devo. http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/p41266.php
- JUNKER R (2009a) Spuren Gottes in der Schöpfung? Eine kritische Analyse von Design-Argumenten in der Biologie. *Holzgerlingen*.
- JUNKER R (2009b) Evo-Devo: Schlüssel zur Makroevolution? Teil 3: Genetische Akkommodation: Schritte zum Erwerb evolutiver Neuheiten? *Stud. Int. J.* 16, 74-80.
- KELLOGG EA (2002) Are macroevolution and microevolution qualitatively different? Evidence from Poaceae and other families. In: CRONK QCB, BATEMAN RM & HAWKINS JA (eds) *Developmental Genetics and Plant Evolution*. London, pp. 70-84.
- KIRSCHNER MW & GERHART JC (2005) *The plausibility of life*. New Haven and London.
- LEDON-RETTIG CC, PFENNIG DW & NASCONE-YODER H (2008) Ancestral variation and the potential for genetic accommodation in larval amphibians: implications for the evolution of novel feeding strategies. *Evol. Dev.* 10, 316-325.
- MINELLI A (2009) *Forms of Becoming. The evolutionary biology of development*. Princeton.
- MONTEIRO A & PODLAHA O (2009) Wings, Horns, and Butterfly Eyespots: How Do Complex Traits Evolve? *PLoS Biology* 7, 209-216. (e1000037)
- MÜLLER GB (1991) *Developmental Mechanisms at the Ori-*

- gin of Morphological Novelty: A Side-Effect Hypothesis. In: NITECKI MH (ed) *Evolutionary Innovations*. Chicago, pp. 99-130.
- NEUKAMM M (2009) Neues Paradigma. *Evolutionäre Entwicklungsbiologie*. *Laborjournal* 11/2009, 24-27.
- PIATIGORSKY J (2008) A Genetic Perspective on Eye Evolution: Gene Sharing, Convergence and Parallelism. *Evo. Edu. Outreach* 1, 403-414.
- SCHERER S (2010) Die Entstehung des bakteriellen Rotationsmotors ist unbekannt. www.evolutionslehrbuch.info/teil-4/kapitel-09-04-r01.pdf
- SEARS KE, BEHRINGER RR, RASWEILER IV JJ & NISWANDER LA (2006) Development of bat flight: Morphologic and molecular evolution of bat wing digits. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 103, 6581-6586.
- VONK FJ, ADMIRAAL JF et al. (2008) Evolutionary origin and development of snake fangs. *Nature* 454, 630-633.
- WAGNER GP, MEZEY J & CALABRETTA R (2005) Natural selection and the origin of modules. In: CALLEBAUT W & RASKIN-GUTMAN D (eds) *Modularity: Understanding the development and evolution of natural complex systems*. Cambridge, Mass., pp 33-29.
- WAGNER GP, PAVLICEV M & CHEVERUD JM (2007) The road to modularity. *Nat. Rev. Genet.* 8, 921-931.