

## „Glücksfall Mensch“ – gegen den Strich gelesen

Rezension von Reinhard Junker

**Jonathan B. Losos: Glücksfall Mensch. Ist Evolution vorhersehbar? München: Carl Hanser, 2018, 381 Seiten. (Titel der Originalausgabe: Improbable Destinies: Fate, Chance, and the Future of Evolution)**

Unter Evolutionsbiologen gibt es seit etlichen Jahren einen Streit um eine grundsätzliche Frage: Verläuft Evolution langfristig in vorhersehbaren Bahnen und *mussten* letztlich die Baupläne entstehen, die heute in der Tier- und Pflanzenwelt existieren, oder spielen zufällige Effekte eine so große Rolle, dass auch etwas ganz anderes hätte entstehen können? Kurz: Eher Notwendigkeit oder eher Zufall? Zwei bedeutende Forscher stehen für diese beiden Positionen: Stephen J. Gould steht für die „Zufall“-Seite, Simon Conway Morris für die „Notwendigkeit“. Gould argumentierte in seinem vielzitierten Buch „Zufall Mensch“, dass in der Evolution der Lebewesen so viel Unvorhersehbares (Kontingentes) geschehe, dass sie ganz anders verlaufen würde, wenn man das Band des Lebens nochmals auf dem Einzellerstadium neu starten könnte<sup>1</sup> (GOULD 1991; vgl. STEPHAN 1994). Dagegen wies Conway Morris darauf hin, dass es ein derart großes Ausmaß an Konvergenzen gebe, also auf unabhängigen Wegen ähnliche „Lösungen“ für ähnliche Erfordernisse, dass angenommen werden müsse, dass diese Lösungen *notwendigerweise* erreicht wurden (vgl. BRAUN 2012).

Die Auffassungen dieser beiden Antipoden bilden den Hintergrund des Buches „Glücksfall Mensch“ von Jonathan Losos. Der Autor wurde vor allem durch seine langjährigen Arbeiten an der karibischen Eidechsenart *Anolis* bekannt, und selbstverständlich nehmen diese einen prominenten Platz in seinem Buch ein. Losos erzählt lebendig von diesen Eidechsen und über einige weitere spannende Langzeitstudien in Freiland-situationen und im Labor – immer mit der Fragestellung, was sie zur Frage nach Zufall und Notwendigkeit (bzw. Wiederholbarkeit) in der Evolution beitragen.

Man erfährt nicht nur interessante Forschungsergebnisse, sondern auch einiges darüber, wie sie zustande kamen, wie die Wissenschaftler ihre Ideen entwickelten und welche Mühen sie auf sich nahmen, um ihren Fragen nachzugehen – Dinge, die man in den eher trockenen Fachartikeln nicht erfährt – ein Blick hinter die Kulissen.

Losos' Antwort zur aufgeworfenen Grundfrage ist ein klares „Sowohl – als auch“. Sowohl in den Vorgän-

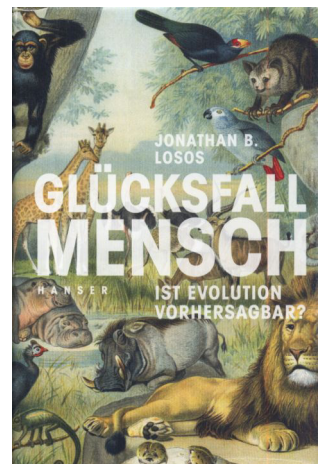
gen im Freiland als in den Ergebnissen, die unter kontrollierten und eher unnatürlichen Laborbedingungen erzielt wurden, findet er Hinweise auf Vorhersagbarkeit als auch auf Nicht-Vorhersehbares in den beobachteten Veränderungen der betreffenden Arten.

### Überblick über das Buch

Nachdem Losos im einleitenden Kapitel die beiden gegensätzlichen Positionen „Zufall“ und „Notwendigkeit“ umrissen hat<sup>2</sup>, schildert er in Kapitel 1 eine Reihe eindrucksvoller Konvergenzen. Deren Liste wird immer länger und eindrucksvoller. „In den letzten Jahren erkannten Wissenschaftler Konvergenzen in fast jeder erdenklichen Art von Merkmal“, stellt Losos fest (58). Einige besonders bemerkenswerte Beispiele sind die mehrfach unabhängige Entstehung von chemisch identischem Koffein (auf verschiedenen mutmaßlichen Entwicklungspfaden) oder das Anlegen von unterirdischen Pilzgärten bei Termiten, Ameisen und einigen Käfern.<sup>3</sup>

Losos gelangt zur Aussage: „Es ist fast egal, welches Merkmal man herausgreift, es hat sich mehrfach konvergent entwickelt“ (62).

Besonders auf Inseln fänden sich „wiederholte natürliche Experimente der Evolution“ (89), seien es die von Losos selbst untersuchten *Anolis*-Eidechsen („Nur sehr wenige Spezies von einer Insel haben keine Doppelgänger auf



<sup>1</sup> Allerdings vertrat er „Notwendigkeit“ (constraints) bei einmal eingeschlagenen Wegen.

<sup>2</sup> „Es geht ... darum, ob natürliche Selektion unausweichlich die gleichen evolutionären Ergebnisse hervorbringt oder ob bestimmte Ereignisse in einer Abstammungsgeschichte – die Zufälle der Geschichte – das Endergebnis beeinflussen“ (38f.).

<sup>3</sup> Losos verweist auf George McGhees Buch „Convergent Evolution: Limited Forms Most Beautiful“ und auf Conway Morris' Folgebuch: „The Runes of Evolution: How the Universe Became Self-Aware“ mit größtenteils neuen Konvergenz-Beispielen.

mindestens einer anderen Insel“, S. 85), *Mandarina*-Schnecken (85f.), Mausohrfledermäuse (86f.), Frösche Madagaskars (87f.) oder Pflanzenarten, die auf Inseln baumförmig werden (93). Eine Wiederholung zahlreicher Merkmalsausprägungen ist auch bei domestizierten Tieren bekannt (94).

Es gibt andererseits aber auch eine Reihe von einmaligen Merkmalen, sei es bei Inselarten und Arten des Festlands (Kapitel 3). Losos bringt auch dafür eine Reihe von Beispielen, und es ist nicht klar, weshalb bei vielen Merkmalen keine Konvergenzen bekannt sind.

In Teil 2 (Kapitel 4-8) schildert Losos eine Reihe von Experimenten, mit denen die Wiederholbarkeit evolutionärer Veränderungen untersucht wurde: Freilandexperimente mit Guppys auf Trinidad und mit *Anolis*-Eidechsen auf den karibischen Inseln, ein groß angelegtes Freiland-Experiment mit Wiesengräsern sowie Experimente in künstlich angelegten Wasserbecken und Sandkästen. Allgemeiner Tenor: Innerhalb nah verwandter Formen (innerhalb von Familien bzw. Grundtypen<sup>4</sup>) sind sich wiederholende, gleichartige Änderungen die Regel und diese Änderungen erfolgen um Größenordnungen schneller als früher angenommen, nämlich innerhalb weniger Generationen anstelle von Millionen von Jahren.

So sind beispielsweise Guppy-Männchen oberhalb von Wasserfällen, wo es wenige Fressfeinde gibt, farbenfroh gemustert (vermutlich mit Bedeutung bei der Balz), flussabwärts dagegen sind sie unauffällig gefärbt; dort haben sie es mit vielen Fressfeinden zu tun, und Tarnung ist daher wichtig. Oder es zeigte sich, dass die Größe der Farbpunkte auf ihrer Haut mit der Kieselgröße im Bachbett korrelierte (Tarneffekt) und dass die Zeit bis zum Erreichen der Geschlechtsreife in Abhängigkeit von der Anwesenheit von Fressfeinden variiert. Experimente mit manipulierten Umgebungen zeigten, dass die Fische sich in wenigen Generationen wiederholt an neue Umgebungen anpassen können. Das Aussehen und das Verhalten bei experimentellen Umsiedlungen verändern sich schnell und vorhersagbar.

Zahlreiche ähnliche Beobachtungen wurden bei den *Anolis*-Eidechsen gemacht. Beinlänge, Form der Zehnlappen und Haftpolster, Körpergröße und Farbe haben sich mehrfach schnell und parallel in ähnlicher Weise in Anpassungen an verschiedene Habitate verändert – was nach bisheriger Auffassung im Verlauf von Millionen von Jahren erfolgt sein soll (180).

Wichtig ist dabei, dass durch Kontrollstudien ausgeschlossen werden konnte, dass die Anpassungen auf phänotypische Plastizität (Reaktion auf Umweltreize ohne erbliche Unterschiede) zurückzuführen sind, sondern tatsächlich genetische Grundlagen haben.

Schließlich wirft Losos einen Blick auf Langzeitex-

perimente mit Mikroorganismen (Teil 3, Kapitel 9-12). Ausführlich werden das seit 1988 laufende Langzeit-Evolutions-Experiment mit zwölf Linien des Darmbakteriums *Escherichia coli* und seine wichtigsten Ergebnisse beschrieben. Auch hier zeigen sich viele parallele Entwicklungen, aber auch Unterschiede in den Linien, die allesamt die gleichen Startbedingungen hatten. Die Unterschiede dürften auf verschiedene Mutationen zurückzuführen sein, aber auch auf verschiedene Möglichkeiten, sich auf eine neue Umwelt einzustellen. Losos fasst zusammen: „Trotz dieser Vorbehalte kann man schlussendlich durchaus sagen, dass sich in mikrobiellen Evolutionsexperimenten vieles als wiederholbar erweist. ... Diese Erkenntnisse legen nahe, dass die Evolution immer wieder den gleichen Weg nimmt, zumindest auf der makroskopischen Ebene – identische Populationen, die identischem Selektionsdruck ausgesetzt sind, entwickeln sich gewöhnlich auf ganz ähnliche Weise“ (263). Eine Ausnahme ist die nur einmal aufgetretene Fähigkeit, Citrat bei Anwesenheit von Sauerstoff zu verwerten, die auf drei selten auftretende Mutationen zurückgeführt werden kann (s. u.).

## Bewertung

Ist angesichts der von Losos vorgestellten Beispiele Evolution also vorhersagbar? Man muss mit Losos differenzieren: „Auf kurze Sicht teilweise ja. Aber je mehr Zeit vergeht und je unterschiedlicher die Vorfahren oder Bedingungen sind, umso weniger zuverlässig werden die Prognosen“ (351). Die spannende Frage ist, woran das liegt. Ein Schlüssel ist die *Geschwindigkeit* der Veränderungen. Anpassungen innerhalb weniger Generationen sind nur möglich auf der Basis genetischer Programmierung. Genetische Programme sind vorhanden und werden abgerufen. Ein Neuaufbau durch Mutationen würde sehr viel mehr Zeit brauchen, bereits für die Ausbreitung in der Population, aber auch weil vorteilhafte Mutationen selten sind. Vorhersagbarkeit ist also möglich, wenn Bauplanmodule und Variationsmöglichkeiten bereits auf Abruf vorliegen und durch verschiedene Auslesebedingungen in unterschiedlicher Weise zur Ausprägung gebracht werden können.

Mutationen scheinen dagegen für das Auftreten der parallelen Änderungen eher eine untergeordnete Rolle zu spielen; sie führen aber zu einer Sequenzvielfalt, die

<sup>4</sup> Zu einem Grundtyp gehören alle biologischen Arten, die durch Kreuzungen direkt oder indirekt miteinander verbunden sind, unabhängig von der Fruchtbarkeit der Mischlinge und den Umständen der Kreuzung. Der Mischling muss dabei das Erbgut beider Eltern ausprägen.

zur Bestimmung von Verwandtschaftsverhältnissen genutzt werden kann (s. u.).

Warum aber ist eine Vorhersage von Veränderungen auf längere Sicht kaum oder gar nicht möglich? Das hängt damit zusammen, dass die Herausbildung eines größeren Formenkreises nicht nur durch Abrufen latenter Anlagen erklärt werden kann, sondern echte Neuheiten erfordert. Und Neuheiten sind nicht vorhersehbar (vgl. JUNKER 2018). Niemand hätte – evolutionstheoretisch argumentiert – zu Beginn des Tertiärs vorhersagen können, dass sich Fledermäuse oder Bartenwale entwickeln würden, genauso wenig wie heute niemand seriös vorhersagen kann, welche ganz neuen Organe sich in welcher Organismengruppe in Zukunft herausbilden werden. Neuheiten brauchen Erfindungen und damit sind die evolutionären Prozesse klar überfordert.

Vom Langzeitexperiment mit *E. coli* berichtet Losos nur in einem Fall von einer Neuheit. Deren Auftreten kann durch drei aufeinander aufbauende Zufallsmutationen rekonstruiert werden, wobei für jede Mutation ein aktueller Selektionswert angegeben werden kann (Mutationen hätten sonst nur zufällig – durch Gendrift – fixiert werden können). Das „Neue“ ist die Fähigkeit, Citrat bei Anwesenheit von Sauerstoff aufzunehmen (statt wie zuvor nur unter sauerstofffreien Bedingungen), – kein neues Enzym, kein neuer Stoffwechselschritt (vgl. BINDER 2008). Eine solche geringfügige „Neuheit“ mit der Entstehung von Auge oder Niere zu vergleichen (wie es Losos auf S. 277) tut<sup>5</sup>, ist unseriös. Auch die Feststellung „Evolutionsexperimente im Labor haben einen brillanten Beitrag zur Klärung dieser Fragen geleistet ...“ (302) ist stark übertrieben und tendenziös. Das Paradebeispiel des Langzeitexperiments zeigt gerade nicht, wie Neuheiten durch Zufallsmutationen und Auslese entstehen, sondern belegt nur geringfügige, untergeordnete Veränderungen.

Insoweit genetische Programmierungen (Polyvalenz, latente genetische Programme) als Hauptursache für Veränderungen gemacht werden können, sind Vorhersagen möglich, nicht jedoch wenn zufällige Mutationen die Ursache sind. Phänotypische Vielfalt in einem engeren Verwandtschaftskreis ist vor diesem Hintergrund offenbar nicht in erster Linie auf Mutationen zurückzuführen. Losos selber stellt fest: „Eine echte Prognose wird im Voraus, basierend auf einem detaillierten Verständnis des zu untersuchenden Systems, gestellt und nicht, indem man einfach abwartet, was wiederholt geschieht, und dann vorhersagt, dass es weitere Wiederholungen geben wird“ (316). Das Fehlen einer Vorhersagbarkeit ist ein Symptom dafür, dass eine Entstehung neuer Baupläne naturwissenschaftlich nicht beschrieben werden kann (vgl. JUNKER 2018).

## Eine Bestätigung für Schöpfung und die Grundtypenbiologie?

Die eher vorhersagbaren und zufälligen Aspekte in der (z. T. nur hypothetischen) Evolution scheinen recht klar verteilt zu sein: Als vorhersagbar erweisen sich Änderungen, die sich in einem engeren Verwandtschaftskreis abspielen und sie sind in Langzeitstudien über mehrere Generationen direkt beobachtbar. Es spricht einiges dafür, dass die vorhersagbaren Änderungen gar nichts mit Evolution im neodarwinistischen Sinne zu tun haben (zufällige Mutationen und Auslese als Kernmechanismen), sondern auf vorhandene, verborgene Variationsprogramme zurückgehen. Dafür spricht schon die überraschende und enorm große Schnelligkeit der vorhersagbaren Veränderungen (s. o.). Liest man diesen Aspekt von Losos' Buch gegen den Strich, so liefert es gute Argumente für die Grundtypenbiologie der Schöpfungslehre: Es gibt programmierte Variabilität und sie kann unter geeigneten Bedingungen schnell zur Ausprägung kommen. Das ist genau das, was im Rahmen der Grundtypenbiologie schon länger postuliert wurde.

Die zufälligen Aspekte von Veränderungen betreffen zum einen größere Änderungen, also Merkmale, durch die sich Ordnungen oder höhere Taxa voneinander unterscheiden. Die Etablierung dieser Änderungen durch Evolution ist hypothetisch und nicht experimentell nachvollziehbar. Dass hier der Zufall eine dominante Rolle spielt, ist selbst kein Zufall. Hier geht es um evolutionäre Neuheiten bzw. um Erfindungen. Ihr Zustandekommen lässt sich nicht aus Vorbedingungen und Gesetzmäßigkeiten ableiten. Zwar gibt es auch hier Wiederholungen – Konvergenzen, aber ihre Verteilung folgt keiner erkennbaren Gesetzmäßigkeit und kann nicht durch einen gemeinsamen Pool programmierter Möglichkeiten erklärt werden. Auf dieser Ebene sind Wiederholungen – komplexe Konvergenzen – ein Problem: Wie können ohne Programmierung auf der Basis von Zufallsmutation und streng gegenwartsbezogener Selektion anspruchsvolle „Ziele“ mehrfach unabhängig erreicht werden? Schließlich können weder Mutation noch Selektion in die Zukunft sehen.<sup>6</sup> Auch hier kann man gegen den Strich lesen: Die zufällige

<sup>5</sup> „Die Cit+-Geschichte trägt maßgeblich zum besseren Verständnis des evolutionären Prozesses bei. Einerseits veranschaulicht sie, wie es zu großen evolutionären Fortschritten kommt. Gewöhnlich ist jedes komplexe Merkmal – wie ein Auge oder eine Niere – nicht das Ergebnis einer einzigen Mutation, die aus dem Nichts heraus eine neue Struktur schafft“ (277). Auch der Begriff „Merkmal“ für einen Merkmalskomplex „Auge“ oder „Niere“ ist fragwürdig.

Verteilung komplexer Konvergenzen bei entfernt verwandten Organismen kann als Indiz dafür gewertet werden, dass die größeren Bauplanunterschiede gar nicht evolutiv entstanden sind.

Zum anderen zeigt sich die Zufälligkeit der Veränderungen auch im Großteil der Mutationen, die nichts anderes als Kopierfehler sind und auch nicht auf versteckte Programmierung zurückgeführt werden können. Diese DNA-Sequenzänderungen sind zu einem großen Teil für die Lebewesen relativ bedeutungslos, ermöglichen aber, Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb von

Grundtypen zu rekonstruieren. Sie sind daher als Marker für Verwandtschaft nützlich, kaum aber als Erklärungen für nennenswerte evolutionäre Veränderungen.

## Literatur

- BINDER H (2008) Langzeit-Evolutionsexperiment mit *Escherichia coli*. Empirischer Befund für neue Funktion durch Mutation? Stud. Int. J. 15, 96-98.
- BRAUN HB (2012) Warten auf einen neuen Einstein. Stud. Integr. J. 19, 12-19.
- GOULD SJ (1991) Zufall Mensch. Das Wunder des Lebens als Spiel der Natur. München – Wien.
- JUNKER R (2018) Gibt es eine naturwissenschaftliche Evolutionstheorie? Internetartikel. <http://www.wort-und-wissen.de/artikel/a25/a25.pdf>
- STEPHAN M (1994) Neuere Forschungen zur Lebewelt im Kambrium und Jung-Präkambrium- ein Überblick. Stud. Integr. J. 1, 4-11.

---

<sup>6</sup> Das merkt Losos ausdrücklich an: „Wie gesagt, die natürliche Selektion hat keinen Weitblick. Sie bevorzugt keine Mutation, nur weil diese in der Zukunft nützlich sein wird“ (276). Zur Richtungslosigkeit der Mutationen schreibt er: „Aber wir können nicht vorhersagen, an welcher DNA-Stelle es zu einer Mutation kommen wird, und noch viel weniger, was für eine Mutation es sein wird“ (284).