Präziser als Darwin

Professor Axel Meyer von der Universität Konstanz kam anlässlich der Walausstellung im Zoologischen Museum nach Kiel. Im unizeit-Interview sprach der Biologe über Darwin, Delfine und Desoxyribonukleinsäure (DNA).

unizeit: Herr Professor Meyer, bei ihrem Vortrag im Zoologischen Museum haben Sie über die heutige Sicht auf »Darwins Geheimnis der Geheimnisse« gesprochen. Sind Darwins Erkenntnisse über die Entstehung neuer Arten durch natürliche Auslese überholt?

Meyer: So generell kann man das nicht sagen. Darwins Grundthesen in Bezug auf »Adaptation« und »Survival of the Fittest« sind nach wie vor richtig. Wahr ist aber auch, dass – zumindest aus heutiger Sicht – Darwin in vielerlei Hinsicht ungenau, vielleicht oberflächlich war. Auf der anderen Seite scheint an Darwin ein Anspruch gestellt zu werden, als sei er ein Philosoph gewesen. Ich sehe da einen fundamentalen Unterschied zwischen Natur- und Geisteswissenschaften. Wo in den Naturwissenschaften würden wir erwarten, dass ein Buch, das vor 150 Jahren geschrieben wurde, noch dem heutigen Standard der Wissenschaft entspricht? Anders in den Geisteswissenschaften, wo man sich noch auf alte Geistesgrößen wie Hegel oder Kant berufen kann.

Die meisten Doktoranden in der Evolutionsbiologie haben Darwin wahrscheinlich nie gelesen. Und es ist legitim zu fragen, ob sie das zu weniger guten oder weniger kompletten Evolutionsbiologen macht. Eine solche Art von wissenschaftshistorischen Betrachtungen, inwieweit Darwin recht hatte oder eben auch nicht, sind in der Evolutionsbiologie zwar interessant und wichtig, für die meisten Molekularbiologen ist dieses Denken aber irrelevant, weil es in dieser Art von Biologie um Fragen des »wie« geht, die entweder richtig oder falsch sind. In der Evolutionsbiologie geht es aber auch um »warum«-Fragen. Sicherlich konnte uns Darwin beispielsweise noch keinerlei Artwort über Genetik geben, denn allein das Wort »Gen« war ja noch gar nicht bekannt.

Dafür befassen Sie sich umso mehr mit den genetischen Unterschieden zwischen Arten.

Genau. Wir sequenzieren homologe DNA-Stücke, oder zunehmend ganze Genome, und machen dann DNA-Sequenzvergleiche. Aufgrund dieser Art von Daten kann man Stammbäume konstruieren oder auch nach gemeinsamen Vorfahren fahnden.

Mein Labor war eines der ersten, das die DNA-Polymerase-Techniken genutzt hat, um DNA zu sequenzieren. Das war Ende der achtziger, Anfang der neunziger Jahre. Das war die goldene Periode, in der alles, was man machte, in der Wissenschaftszeitschrift »Nature« veröffentlicht wurde. Ich habe mich nicht nur mit der Evolution von Fischen, sondern beispielsweise auch mit Walen und Delfinen beschäftigt. Es war bereits vermutet worden, dass Delfine mehrfach unabhängig voneinander das Süßwasser besiedelt haben müssen, denn sie leben ja in Amazonas, Ganges, Indus und Jangtse. Aber anhand von DNA-Vergleichen konnten wir nachweisen, dass diese Besiedelung des Süßwassers von verschiedenen Delfinvorfahren gemacht wurde.

Welche Veränderungen haben die neuen Möglichkeiten der DNA-Forschung in der Evolutionsbiologie mit sich gebracht?

Ein traditioneller Ansatz ist es, die Morphologie (also das äußere Erscheinungsbild) zu vergleichen. Die Evolution von externen Merkmalen und Spezialisierungen wiederholt sich aber und kann dazu führen, dass man irregeleitet wird und bestimmte Spezialisierungen als Zeichen von evolutionären Verwandtschaftsverhältnissen deutet. Dieser Gefahr ist man bei DNA-Sequenzen weniger ausgesetzt.

Und welche neuen Erkenntnisse ergaben sich daraus?

Zum Beispiel haben wir auch an Schildkröten und anderen Reptiliengruppen gearbeitet. Bei Schildkröten wurde immer davon ausgegangen, und das steht noch falsch in vielen Lehrbüchern, dass sie der basalste Ast der Reptilien sind. Wir haben aufgrund von DNA-Studien zeigen können, dass Schildkröten nicht dort unten an den Stammbaum der Reptilien gehören, sondern weit oben, als nächstlebende Verwandte von Krokodilen und Vögeln.

Das trägt dann auch dazu bei, das Image der Evolutionsbiologie bei den Studierenden zu verbessern. Denn es wird deutlich, dass nicht alles schon bekannt ist, nicht alles, was in den Lehrbüchern steht, auch richtig ist, sondern dass Forschungsergebnisse, an die ursprünglich schon unsere Großväter geglaubt haben, plötzlich in Frage gestellt werden.

Wie so viele junge Forscher gingen Sie in die USA. 1997 sind Sie aber nach Deutschland zurückgekehrt – bereuen Sie diese Entscheidung manchmal?

Am Anfang habe ich mich schon gelegentlich gefragt, ob ich da das Richtige getan habe. Aber ich finde, Deutschland könnte als Wissenschaftsstandort viel selbstbewusster auftreten – wir sind längst nicht so schlecht, wie wir uns immer einreden. Die Amerikaner sind einfach optimistischer und verkaufen sich besser. Dabei hatte ich in den USA bei weitem nicht die Ausstattung, die ich jetzt in Konstanz habe. Mir geht es hier viel besser als drüben.

Das Interview führten Jirka Niklas Menke und Kerstin Nees.

Professor Axel Meyer hat seit 1997 den Lehrstuhl für Zoologie und Evolutionsbiologie an der Universität Konstanz inne. Zuvor hatte der mit mehreren Preisen ausgezeichnete Wissenschaftler eine Professur an der State University of New York. Der gebürtige Schleswig-Holsteiner, 1960 in Mölln geboren, studierte Biologie in Marburg, Kiel, Miami, Harvard und Berkeley.