

Schöne Biologie

# Vielfalt durch Vergleich



■ "What's true for *E. coli* is true for elephants, and what's not true for *E. coli* is not true", sprach der französische Nobelpreisträger Jacob Monod vor über vierzig Jahren. Aus heutiger Sicht sicherlich übertrieben, aber damals war die biochemisch-molekularbiologische Community einfach völlig begeistert von der übergreifenden Erkenntnis ihrer Disziplinen, dass die Biochemie der allermeisten grundlegenden Stoffwechselprozesse in sämtlichen Zellen vom Bakterium bis zum Menschen prinzipiell gleich abläuft. Citratzyklus, RNA-Synthese, DNA-Replikation, Protein- und Fettsäurestoffwechsel,...

Im Jahr 2000 fragte man dann Arthur Kornberg – ein weiterer Nobelpreisträger, der zeitlebens biochemische Prozesse ausschließlich an Prokaryoten, vor allem *E. coli*, erforschte – nach seiner Meinung zu Monods Satz. Er antwortete, dass ihm natürlich klar sei, dass da draußen nicht nur Prokaryoten lebten. Und genauso sei ihm klar, dass die Evolution auf den verschiedenen Organisationsstufen immer wieder Neues hervorgebracht habe. Andererseits aber sei er doch der Meinung, dass man noch lange nicht alles von den Prokaryoten gelernt hätte, was man nahtlos und gewinnbringend auf eukaryotische Systeme übertragen könne. Und er beschloss seine Antwort ebenfalls mit einem Statement: „Don't reject model systems, just don't forget their limitations.“ Kein Dogma also, eher ein Plädoyer für den Wert von Modellen.

Wie auch immer, folgerichtig war damals das Konzept des Reduktionismus längst auf Siegeszug durch die Biodisziplinen – und hatte damit gleichsam die Ära der „Modell-Biologie“ eingeleitet.

Eine Folge davon war logischerweise ein beträchtlicher „Artenschwund“, vor allem in den Edelblättern. *Nature* und *Science* schienen über lange Zeit nur noch aus Maus, *Drosophila*, *E. coli* und Hefe zu bestehen. Erst später kamen *Caenorhabditis*, *Arabidopsis* und Zebrafisch hinzu. Und dazwischen gab es eine Handvoll kleinerer Forscherclubs, die immer wieder mal ein Paper über *Dictyostelium*, *Tetrahymena*, *Chlamydomonas* oder den Krallenfrosch in diese Monotonie hineintupfen konnten.

Das hat sich in den letzten Jahren deutlich geändert. Man blättere nur mal in den *Nature*-Ausgaben der Sommerwochen. Da schreiben etwa australische Forscher über die Evolution der Giftapparate in Eidechsen und Schlangen (*Nature* 439, S. 584). Ein südamerikanisches Team unter kolumbianischer Führung berichtet über die Verschmelzung zweier *Heliconius*-Schmetterlingsarten zu einer neuen (*Nature* 441, S. 868). Zwei Hefte früher ging es bereits ebenfalls um Artbildung – diesmal aber um die Aufspaltung einer Palmenspezies der Gattung *Howea* in zwei neue auf der kleinen Lord Howe-Insel in Ozeanien (*Nature* 441, S. 210). Und nochmal eine Woche davor konnte man nette Vogel-Bildchen von verschiedenen gemusterten Halsbandschnäppern (*Fidecula albicollis*) bewundern (*Nature* 441, S. 84).

Weitere Artikel aus dem gleichen Zeitraum gingen über Asselspinnen, Wüstena-meisen, den wurm-ähnlichen afrikanischen Lurch *Boulengerula taitanus*,... – oder zuletzt den Koala, in dessen Genom australische Forscher ein Retrovirus aufspürten, das offenbar gerade mitten im Übergangsstadium zwischen freiem Virus und endogenem Genomelement ist (*Nature* 442, S. 79).

Der aufmerksame Leser hat längst gemerkt, dass den meisten dieser Artikel Studien aus der vergleichenden Genomforschung zugrunde liegen. Diese wiederum wurde in breitem Maßstab erst kürzlich durch die Methoden der Hochdurchsatzforschung möglich. Und es gibt ja nicht wenige, die sagen, dass die umfassenden Möglichkeiten der Hochdurchsatz“-Omiken“ als logische Konsequenz den Blick gerade wieder weiten: von der lange vorherrschenden reduktionistischen Forschung, also der isolierten Betrachtung einzelner Komponenten, hin zur „ganzheitlichen“, integrativen und vergleichenden Beschreibung kompletter Systeme.

Diese aktuelle Rückorientierung zu integrativen und vergleichenden Ansätzen scheint der treibende Motor dafür, dass in den Forschungsblättern die „Biodiversität“ wieder wächst. Wer hätte einst gedacht, dass ausgerechnet die automatisierten Hochdurchsatztechniken die Bioforschung wieder bunter machen würden? RALF NEUMANN