

# Grammatik der Genome

Prof. Dr. Axel Meyer, Biologe,  
Universität Konstanz



— In der Evolutionsbiologie werden, ermöglicht durch atemberaubende Fortschritte in der Methodik der DNS-Sequenzierung und Computeranalyse der vergangenen zehn Jahre, immer mehr und schneller komplette Genome sequenziert. Die Theorie der Populationsgenetik, also der Verteilung genetischer Variation zwischen Individuen einer Population, erlaubt es, Anpassungen, Selektion zu erkennen und die Populationsgeschichte zu interpretieren. Diese Theorie der Populationsgenetik ist vollständiger verstanden als wohl alle anderen Aspekte der Evolutionsbiologie. Mit ihr können Vorhersagen getroffen werden.

Aber auf dem Gebiet der vergleichenden Genomik – dem Forschungsfeld, das verstehen will, wie Genome funktionieren und wie und welche Teile des Genoms über den evolutionären Stammbaum verteilt sind – sind wir noch in einem sehr frühen, deskriptiven Stadium. Wir beschreiben immer noch einzelne Bäume, anstatt den Wald zu verstehen.

Unser Genom hat beispielsweise nur etwas mehr als 20 000 verschiedene proteinkodierende Gene, weitaus weniger als das Moos oder die Zutaten eines Müslis (Äpfel haben fast 60 000, und Weizen hat fast 100 000 Gene). Dabei sind diese proteinkodierenden Gene wohl nur ein Bruchteil der funktionellen Teile des Genoms. Doch die Funktion der übrigen rund

98 Prozent unseres Genoms, falls sie überhaupt eine haben, wird noch weit weniger verstanden.

Selbst „primitive“ Lungenfische oder einige Salamanderarten haben ein 30- oder sogar 50-mal größeres Genom als *Homo sapiens*. Wie passt das zusammen?

Offensichtlich erlaubt die Komplexität eines Organismus keine genauen Vorhersagen über die Größe oder Anzahl der Gene des Genoms. Wir sind weit davon entfernt, beschreiben zu können, wie ein Organismus aussieht, selbst wenn wir dessen komplettes Genom kennen.

Bisher werden zuerst Gene sequenziert und im Nachhinein Fragen gestellt. Wir suchen noch nach einer „Grammatik“, die beschreibt, wie die einzelnen Teile des Genoms miteinander kommunizieren, um, immer noch wie ein Wunder, einen funktionierenden Organismus aus einer befruchteten Eizelle zu bauen.

Ob am Ende allein die Populationsgenetik die Erklärung dafür liefert, wie das Genom zusammengesetzt ist, evolviert und wie weit es den Kräften der Selektion ausgesetzt ist, ist noch völlig offen. Was fehlt, ist eine Theorie des Genoms.



»Früher war die Naturwissenschaft ein  
Mittel zur *Abwendung* von Naturkatastrophen.  
Heute zur *Anwendung*«

JEANNINE LUCZAK-WILD,

Literaturwissenschaftlerin (geb. 1938), Herausgeberin von ausgewählten Werken des Schweizer Philosophen Paul Häberlin