

Nicht ohne Beschreibung!



■ Wie schrieb der Humangenetiker Bernhard Horsthemke in unserem Septemberheft (S. 37): „Schöne Totschlagargumente sind auch die Behauptungen, das beantragte Projekt sei zu *deskriptiv* oder es würde nur korrelative Daten erzeugen. Auch wenn es bei vielen Projekten nicht anders geht – diese Ausdrücke haben einen wunderschönen negativen Beiklang, der Wunder wirkt.“

Ja ja, das Hohelied vom hypothesenbasierten Ansatz als der einzig wahre Weg Forschung zu betreiben. Ein ziemlicher Blödsinn. Worüber soll man denn spekulieren, wozu Hypothesen formulieren und wofür am Ende womöglich sogar Teststrategien entwickeln? Natürlich über Dinge oder Phänomene, die *beobachtet* und *beschrieben* worden sind – deren Funktion oder Bedeutung wir jedoch (noch) nicht kennen. Was umgekehrt ganz plakativ heißt: Die Beschreibung ist die Mutter jeder Hypothese.

Wie war es denn zum Beispiel, als die ersten Mikroskope entwickelt worden waren? Hatte irgendwer eine Hypothese formuliert, als man erstmals Zellen sah – mit Kern, Mitos, Golgi und all dem anderen Organellen-Gedöns? Wohl kaum. Man musste erst *beschreiben*, was man plötzlich *beobachten* konnte – und erst über die Beschreibung gelangte man zu vorsichtigen Spekulationen, wofür diese ganzen seltsamen Strukturen überhaupt gut sein könnten. Unter diesen Vorgaben schaute man folglich noch genauer hin, spekulierte je nach Beschreibung erneut – bis sich irgendwann aus diesem Wechselspiel aus beschriebener Beobachtung und Spekulation tatsächlich die ein oder andere Hypothese herauschälte, die man dann womöglich sogar gezielt testen konnte. Aber davor war harte deskriptive Forschung angesagt!

Olle Kamellen? In der modernen Bioforschung läuft das nicht mehr so? Mitnichten. Auch die Erstellung einer Genomsequenz ist prinzipiell erstmal eine reine Beschreibung, Hypothesen werden erst nachfolgend anhand der beschriebenen Sequenz gebildet. (Weshalb die Genomiker ihre Aktivitäten auch sehr früh schon als *hypothesen-gene-*

rierende Forschung etikettierten, um ja nicht den vermeintlich muffigen Mantel der *deskriptiven* Forschung umgelegt zu bekommen.)

Doch wir müssen gar nicht tief in die Genome steigen, wir können durchaus bei den Organellen bleiben. Denn auch heute noch werden diskrete Zellstrukturen neu entdeckt – und neu *beschrieben*.

So weiß man noch gar nicht so lange, dass ein oder einige funktionell zusammengehörige Proteine sich in der Zelle ganz gerne zu diskreten Klumpen oder Filamenten „zusammenkompartimentieren“, um ihre Jobs unter klaren räumlichen Bedingungen zu erledigen. Die sogenannten Nuclear Speckles („Kernflecken“) zum mRNA-Splicing oder das Protein-abbauende Proteasom sind vielleicht die bekanntesten Beispiele. In nahezu allen dieser Fälle hatte man indes zuerst „irgendwas gesehen“, es *beschrieben*, spekuliert, weiter beschrieben, weiter spekuliert – bis man irgendwann tatsächlich die Funktion entschlüsselt hatte.

Mit dem Yb Body ist man noch nicht ganz so weit. Erst vor wenigen Jahren im Zytoplasma von *Drosophila*-Eierstockzellen entdeckt, weiß man heute nur, dass die beiden Proteine Yb und Armitage diese klar abgegrenzten „Zellflecken“ formen und auf diese Weise für die Bildung der sogenannten PIWI-interacting RNAs (piRNAs) notwendig sind (*J. Biol. Chem.* 286: 3789-97).

Noch neuer gar sind „Zellschlangen“, oder Cytoophidia. Die so genannten Filamente haben Kopf und Schwanz und „kriechen“ tatsächlich durch das Zytoplasma von Bakterium, Fliege und Mensch. Erst im letzten Jahr haben Forscher aus Oxford und Princeton herausgefunden, dass hauptsächlich das eher unspektakuläre Enzym CTP-Synthase diese Schlangen-Filamente bildet (*J. Genet. Genomics* 37: 281-96; *Nature Cell Biol.* 12: 739-46). Aber wozu? Es darf noch spekuliert werden.

Womit wohl klar sein dürfte, dass noch viel Neues auf *Beschreibung* wartet – bevor man überhaupt an Hypothesen denken kann.