



Schöne Biologie

Intuitive Irrtümer

■ Daten sind das A und O in den Naturwissenschaften, klar. Dennoch gestehen überraschend viele der Intuition ebenfalls eine Schlüsselrolle in den experimentellen Wissenschaften zu.

Zum Beispiel Albert Einstein. In seiner Rede zum 60. Geburtstag von Max Planck konstatierte er: „Höchste Aufgabe der Physiker ist also das Aufsuchen jener allgemeinsten elementaren Gesetze, aus denen durch reine Deduktion das Weltbild zu gewinnen ist. Zu diesen elementaren Gesetzen führt kein logischer Weg, sondern nur die auf Einfühlung in die Erfahrung sich stützende Intuition.“

Oder der US-Physiker Richard Feynman, der in seinen „Vorlesungen über Physik“ die Intuition als absolut notwendig beschreibt, „um aus den Hinweisen die großen Verallgemeinerungen zu finden; um die wunderbaren [...] Gesetzmäßigkeiten hinter den Dingen zu erraten und danach durch das Experiment zu prüfen, ob wir richtig geraten haben.“

Entsprechend fasste der US-Mathematiker Raymond Wilder 1967 in *Science* (Bd. 156, S. 605-10) zusammen: „Die Hauptrolle der Intuition ist es, für eine konzeptionelle Basis zu sorgen, welche die Richtung für die weitere Forschung vorgibt. Sie liefert somit einen „educated guess“, der sich im Nachhinein als richtig, aber auch als falsch entpuppen kann.“

Dummerweise schert sich die Natur kein bisschen um die Intuition unserer Forscher – und schlägt ihr daher oft ein Schnippchen. Beispiel Humangenom. Lange herrschte intuitive Einigkeit, dass wir als vermeintliche Krone der Schöpfung und Gipfel der Komplexität in unseren Kernen viel mehr Proteine kodieren würden als alle anderen Erdbewohner. Das Ergebnis ist bekannt: typischer Fall von „Falsch geraten“. In den Kernen der Pappel entdeckten die Computer doppelt so viele mutmaßlich Protein-kodierende Sequenzen als in unseren, und das aufgeblähte Genom des einzelligen Genitalparasiten *Trichomonas vaginalis* toppt das unsrige gar um das Dreifache.

Statt mit purer Masse zu klotzen scheinen wir unsere Gene vielmehr deutlich effizienter und vielfältiger zu nutzen, argwöhnten daraufhin die Genomexperten. Und hier führte ihre Intuition sie tatsächlich auf den richtigen Pfad. Heute zeigen die Daten, dass jedes unserer Protein-kodierenden Gene im Schnitt für etwa fünf verschiedene Funktionen kodiert – dank alternativem Spleißen und ähnlichen Tricks.

Doch das reale Treiben in unseren Kernen sollte der reinen Forscherintuition schon bald wieder eine Nase drehen. Weniger Proteingene als gedacht, dafür aber die allermeisten mit multiplen Funktionen – da dürfte schon der Verlust eines einzelnen Gens teuer zu stehen kommen. Das argwöhnten die Spezialisten zumindest. Eine Gruppe aus dem britischen Wellcome Trust Sanger Institute in Hinxton schaute unlängst genauer nach und offenbarte ... – nun ja, *Unintuitives*.

Die Briten durchforsteten 1.151 gesunde Individuen aus aller Welt nach „Nonsense-SNPs“ – signifikant auftretenden Punktmutationen also, die die Produktion von Proteinen entweder komplett oder zumindest teilweise blockierten. Und siehe da, sie fanden tatsächlich 167 SNP-geblockte Gene. 99 davon waren gar bei einigen Versuchspersonen in beiden Kopien still gelegt (*Am. J. of Human Gen.* 84, S. 224).

Das heißt, von unseren etwa 20.000 Protein-kodierenden Genen sind offenbar mindestens hundert komplett entbehrlich, ohne Nachteil für Leib und Gesundheit. Ziemlich sicher handelt es sich dabei um Gene, die der moderne Mensch nicht mehr braucht, weshalb die natürliche Selektion begonnen hat, sie ganz langsam aus unseren Genomen zu eliminieren.

Tatsächlich trugen die Testpersonen im Schnitt 14 homozygote und 18 heterozygote Nonsense-SNPs. Im Mittel funktionieren also in jedem von uns mindestens 14 Gene *nicht*. Bei Craig Venter – das haben die Briten in dessen veröffentlichter Genomsequenz gleich nachgeschaut – sind es gar 18 der 99.

RALF NEUMANN