

Vanessa Lux

Gattung – Gen – Epigen

Zu einigen empirischen Befunden der Genomforschung und dem Wandel in der Vorstellung von Vererbung: Konsequenzen für das Konzept der „gesellschaftlichen Natur“

Aufgrund der naturhistorischen Gewordenheit des Menschen stellt sich für jede Psychologie die Frage nach dem Verhältnis des Psychischen zu seinen biologischen Grundlagen. In der Kritischen Psychologie ist diese Frage mit Bezug auf die neodarwinistische Evolutionstheorie beantwortet worden – allerdings nicht ohne theoretisch mitzureflektieren, dass der Mensch als Gattung die Eigenart besitzt, in Gesellschaften zu leben. Wie Volker Schurig in seiner Rekonstruktion der Psychophylogenese aufgewiesen hat, ist diese Tendenz zur gesellschaftlichen Form der Lebensgewinnung konstituierend für das Psychische beim Menschen (vgl. Schurig, 1976, sowie Holzkamp-Osterkamp, 1975, 1976; Holzkamp, 1983). Die gesellschaftliche Dimension menschlicher Entwicklung hat daher zentraler Bezugsrahmen für die Erforschung des Psychischen beim Menschen zu sein (vgl. ebd., S. 185ff.). Entsprechend versteht sich die Kritische Psychologie als geistes-/sozialwissenschaftlich orientierte Psychologie bzw. – unter methodologischen Gesichtspunkten – als Subjektwissenschaft.

Um nun das Doppelte von Biologie und Gesellschaftlichkeit menschlicher Existenz in seiner Verschränkung aber gleichzeitigen Hierarchisierung theoretisch zu fassen, wurde in der Kritischen Psychologie auf das Konzept der „gesellschaftlichen Natur“ zurückgegriffen (vgl. Holzkamp, 1983, S. 178ff.). Hiermit wurde möglich, das Primat der Biologie bzw. der Naturwissenschaften für eine aktual-empirische Erforschung psychischer Prozesse zurückzuweisen und zugleich deren biologische Fundierung weiterhin theoretisch anzunehmen. Die besondere Qualität des Psychischen beim Menschen liegt demnach aber in der gesamtgesellschaftlichen Vermitteltheit von Emotion, Kognition, Motivation, Lernen, Handeln etc. Es ist offenkundig, dass eine Subjektwissenschaft mit einem solchermaßen bestimmten Gegenstand auf aktuelle gesellschaftstheoretische Analysen angewiesen ist.¹ Demgegenüber erscheint die theoretische Erfassung der biologischen Grundlagen des Psychischen mit der Rekonstruktion der

¹ Inwieweit gesellschaftlichen Veränderungen, insoweit sie die in den Kategorien enthaltenen Spezifizierungen menschlicher Subjektivität betreffen, auch kategorial Rechnung zu tragen ist, wird diskutiert (vgl. Kaindl, 2008; Markard, 2009, 253ff.).

Psychophylogene abgegrenzt. Eine biomedizinische Beforschung des Psychischen wird ja gerade als reduktionistisch und biologistisch zurückgewiesen.

Eine neuerliche Betrachtung biologischer Konzepte und Theorien wird allerdings dann notwendig, wenn diejenigen, auf die sich in der Rekonstruktion der Psychophylogene bezogen wurde, dem Stand der biologischen Grundlagenforschung nicht mehr entsprechen (vgl. Schurig, 1976, S. 38). Wie mittlerweile sogar der medialen Berichterstattung zu entnehmen ist (vgl. z.B. Blech 2008, 2010), ist dies spätestens seit dem Ende des Humangenomprojekts für die Vorstellung vom Gen bzw. der DNA als materialer Vererbungsträger der Fall. Eine kritische Überprüfung der in die kritisch-psychologische Theoriebildung eingeflossenen Vorstellung von Vererbung ist angezeigt. Sie ist zugleich Voraussetzung, um auch zukünftig biologistische Denkformen in Bezug auf das Psychische zurückweisen zu können und einer fortschreitenden Genetifizierung menschlicher Lebensäußerungen etwas entgegenzustellen.

Kritisch-psychologische Vorstellungen von Vererbung: das Gattungsgen

Die Frage nach der Fundierung des menschlichen Bewusstseins (oder „des Psychischen“ beim Menschen) im Erbgut, in den Anlagen, im Genom oder in der DNA ist in der Kritischen Psychologie auf einer ganz anderen Ebene der Theoriebildung beantwortet worden als der, auf der Genetik bzw. Genomforschung ansetzen – nämlich als theoretische Annahme über notwendige Entwicklungsvoraussetzungen im Rahmen der Rekonstruktion der Psychophylogene. Grundlage für diese Annahme bildet die an Charles Darwin und August Weismann anknüpfende „synthetische Evolutionstheorie“ nach George G. Simpson, Theodosius Dobzhansky und Ernst Mayr (vgl. Schurig, 2006, S. 136). Unter Einbeziehung von Modellen aus der Populationsgenetik formulierten Simpson, Dobzhansky und Mayr eine „Synthese“ aus der sich ursprünglich entgegenstehenden Darwinschen Evolutionstheorie und der damals noch jungen Genetik (vgl. Huxley, 1942; Weber, 2010). Hierbei bestimmten sie die Gene als stabile und zugleich wandelbare Träger der Vererbung und die zufällige Mutation als Grundlage für evolutionäre Variation und Ansatzpunkt für Selektion. Volker Schurig begründet die Bezugnahme auf Simpson, Dobzhansky und Mayr als theoretischen Ausgangspunkt für seine Rekonstruktion der Psychophylogene damit, dass ein „*historisch-genetischer* Wissenschaftsansatz“ wie der der Evolutionstheorie „die Entstehung von Subjektivität und

des Bewusstseins im Tier-Mensch-Übergangsfeld am ehesten einer Erklärung zugänglich“ mache (Schurig, 2006, S. 136).

Die Annahme einer „gesellschaftlichen Natur“ des Menschen ergab sich dabei im Durchgang der Psychophylogenese als entwicklungslogische Notwendigkeit, um die Entstehung der gesellschaftlichen Form der Lebensgewinnung zu erklären. Immerhin ist der Mensch „als einziges Lebewesen ‚biologisch‘ dazu befähigt, sich zu vergesellschaften und an der Reproduktion des gesellschaftlichen Lebens teilzuhaben“ (Holzkamp, 1983, S. 55). Die genauen physiologischen oder molekularbiologischen Grundlagen der gesellschaftlichen Natur auf Seiten des einzelnen Individuums wie für die Gattung Mensch sind allerdings bislang ungeklärt, wobei die biologischen Grundlagen, der Gesamtkomplex körperlicher Voraussetzungen etwa für Bewusstsein,² als unspezifisch für die psychische Entwicklung betrachtet werden. Sie werden theoretisch zwar als notwendige Grundlage mitgedacht, zugleich wird der Aufklärung der beteiligten physiologischen, biochemischen und molekularbiologischen Ebenen an diesen körperlichen Bedingungen nur sekundäre Bedeutung für Bewusstseinsprozesse und das Psychische zugesprochen – als empirische Konkretisierung notwendiger somatischer (Entwicklungs-)Prozesse (vgl. Maiers, 1985, S. 123). Dem Erbgut bzw. der genomischen Information kommt dabei die Funktion des Trägers stabiler biologischer Bedingungen auf der Seite des Individuums zu, allerdings nur insoweit dieses Repräsentant der Gattung ist. Gemäß der Bezugnahme auf Simpson, Dobzhansky und Mayr gilt für die evolutionstheoretisch vorausgesetzte interindividuelle Variabilität der genomischen Information, dass sie für die Ebene der Psychophylogenese vernachlässigbar ist, da für diese lediglich populationsbezogene Unterschiede relevant sind. Diese aus der Populationsgenetik übernommene Sichtweise zeigt sich etwa an einem Beispiel von Schurig zur Entwicklung der Hirnkapazität: „Obwohl es gehirnphysiologisch durchaus denkbar ist, dass einzelne Primaten mit maximalen Schädelkapazitäten innerhalb der Normalverteilungskurve einer Population von der Organspezialisierung her potenziell zur Bewusstseinsbildung fähig sind, dürften in letzter Konsequenz aber Faktoren wie die Struktur der innerartlichen Kommunikation, der soziale Systemzusammenhang der Gruppe, die ihrerseits wieder von der durchschnittlichen Hirnkapazitäten der Population abhängig sind, entscheidend sein.“ (Schurig, 1976, S. 162) Für die evo-

² Schurig weist darauf hin, dass wahrscheinlich nicht nur das Gehirn, sondern der gesamte menschliche Körper, insbesondere Bipedie und Handgebrauch, aber auch der Kehlkopf physiologische Voraussetzungen für die evolutionäre Entstehung des Bewusstseins waren (vgl. Schurig, 1976, S. 104ff., 224ff., 264ff.).

lutionäre Herausbildung ist demnach nur einschlägig, was genetisch der gesamten Gattung – wie eine Art „Gattungs-Gen“ – zukommt.

Für die evolutionäre Herausbildung der gesellschaftlichen Natur wird dabei angenommen, dass es im Tier-Mensch-Übergangsfeld zu ersten Formen gesellschaftlicher Organisation kam, die im Zuge der Evolution eine relative Eigenständigkeit gegenüber dem einzelnen bzw. einzelnen Sozialverbänden gewinnen. Deren Ausbreitung mündet schließlich in den „Übergang von der Dominanz des phylogenetischen zum gesellschaftlich-historischen Gesamtprozess“ (Holzkamp, 1983, S. 197). Gemäß der evolutionstheoretischen Verortung wird davon ausgegangen, dass diese Entwicklung den Prinzipien der biologischen Selektion unterlag: „Die Evolution der menschlichen Gesellschaft ist in dieser Phase der Homination lediglich ein besonders erfolgreicher Selektionsfaktor“ (Schurig, 1976, S. 324). Sie wirke „in dieser Übergangsphase über den Selektionsmechanismus [...] selbst auf die genomische Information, also das ‚Erbgut‘ zurück. So entwickelt sich die biologische Funktionsgrundlage der Lern- und Entwicklungsfähigkeit der Hominiden [...] immer mehr zur biologischen Funktionsgrundlage für die Fähigkeit zur gesellschaftlichen Organisation der Lebensgewinnung. Der Mensch wird durch einen derartigen Kumulationsprozess genomischer Information zum einzigen Lebewesen, das aufgrund seiner ‚artspezifischen‘ biologischen Entwicklungspotenzen zur gesellschaftlichen Lebensgewinnung fähig ist.“ (Holzkamp, 1983, S. 179f.; Herv. entf. V.L.)

Mit dieser die gesellschaftliche Natur auf der Seite des Gattungs-Individuums charakterisierenden „natürliche[n] Entwicklungspotenz zur Gesellschaftlichkeit“ (ebd., S. 180) oder mit den „Vergesellschaftungspotenzen“ (ebd., S. 183) ist somit eine spezifische Lern- und Entwicklungsfähigkeit des Menschen gemeint, die letztlich auch im Einzelindividuum – das eben als Repräsentant der Gattung das „Gattungs-Gen“ besitzt – genomisch verankert ist. Aus der Perspektive entwicklungsnotwendiger Voraussetzungen des menschlichen Psychischen wird diese im Genom veranlagte Fähigkeit aber zugleich als im Detail unbestimmt und – im Gegensatz zu tierischen Phasen des Lernens – ohne Altersbeschränkung prospektiv offen spezifiziert. Sie ermögliche es gerade den Einzelnen, sich die historisch wandelnden Formen der (individuellen und gemeinschaftlichen) Vergesellschaftung immer wieder neu anzueignen, an ihnen zu partizipieren und sie letztlich auch bewusst zu gestalten: „Nur, indem [...] der Mensch *seiner Natur nach praktisch lebenslang lern- und entwicklungsfähig* wurde, konnte er die rapid wachsenden Anforderungen der sich historisch entwickelnden gesellschaftlichen Lebensgewinnungsformen individuell

realisieren und ist so ‚*biologisch*‘ dazu fähig, die *unabgeschlossene gesellschaftlich-historische Entwicklung* in seiner individuellen Entwicklung *immer wieder ‚einzuholen‘* und so durch seine Beiträge an der Reproduktion der jeweiligen Lebensgewinnungsform mitzuwirken.“ (Ebd., S. 419)

Die Rückwirkung der gesellschaftlichen Lebensformen auf die Phylogenese, deren Resultat die gesellschaftliche Natur des Menschen ist, wird schließlich durch das rasante und immense Wachstum der Frühgesellschaften, insbesondere durch den Anstieg der Anzahl an Menschen und somit die veränderte Größenordnung gesellschaftlicher Lebensgewinnung „bedeutungslos“ und der Dominanzwechsel „faktisch vollendet“ (ebd., S. 183). Dadurch komme es „nach dem Dominanzumschlag zum gesellschaftlich-historischen Prozess“ nicht mehr zur „selektionsbedingten Rückwirkung“ der „gesellschaftliche[n] Produktion [...] auf die genomische Information“. Es wird also angenommen, dass wegen extrem unterschiedlicher Zeitdimensionen in der phylogenetischen und der gesellschaftlichen Entwicklung „die ‚gesellschaftliche Natur‘ des Menschen sich nicht mehr phylogenetisch“ weiterentwickelt hat. Vielmehr ist auf der Grundlage der „biologische[n] Potenz des Menschen zur gesellschaftlichen Produktion, also dessen überindividuelle gesellschaftlich-historische Lern- und Entwicklungsfähigkeit“, auch „der Organismus-Umwelt-Zusammenhang endgültig in den gesellschaftlichen Mensch-Welt-Zusammenhang umgeschlagen“ (ebd., S. 193) und die gesamtgesellschaftliche Vermitteltheit individueller Existenzerhaltung erreicht.

Das Konzept der gesellschaftlichen Natur beinhaltet also neben der Annahme von Entwicklungspotenzen zur Vergesellschaftung auf der Seite der Einzelindividuen der Gattung zugleich – und hier zeigt sich die Funktion als Vermittlungskategorie – die Annahme der Verselbständigung gesellschaftlicher Entwicklung gegenüber der Phylogenese. Entsprechend ist mit dem Begriff „gesellschaftliche Natur“ der „*Mensch-Welt-Zusammenhang*“, auf den sich diese bezieht, immer mit gemeint (ebd., S. 432): „Die in der ‚gesellschaftlichen Natur‘ liegenden Entwicklungspotenzen sind also nicht ‚innere‘ Potenzen, zu denen die ‚äußeren‘ konkret-historischen Bedingungen irgendwie fördernd oder hemmend ‚hinzukommen‘, sondern Potenzen *zur* Entwicklung *in* jeweils konkret-historische Lebensbedingungen hinein. Die gesellschaftlichen Realisierungsbedingungen sind mithin ein *Bestimmungsmoment der menschlichen Entwicklungspotenzen* selbst. Diese können in ihrer menschlichen ‚Artspezifik‘ als Potenzen zur individuellen Vergesellschaftung *nur* in gesellschaftlich-historischer Konkretion in Erscheinung treten und sind dabei auch als ‚gelernte‘ Funktionsgrundlage [...] gesellschaftlich-historisch konkretisiert: *Gerade darin* liegt ja ihre

‚artspezifische‘, nur dem Menschen zukommende Eigenart *als* Entwicklungspotenzen der ‚gesellschaftlichen Natur‘“ (ebd., S. 433).

Das Konzept der „gesellschaftlichen Natur“ dient aber nicht nur der Verhältnisbestimmung von Natürlichkeit und Gesellschaftlichkeit, sondern auch als Vermittlungskategorie zwischen Phylogenese und Ontogenese. Auf der Ebene der Individualentwicklung muss nämlich garantiert sein, dass die funktionellen Voraussetzungen für die menschliche Lern- und Entwicklungsfähigkeit – beginnend mit der dem Signallernen vorausgesetzten Perzeptions-Wertungs-Operations-Koordination – auf der Seite der Einzelindividuen realisiert werden (vgl. ebd., S. 429). Dabei ist Holzkamp zufolge anzunehmen, dass die elementarsten Funktionsebenen der Perzeptions-Wertungs-Operations-Koordination – die Ebenen ‚der ‚Gradientenorientierung‘, der ‚Aussonderung/Identifizierung‘ und der ‚Diskrimination/Gliederung‘“ – „angeboren“ sind (ebd.). Sie sind als „entweder am Beginn der Ontogenese schon ‚funktionsfähig‘ oder durch einen physiologischen Reifungsprozess sich zur Funktionsfähigkeit entwickelnd“ zu verstehen, wobei diese Alternative sowie die Frage, „welchen Förderungs-/Hemmungsbedingungen ein solcher Reifungsprozeß unterliegt [...] und in welchen zeitlichen Erstreckungen er sich vollzieht“, nur aktual-empirisch zu entscheiden ist (ebd.).³ Im Sinne einer solchen Konkretisierung der gesellschaftlichen Natur hebt Holzkamp, auch in Anlehnung an Schurigs Bestimmung einer relativen Eigenständigkeit der Sprachentwicklung in der Psychophylogenese, weiterhin die Bedeutung der Sprache hervor (ebd., S. 222).

Mit der Rekonstruktion solcher, zum Teil notwendig hypothetisch gebliebener, individual-biologischer Voraussetzungen der ontogenetischen Dimensionen der gesamtgesellschaftlich vermittelten Lern- und Entwicklungsfähigkeit des Menschen ist – wie der Verweis auf die Frage des „Angeboren-Seins“ deutlich zeigt – der Eingriffspunkt der Genetik bzw. Genomforschung angesprochen. Bei Schurig und Holzkamp ist die „genomische Information“, präzisiert etwa als genetische bzw. DNA-Komponente solcher elementarsten Funktionsgrundlagen oder der zugehörigen Reifungsprozesse, Teil der materiellen Basis der gesellschaftlichen Natur des Menschen. Allerdings können die Funktionsgrundlagen der Perzeptions-Wertungs-Operations-Koordination, die möglicherweise im Zuge solcher Reifungsprozesse entstehen, im weiteren Fortgang der Ontogene-

³ „[M]an wird dabei an die Markscheiden-Reifungen und Synapsenbildungen von der pränatalen Phase an bis etwa zum Ende des ersten Lebensjahres denken, was natürlich nicht heißt, daß man damit während dieser Zeit eigentliche Lernprozesse ausschließen dürfte“ (Holzkamp, 1983, S. 429).

se durch umfassendere Lernformen überformt werden (Holzkamp, 1983, S. 429ff.). Die Grundlage für diese Hierarchisierung bildet die im Zuge der funktional-historischen Rekonstruktion der Psychophylogenese vorgenommene Unterscheidung zwischen „spezifisch-bestimmende[n], spezifisch-sekundäre[n] (mit-vergesellschaftete[n])“ und *unspezifische[n] Charakteristika menschlicher Lern- und Entwicklungsfähigkeit*“ (Maiers, 1985, S. 123). Diese Differenzierungen ermöglichen es auch, die Annahme einer unmittelbaren Entsprechung von Genotyp und Phänotyp – und das einer solchen Annahme zugrunde liegende Gen-Modell – als reduktionistisch zu problematisieren, ohne die biologische Dimension menschlicher Entwicklung zu negieren (vgl. auch die Kritik am physiologischen Reduktionismus bei Schurig, 1976, S. 136f.).

Für das Verhältnis zur Molekulargenetik bedeutet dies jedoch, dass mit dem Konzept der gesellschaftlichen Natur zugleich die Zurückweisung eines Gen-Modells einhergeht, demzufolge ein Gen eine diskrete Vererbungseinheit auf der Ebene des Genotyps mit einer kausalen Beziehung zu individuellen Eigenschaften auf der Ebene des Phänotyps ist (mendelisches oder auch klassisches Gen-Modell). Entsprechend bestimmt Holzkamp die Ausgangsfrage der Anlage-Umwelt-Debatte als falsche Problemstellung (Holzkamp, 1983, S. 431f.; vgl. auch Ulmann, 1991, S. 113). Am aus ontogenetischen Entwicklungsprozessen hervorgegangenen Phänotyp seien „Anlage“-Faktoren auf menschlichem Niveau einzig als *gattungsmäßige* Potenzen des Menschen zur individuellen Teilhabe an der *unabschließbaren* gesellschaftlichen Entwicklung adäquat wissenschaftlich zu fassen“ (Holzkamp, 1983, S. 432). In der Konsequenz könnten „*individuelle Unterschiede* des personalen Entwicklungsstands o.ä. *niemals auf ‚Anlage-Unterschiede‘ zurückgeführt* werden“ – zumindest nicht eindeutig. Daher sind diese zuvörderst „immer als *Resultat der gesellschaftlichen Förderung oder Behinderungen der Realisierung menschlicher Entwicklungsmöglichkeiten*“ zu begreifen (ebd.). Andernfalls bestehe die Gefahr, die empirische Uneindeutigkeit biologisierend zu vereindeutigen (vgl. auch Seidel, 2004, S. 1316). Kurz: Wie die im „Gattungs-Gen“ verankerten Entwicklungspotenzen sich jeweils individuell entfalten, hängt von den gesellschaftlichen Entwicklungsbedingungen ab und nicht von Differenzen in der genomischen Information (oder DNA), wobei allerdings folgende Einschränkung zu machen ist: Holzkamp weist am Beispiel von als Begabung interpretierten Leistungsunterschieden in IQ-Tests darauf hin, dass „niemals endgültig empirisch zu widerlegen“ ist, „daß bestimmte Leistungsunterschiede in irgendeiner Weise auch durch unterschiedliche anlagemäßige Entwicklungspotenzen mitbedingt sein können“

(Holzkamp, 1992, S. 13). Damit sind auch potenzielle interindividuelle Unterschiede hinsichtlich der genomischen Grundlagen der Potenz zur Vergesellschaftung nicht ausgeschlossen. Aufgrund der notwendigen Vermitteltheit von individual-biologischer und individual-gesellschaftlicher Entwicklung sei aber aktualempirisch nie endgültig entscheidbar, welche Dimension im konkreten Fall eine Entwicklungseinschränkung maßgeblich bestimmt (vgl. ebd., S. 9ff.). Daher seien interindividuelle Leistungsunterschiede bezüglich intellektueller Fähigkeiten weder aus genetischen noch aus Umweltbedingungen deduzierbar, sondern müssten jeweils im Einzelfall begründungstheoretisch aufgeklärt werden (vgl. ebd., S. 12). Die Betonung gesellschaftlicher Entwicklungsdimensionen ist an dieser Stelle somit aber auch eine wissenschaftspolitische, im Kritikstandpunkt der Kritischen Psychologie begründete Positionierung. So führt Holzkamp aus: „Dies bedeutet aber keineswegs, daß die beiden Erklärungsalternativen hier wissenschaftlich gleichwertig wären [...]. In dem Rückgriff auf Begabungsunterschiede als Ursache von Leistungsunterschieden liegt [...] gerade ein *Verzicht* auf eine weitere Aufhellung der Bedingungen für ihre Entstehung.“ (Ebd., S. 14)

Da die aktual-empirische Bedeutung der DNA-Ebene wissenschaftlich ungeklärt ist, aufgrund der vielfachen biologischen Vermittlungsebenen als nicht eindeutig bestimmbar, tendenziell vernachlässigbar und auch wissenschaftspolitisch zweitrangig, aber in jedem Fall als unverfügbar angesehen wird, findet sich bei Holzkamp auch keine systematische Diskussion von Gen-Modellen oder Ergebnissen der Genomforschung. Dies führt allerdings dazu, dass unterschiedliche Vorstellungen von der Funktion der DNA bzw. von Vererbung unvermittelt nebeneinander stehen. Das Konzept der „prospektiven Potenz“ (ebd., S. 8; vgl. auch Holzkamp, 1983, S. 419), deren biologische Funktionsgrundlage auf Seiten des Individuums durch einen „Kumulationsprozeß genomischer Information“ entstanden ist (ebd., S. 179), wäre etwa als Variante eines Dispositionsmodells zu verstehen, demzufolge die DNA die Disposition für die Ausbildung von Fähigkeiten darstellt, die sich dann in einem spezifischen Umweltkontext entwickeln. Demgegenüber qualifizieren Richard Lewontin, Steven Rose und Leon Kamin in ihrem Buch „Die Gene sind es nicht“ (Lewontin, Rose & Kamin, 1988), auf das in kritisch-psychologischen Zurückweisungen des genetischen Determinismus verschiedentlich Bezug genommen wurde (z.B. Holzkamp, 1992, S. 10; Ulmann, 1991, S. 118), ein solches von ihnen als „dialektisch“ bezeichnetes Organismus-Umwelt-Verhältnis, das von Potenzen beim Organismus und – im Gegensatz etwa zu anderen Interaktionsmodellen – einer intentionalen Beeinflussung der

Entwicklungsbedingungen durch den Organismus (auf menschlichem Niveau in gesellschaftlichem Maßstab) ausgeht, dann als deterministisch, wenn nicht schon auf der Ebene der Molekularbewegungen die Zufälligkeit und damit Unbestimmbarkeit der Kausalketten berücksichtigt wird: „Dialektische Determination ist immer noch Determination“ (Lewontin et al., 1988, S. 236). Sie betonen stattdessen eine, auf der Grundlage von Komplexitäts- und chaostheoretischen Annahmen formulierte, „Unabhängigkeit“ des Phänotyps von einzelnen „Ereignissen oder Aktionen“ auf z.B. der genomischen bzw. biochemischen Reaktionsebene (ebd., S. 238). Hiernach hat jede menschliche Lebensäußerung immer auch eine materielle Basis und somit auch molekulare Ursache, die Kausalketten sind allerdings so komplex und verzweigt, dass eine eindeutige Rückführung auf eine einzelne Ursache – wie z.B. ein Gen bzw. eine DNA-Sequenz – nicht möglich ist (vgl. ebd.). Mit der Beschreibung der Anlage als „Potenz“ oder „Fähigkeit“ sind in der Kritischen Psychologie die Wechselwirkungen auf der Ebene der DNA und die involvierten Vermittlungsebenen jedoch nicht genauer gefasst, und damit ist die Frage der Bestimmbarkeit oder Unbestimmbarkeit von Kausalbeziehungen auf molekularbiologischer Ebene gerade nicht beantwortet. Von der Bedeutung des biochemischen Umfelds für die Funktionsweise der DNA wird weitestgehend abstrahiert, und das Verhältnis der genetischen, epigenetischen⁴, intra- und interzellulären Komponenten und Wechselwirkungen bis hin zum Verhältnis von Embryo und Gebärmutter, Stoffwechsel, Wachstum und Ernährung oder sozialer Interaktion ist mit der Fassung als „genomischer Information“ unterbestimmt. Im Kontext eines gesellschaftlich dominanten genetischen Reduktionismus geht damit jedoch potenziell eine Überbewertung der DNA einher und es besteht die Gefahr einer Genetifizierung z.B. der genannten Reifungsprozesse im Zuge der Herausbildung der Lernfähigkeit.

Bei Schurig finden sich einige wenige Präzisierungen zu Kausalbeziehungen, in die die DNA eingebunden ist. Beispielsweise versteht er die DNA-Ebene als die Ebene „genetischer Informationsweitergabe“, der die Funktion zukommt, die Stabilität in der Vererbung zu ermöglichen: „Durch die genetische Informationsweitergabe werden phylogenetisch er-

⁴ Gemäß dem hier verwendeten engen, molekularbiologischen Verständnis (vgl. Holliday, 2002) werden unter solchen epigenetischen Komponenten etwa die DNA-Methylierung, d.h. die Bindung von Methylgruppen an einzelnen Stellen der DNA, die die räumlichen Eigenschaften der DNA mitbestimmende Chromatinstruktur, das RNA-Interferenzsystem, d.h. RNA-RNA-Wechselwirkungen im Zellkern oder dem Rest der Zelle, sowie weitere, bislang weitgehend ungeklärte enzymatische Einwirkungen auf die DNA verstanden.

folgreiche Organisationsprinzipien identisch auf die Nachkommen weitergegeben. Die biochemische Grundlage dafür sind DNA-Moleküle, die als Matrize zur Reproduktion endlicher Mengen von Kopien des Vorbildes dienen. Die genetische Reproduktion kann deshalb als ein Beispiel für die ein-eindeutige Abbildung biologischer Strukturen aufeinander angesehen werden.“ (Schurig, 1976, S. 311) Damit bestimmt er jedoch Reproduktion auf der Ebene der DNA als identische Replikation. Die Auffassung der DNA als Matrize geht zudem einher mit Schurigs späterer Annahme, dass die „Ein-Gen-ein-Enzym-Hypothese“ durch die Molekulargenetik „bestätigt und präzisiert werden konnte“ (Schurig, 1991, S. 24). Für die molekularbiologische Ebene geht Schurig also von einer Entsprechung aus, die er für das Verhältnis von Physischem und Psychischem zurückweist. Die für die Ebene des Psychischen angenommene Komplexität und Plastizität gilt demnach nicht für die Ebene der DNA. Im Gegenteil: Das Konzept der genetischen „Disposition“ oder „Potenz“ zur Vergesellschaftung, das eine vage, hilfswise Beschreibung der genomischen Grundlage der gesellschaftlichen Natur in Bezug auf die angenommene Komplexität darstellt, wird also von Schurig durch dieselben Modellannahmen zur DNA spezifiziert, die die Grundlage für das von Francis Crick formulierte „zentrale Dogma der Molekularbiologie“ (aus DNA wird RNA wird Protein, vgl. Crick, 1970)⁵ bildeten. Dieses Dogma ist es nun aber gerade, das durch die Fortschritte in der Genomforschung fundamental infrage gestellt wurde, wie im nächsten Abschnitt ausgeführt wird. Die Offenheit, die sowohl in der Vorstellung einer Potenz wie auch in der Annahme einer von Entwicklungsbedingungen nicht trennbaren Disposition angenommen wird, dient somit zwar einerseits der Zurückweisung eines genetischen Determinismus, wie er aus einer Übertragung der mendelschen Genetik auf psychische Prozesse resultieren würde. Andererseits führt die

⁵ Dieser Vorgang wurde als zweistufiger Übersetzungsprozess vorgestellt: Die Transformation von DNA in RNA wird in der Genetik als *Transkription* bezeichnet. Bei ihr wird, enzymatisch unterstützt, ein RNA-Molekül gebildet, wobei ein Teilstück der DNA als „Vorlage“ dient. Das aus diesem Prozess hervorgehende RNA-Molekül wird als messenger RNA (mRNA) bzw. Boten-RNS bezeichnet, da es von der DNA im Zellkern zu den Ribosomen im Zellplasma außerhalb des Zellkerns diffundiert – und somit als Informationsträger fungiert. An den Ribosomen findet die Proteinbiosynthese statt, d.h. die Bildung von Proteinen durch die Aneinanderreihung von Aminosäuren unter Verwendung der mRNA (Transformation von RNA in Protein). Der Prozess der Anordnung von Molekülen orientiert sich dabei, gemäß dieser vereinfachten Vorstellung, an der Reihenfolge der Nukleinsäuren der mRNA. Metaphorisch wird dieser Prozess als „Ablesen“ verstanden. Er wird daher als *Translation* bezeichnet.

konzeptionelle Unklarheit jedoch dazu, dass hinterrücks Elemente aus Gen-Modellen übernommen werden, die in der Geschichte der Genetik gerade die Grundlage eines genetischen Determinismus bildeten.

Vom Gen zum Epigen: Paradigmenwechsel in der Genomforschung

Die Konzeption vom Gen als einem funktionellen DNA-Abschnitt mit Wirkung auf den Phänotyp eines Organismus ist in eine grundlegende Krise geraten. Hintergrund ist der ausbleibende Erfolg, die Funktion der DNA aus ihrer Sequenz heraus zu bestimmen. Wie eine Vielzahl von Forschungsergebnissen aus der genetischen Grundlagenforschung mittlerweile zeigten, sind die Beziehungen zwischen DNA und (molekular-) biologischer Funktion komplexer, als bisher in den Gen-Modellen berücksichtigt. Einen ersten Hinweis auf den Grad an Komplexität boten Vergleichsstudien zwischen der menschlichen und der DNA anderer Organismen, die eine hohe Übereinstimmung in Aufbau und Sequenz der DNA zeigten. So teilen wir Menschen den proteincodierenden Teil der DNA bis zu 98 Prozent⁶ mit Schimpansen, 88 Prozent mit Nagetieren und 60 Prozent mit Hühnern; bis zu 80 Prozent der proteincodierenden Gene von Seescheiden⁷ findet sich in der ein oder anderen Form im menschlichen Genom wieder (vgl. Gunter & Dhand, 2005, S. 47). Solche Ergebnisse stützen „die Ansicht, dass das, was Menschen von anderen Säugetieren unterscheidet, eher in der Art und Weise liegt, wie ihre Gene reguliert werden und in die jeweiligen Prozesse eingebettet sind, als in der Spezifität oder der Anzahl der Gene“ (Tecott, 2003, S. 646; übersetzt V.L.). Diese Regulationsmechanismen werden seit einiger Zeit systematisch untersucht, so z.B. im durch das US-amerikanischen National Human Genome Research Institute (NHGRI) initiierten Projekt ENCODE („ENCYclopedia Of DNA Elements“) (vgl. The ENCODE Project Consortium, 2004). Schon die ersten Ergebnisse dieser Forschung zeigen, dass einzelnen DNA-Abschnitten keine eindeutige Funktion zugeordnet werden kann. Das Gen-Modell, wie es Grundlage des Humangenomprojekts war, ist nicht mehr aufrecht zu erhalten (vgl. Gerstein et al., 2007, S. 669). Die Phänomene, die das Modell ins Wanken bringen, beziehen sich auf sehr unterschiedliche Ebenen und Zeitpunkte der innerzellulären Prozesse.

⁶ Laut Rolston schwankt die Zahl in den Veröffentlichungen zwischen 95 und 98 Prozent (vgl. Rolston, 2006, S. 472).

⁷ Seescheiden sind unter Wasser lebende sack- oder knollenförmige wirbellose Tiere. Sie gehören zu den ersten Tierarten, deren DNA vollständig sequenziert wurde, und dienen der Genomforschung als Modellorganismus.

So sind Ort und Struktur von Genen nicht immer eindeutig bestimmbar. Wie Forschung an der Fruchtfliege gezeigt hat, können sich zwei Gene denselben „Ort“ auf der DNA teilen (vgl. Henikoff, Keene, Fachtel & Fristrom, 1986), was bedeutet, dass sie räumlich, und – bezogen auf die Transkription in RNA (siehe Fn. 4) – gegebenenfalls auch zeitlich nicht voneinander zu trennen sind. Weiterhin wurden Gene mit überlappenden Sequenzen beschrieben (z.B. Contreras, Rogiers, van de Voorde & Fiers, 1977), und es konnte gezeigt werden, dass DNA-Abschnitte, die räumlich weit voneinander getrennt, teilweise sogar auf unterschiedlichen Chromosomen liegen, interagieren (z.B. Spilianakis, Lalioti, Town, Lee & Flavell, 2005). Für das Genom ist dabei grundsätzlich ein hoher Grad an Redundanz anzunehmen (vgl. auch Keller, 2000, S. 111ff.). Verschiedene DNA-Abschnitte können mehrere unterschiedliche, z.B. proteincodierende und regulative, Funktionen erfüllen, ein proteincodierender DNA-Abschnitt kann durch verschiedene DNA-Abschnitte reguliert werden oder ein DNA-Abschnitt kann regulierende Funktionen für mehrere proteincodierende Abschnitte übernehmen. „Es besteht offensichtlich eine vielfach-zu-vielfach [a many-to-many] (statt einer eins-zu-eins [one-to-one]) Beziehung zwischen regulierenden Regionen und Genen“ (Gerstein et al., 2007, S. 677; übersetzt V.L.). Einige der Phänomene sind schon länger bekannt, wie die von Barbara McClintock für Mais beschriebene wandernde oder springende DNA, die nicht-ererbte Veränderungen der DNA-Struktur bewirken kann (vgl. McClintock, 1948). Ihre hohe Verbreitung und ihre Bedeutung nicht nur für die Genexpression, sondern auch für die fortlaufende DNA-Reproduktion werden allerdings erst langsam deutlich. Weitere nicht-ererbte Veränderungen in der DNA-Struktur können durch die Umsortierung bzw. Translokation von DNA-Abschnitten, etwa während der Zellteilung von Somazellen und durch spontanen Austausch zwischen Chromosomen (vgl. Early, Huang, Davis, Calame & Hood, 1980) oder durch die initiierte oder spontane Vervielfachung von DNA-Abschnitten, sogenannte „Copy-Number-Variationen“ (vgl. Iafrate et al., 2004, Sebat et al., 2004, Tuzun et al., 2005), entstehen.

Zusätzlich zu der Struktur auf der DNA-Ebene ist die Genexpression, also das biochemische Produkt, das letztlich durch die Transkription und die Translation entsteht, von epigenetischen Prozessen reguliert. Besondere Aufmerksamkeit hat die bereits 1975 von Arthur D. Riggs (vgl. Riggs, 1975) beschriebene Funktion der DNA-Methylierung für das Aktivieren oder Ausschalten der Transkription von DNA-Abschnitten erlangt (vgl. auch Jablonka & Lamb, 2005, S. 126ff.). Die DNA-Methylierung besteht aus Methylmolekülen, die sich an einem Teil der Cytidinmoleküle⁸ anlagern. Sie werden bei der Zellteilung und Spaltung von DNA-Strängen auf den neuen Strang übertragen. Li et al. haben am Beispiel von Mäusen gezeigt, dass dem für die Neu-Methylierung von DNA zuständigen Enzym DNA-Methyltransferase eine zentrale Funktion für die Embryonalentwicklung zukommt (vgl. Li, Bestor & Jaenisch, 1992). Auch ist die Re-Methylierung von einzelnen

⁸ Cytidin ist zusammengesetzt aus der Base Cytosin und dem Zucker β -D-Ribose. Es fungiert als Baustein des DNA-Strangs.

DNA-Abschnitten, durch die beispielsweise die Genexpression eines spezifischen DNA-Abschnitts ausgeschaltet wird, beschrieben worden. Dieser Funktion wird eine zentrale Bedeutung bei der Steuerung der Genexpression in der Ontogenese zugeschrieben (z.B. Jaenisch & Bird, 2003, S. 248). Zudem wird angenommen, dass sowohl der Alterungsprozess als auch Ernährungsgewohnheiten die Regulierung der DNA-Methylierung beeinflussen (vgl. Jaenisch et al., 2003, S. 250). Der genaue Prozess ist bisher nicht eindeutig geklärt, allerdings können Fehler in der Methylierung potenziell an die nächste Generation weitervererbt werden (vgl. Whitelaw & Martin, 2001). Schließlich kann die räumliche Struktur sowohl der DNA als auch der Chromosomen für die Genexpression bedeutsam sein, z.B. wenn DNA-Abschnitte auf verschiedenen Chromosomen an dieser beteiligt sind. Hier sind immer wieder Vorgänge berichtet worden, von denen angenommen wird, dass sie für die Genexpression in noch unbekannter Weise funktionell relevant sind, so etwa die „kissing chromosomes“, zwei einzelne Chromosomen, die sich zu einem spezifischen Zeitpunkt im Zellkern berühren (vgl. Scherrer & Jost, 2007, S. 79).

Auch jenseits des DNA-Moleküls sind mittlerweile verschiedene Prozesse bekannt, die auf eine fundamentale Bedeutung von Wechselwirkungen zwischen RNA-Molekülen – es wird auch vom „RNA-System“ gesprochen – für die Genexpression hinweisen (vgl. Pearson, 2006). So können aus einer DNA-Sequenz verschiedene mRNA-Moleküle entstehen („alternative splicing“), die an der Synthese unterschiedlicher Proteine beteiligt sind (vgl. Berget, Moore & Sharp, 1977). Eine DNA-Sequenz kann unterschiedlich gelesen werden, z.B. vorwärts, rückwärts oder nur partiell, in Abhängigkeit von regulierenden Mechanismen (sogenannte „Regulatorgene“ oder „offene Leserahmen“, vgl. Ouelle, Zindy, Ashmun & Sherr, 1995). Weiterhin können Proteine auch aus gemischten Transkriptionen, also RNA-Molekülen, die aus verschiedenen voneinander entfernt liegenden DNA-Sequenzen erstellt werden, synthetisiert werden (vgl. Borst, 1986). Zusätzlich kann der mRNA-Strang durch in der Zelle permanent vorhandene oder dafür gesondert synthetisierte Enzyme verändert werden (vgl. Eisen, 1988). Eine ähnliche Variabilität besteht auch für die Ebene des Proteins. Die endgültige Proteinstruktur kann z.B. durch alternative Bindungen funktioneller Moleküle, durch unterschiedliche physikalische und biochemische Prozesse (vgl. Villa-Komaroff, Guttman, Baltimore & Lodishi, 1975) oder durch nachträgliche Modifizierung durch andere Proteine (vgl. Wold, 1981) verändert werden. Schließlich ist sogar mit dem Phänomen der „Retrogene“ die umgekehrte Transkription von mRNA zu DNA beschrieben worden, wodurch ein neuer, funktioneller DNA-Abschnitt ins Genom eingefügt wird (vgl. Vanin, Goldberg, Tucker & Smithies, 1980). Dadurch ist es möglich, dass ganze DNA-Abschnitte durch zelluläre RNA ausgeschaltet oder sogar neu überschrieben werden. Die Funktion solcher „Retrogene“ ist letztendlich nicht eindeutig bestimmt. „Eine Idee ist, dass in der RNA Sicherungskopien der genetischen Information der Großeltern codiert sind, die zusammen mit der regulären DNA über die Keimzellen weitergegeben werden und als Vorlage dienen, um bestimmte Gene gegebenenfalls zu korrigieren.“ (Pearson, 2006, S. 400; übersetzt V.L.)

Gemäß dieser komplexen Wechselwirkungen rund um die DNA ist es nicht möglich, die genetischen Faktoren zu identifizieren, ohne die anderen Faktoren zu kennen, die die Genexpression modulieren. Angesichts dieser Entwicklungen spricht Evelyn Fox Keller vom Ende des Gen-Konzepts und vom „Jahrhundert jenseits des Gens“ („century beyond the gene“, Keller, 2005, S. 3; vgl. Keller, 2000). In der Zeitschrift *Science* wird die Phase nach der Sequenzierung des menschlichen Genoms als „postgenomisches Zeitalter“ („postgenomic era“, Peltonen & McKusick, 2001, S. 1224) bezeichnet. Genetische Forschung orientiert auf die Rekonstruktion der Wechselwirkungen innerhalb der DNA-Ebene (z.B. „gene sharing“), auf epigenetische Prozesse oder die Wechselbeziehungen zwischen Proteinen. Keller zufolge ist ein Paradigmenwechsel („paradigm shift“) innerhalb der Biologie zu beobachten: weg vom genetischen Reduktionismus hin zur Systembiologie („Systems Biology“) (Keller, 2005, S. 4f.). In dieser systembiologischen Perspektive wird die Vorstellung von der DNA als stabiler Vererbungs-masse durch die Annahme komplexer Regulationssysteme mit permanenter Interaktion auf den verschiedenen molekularen, biochemischen und zellulären Ebenen ersetzt. „Genetik kann darin als ein Abschnitt eines komplexen physiologischen (und/oder, in Abhängigkeit von der Fragestellung, entwicklungsbiologischen, ökologischen oder evolutionstheoretischen) Forschungsprogramms neben anderen verstanden werden“ (Herbert, 2005, S. 181; übersetzt V.L.). Die Relevanz der DNA kann dabei ohne weitere Kenntnisse der Prozesse, in die die DNA eingebettet ist, nicht bestimmt werden.

Die gesellschaftliche Natur als gesamtgesellschaftlich vermitteltes Entwicklungssystem

Die Psychologin und Wissenschaftstheoretikerin Susan Oyama hat die Konsequenzen dieser Annahme für eine nicht-reduktionistische Entwicklungstheorie ausformuliert. Mit ihrem Ansatz einer Developmental Systems Theory (DST) tritt sie für eine gegenüber dem mendelschen Gen-Modell bedeutsame Verschiebung im Verständnis von Vererbung ein: „Ich habe vorgeschlagen, dass wir Vererbung nicht als Weitergabe von Merkmalen [*traits*] zwischen Organismen [...], sondern vielmehr als Art und Weise verstehen, wie Entwicklungsressourcen oder -bedingungen der nächsten Generation zur Verfügung gestellt werden.“ (Oyama, 2000, S. 87; übersetzt V.L.) Evolution versteht sie als übergeordnete Entwicklung, die auf individuellen Entwicklungsprozessen aufbaut, wobei es wiederum diese individuellen Entwicklungsprozesse sind, die Oyama mit ihrem Konzept

der Entwicklungssysteme zu fassen sucht. Da aber die jeweiligen Entwicklungssysteme und nicht mehr die Gene Träger evolutionärer Veränderungen sind, verschiebt sich auch der Fokus in der Rekonstruktion von Entwicklungsprozessen weg von der molekulargenetischen Ebene: „Ich definiere Evolution als Veränderung in der Verteilung und Konstituierung von (Organismus-Umwelt-)Entwicklungssystemen. Mit dieser geht oft eine Veränderung in der Häufigkeit einzelner Gene einher, nimmt man aber nur die Gen-Ebene in den Blick, schließt das den Reichtum und die Aktivität lebendiger Prozesse aus, die doch überhaupt erst die Aufmerksamkeit auf diese lenkten.“ (Ebd., S. 77; übersetzt V.L.) Durch ihre starke Betonung individueller Entwicklungsprozesse stellt Oyama die Ontogenese eines Organismus oder eines organismischen Teilssystems (z.B. des Immunsystems) und deren Stabilität wie Variabilität ins Zentrum ihrer Konzeption.

Entwicklung ist bei Oyama ein Prozess, der auf mehreren Ebenen gleichzeitig stattfindet, von denen die Gene bzw. die DNA, aber auch die Zelle nur einen Teil bilden. Zudem nimmt sie eine Plastizität und Mehrdeutigkeit von Entwicklungsprozessen an, und zwar schon auf der molekulargenetischen Ebene: „Der Punkt ist, dass für jeden Genotyp mehrere Entwicklungspfade möglich sind, von denen viele zu [einem Phänotyp innerhalb; V.L.] einer normalen Variationsbreite führen [...] und einige nicht, und dass oftmals ein gegebener Phänotyp über viele verschiedene Genotyp-Umwelt-Beziehungen erreicht werden kann.“ (Ebd., S. 37; übersetzt V.L.) Um ein Verständnis der Prozesse zu erreichen und diese rekonstruieren zu können, „muss man letztlich nicht nur die intrazellulären Prozesse, sondern auch die Wechselbeziehungen zwischen Zellen sowie die Art und Weise, wie diese Wechselbeziehungen höher gelagerte Prozesse – die Organismus-Umwelt-Interaktionen eingeschlossen – beeinflussen und von ihnen beeinflusst werden, beschreiben“ (ebd., S. 30f.; übersetzt V.L.).

Aus dieser Perspektive problematisiert Oyama das neodarwinistische Postulat, Genotyp und Phänotyp würden sich eins zu eins entsprechen. Zudem weist sie die Vorstellung einer genetischen Festgelegtheit quantitativer wie qualitativer Differenzen von Merkmalen zurück: „Wirkliche Entwicklung [...] ist das Ergebnis eines ständigen Zusammenwirkens [...] von genetischen und Umweltfaktoren; die Annahme, dass manche [Entwicklungs-; V.L.]Ergebnisse mehr oder weniger genetisch sind als andere, bedeutet, in eine verbreitete konzeptionelle Falle zu tappen [...]. Bei manchen Tierarten kann sich selbst das sexuelle Geschlecht, das ‚genetische‘ Merkmal schlechthin, durch entsprechende Signale aus der Umwelt ändern [responds to environmental cues in some species].“ (Ebd., S. 39; übersetzt V.L.) Als Beispiel für letzteres verweist Oyama auf die dominanten Weibchen des

Korallenriffisches (*Labroides dimiatus*), die bei Männchen-Mangel in der Population innerhalb von 14 bis 18 Tagen die Fähigkeit entwickeln, andere Weibchen zu befruchten. Für Oyama liegt das zentrale Moment darin, dass einzelne Entwicklungsprozesse – nimmt man solche Interaktionsprozesse ernst – nicht einmal theoretisch in genetische und Umweltfaktoren aufgeteilt werden können: „Weil sich alle Aspekte des Phänotyps entwickeln müssen, sind sie alle in der Ontogenese ‚erworben‘ [...]. Sie sind alle durch die Umwelt hervorgebracht [‚environmental‘], weil für ihre Entwicklung spezifische Bedingungen notwendig sind und weil diese Bedingungen von Anfang an in die Bildung des Organismus eingehen. Phänotypen sind immer auch ‚erbt‘ und ‚biologisch‘, wenn damit eine wie auch immer geartete kausale Rolle der Gene in ihrer Entwicklung gemeint ist.“ (Ebd., S. 86; übersetzt V.L.) Oyama schließt hieraus: „Eine Unterscheidung zwischen ererbten und erworbenen Anteilen [components] eines Organismus ist nicht aufrechtzuerhalten“ (ebd., S. 86; übersetzt V.L.). Ein ähnlicher Gedanke liegt Holzkamps Problematisierung einer Gegenüberstellung von Anlage und Umwelt in Bezug auf die Ontogenese psychischer Phänomene zugrunde.

Im Vergleich zu Holzkamp präzisiert Oyama allerdings allgemeinste Bestimmungen über das Zusammenspiel der Entwicklungsdimensionen bis hin zur DNA. So kann sich zum Beispiel die jeweilige Funktion der einzelnen, am Entwicklungsprozess beteiligten Interakteure („interactants“, ebd., S. 61)⁹, ihr Verhältnis zueinander sowie ihre Bedeutung im Entwicklungssystem insgesamt über die Zeit permanent wandeln. Potenzielle Interakteure eines (organismischen) Entwicklungssystems sind das Genom, die Zellstruktur mit den Organellen (Einzelbestandteilen), chemische Verbindungen im intrazellulären Raum (u.a. auch frei schwimmende mRNA), das extrazelluläre Umfeld (mechanisch, biochemisch und energetisch), zu dem auch andere Zellen gehören, das elterliche Reproduktionssystem (physiologisch wie behavioral), etwaige Selbststimulation des Organismus, die unmittelbare physikalische Umwelt, Vertreter der eigenen und anderer Spezies, Klima, Nahrungsquellen etc. (ebd., S. 73f.). Oyama zufolge geht es nun darum, nicht nur die involvierten Faktoren, sondern ihre Wirkungsweise gemäß den jeweiligen Lebenszyklen („life cycles“) eines Organismus zu beschreiben (ebd., S. 61): „Ob wir nun von DNA-Abschnitten, Zellen, Organismen oder Gruppen von Organismen [...] ausgehen, wir müssen stets, im Sinne von Kohärenz, Konsis-

⁹ „Gene und soziale Umwelten sind ererbte Interakteure, bereitgestellt, um bei der Konstruktion von Lebenszyklen verwendet zu werden.“ (Oyama, 2000, S. 61; übersetzt V.L.)

tenz und Vollständigkeit, den Kontext in den zu erklärenden Komplex mit einbeziehen, und dies nicht nur als eine Art Gehäuse oder als sekundäres Ensemble von Modulatoren oder Bausteinen, sondern als die jeweiligen Prozesse und Produkte konstituierend.“ (Oyama, 2006, S. 280; übersetzt V.L.) Insbesondere ist die Rede von „genetischer Information“ nach Oyama nur im Zuge einer solchen Kontextualisierung sinnvoll: „Interakteure in Entwicklungsprozessen [developmental interactants] sind Träger von ‚Information‘ in dem Sinne, dass sie ontogenetische Prozesse beeinflussen – dass sie einen Unterschied machen –, und nicht in dem Sinne, dass sie kontextunabhängige Botschaften über Phänotypen ‚transportieren‘.“ (Oyama, 2000, S. 67; übersetzt V.L.) Christoph Rehmann-Sutter beschreibt Oyamas Entwicklungskonzeption entsprechend als relationales Modell, in dem die Erbinformation immer neu konstituiert wird: „Für Oyama ist Information weder auf der DNA noch in der Umwelt zu suchen, sondern sie entsteht in den kontingenten, ‚flüssigen‘ Beziehungen zwischen beiden Sphären. ‚Genetische‘ Information ist ein relationales Phänomen. Das Lebewesen wird als ein sich entwickelnder Prozess aufgefasst, als Lebenszyklus, dessen prozessuale Struktur sich weiter vererbt.“ (Rehmann-Sutter, 2005, S. 90) Die Anlage bzw. DNA tritt dadurch in den Hintergrund: Oyama spricht sogar von der „nackten DNA“ („naked DNA“, Oyama, 2000, S. 88), deren Bedeutung ohne Kenntnis der anderen Interakteure des Entwicklungssystems nicht bestimmbar ist. Dass die einzelnen Interakteure nicht vollständig beliebig zusammenwirken, sondern es immer darum geht, einen lebendigen Organismus zu konstituieren, der in einem spezifischen Organismus-Umwelt-Verhältnis funktionsfähig, d.h. lebensfähig, sein muss, ist hier vorausgesetzt. Allerdings ermöglicht Oyamas Fokus auf den Konstitutionsprozess gerade, die spezifische Entwicklung eines Einzelindividuums oder einer Art nicht allein aus der DNA heraus bestimmen zu müssen, wie es die Programm- bzw. Code-Metapher des genetischen Determinismus nahe legt. Das, was den Organismus ausmacht, ist nicht in der DNA, sondern – als systemische Qualität und Ergebnis von Entwicklung – im Entwicklungssystem verankert. Diese Sichtweise berücksichtigt auch die beschriebene Kongruenz und Austauschbarkeit von DNA-Sequenzen zwischen verschiedenen Arten (siehe den vorherigen Abschnitt). Das, was die Art ausmacht, ist das spezifische Entwicklungssystem. Zu diesem gehören aber die chromosomale Struktur und das zelluläre Umfeld ebenso, wie die Organismus-Umwelt-Beziehungen als Voraussetzung für die Entwicklung eines Individuums der Art. Das heißt, bezogen auf das Genom ist dessen Entwicklungskontext auch in Bezug auf die Bestimmung der Artspezifität immer mitzudenken. Dieser Gedanke

ist anschlussfähig an die oben angeführte Funktion des kritisch-psychologischen Konzepts der gesellschaftlichen Natur als Vermittlungskategorie zwischen individueller und gesellschaftlicher Entwicklung.

Oyama betont besonders, dass auch soziale Interaktionsprozesse zum Entwicklungssystem gehören können: „Das Entwicklungssystem beinhaltet [...] nicht nur die Gene, sondern auch alle lebende und tote Umwelt, die zur Entwicklung [des Organismus, V.L.] beiträgt oder diese unterstützt.“ (Ebd.; übersetzt V.L.) Das Zusammenspiel der Interakteure bleibt zudem nicht notwendig über die gesamte Lebensspanne des Organismus gleich: „Das Entwicklungssystem ist ein mobiles Ensemble interagierender Einflüsse und Einheiten. Es umfasst alle Entwicklungseinflüsse, auf allen Ebenen der Analyse.“ (Ebd., S. 72; übersetzt V.L.) Diese starke Betonung der Variabilität stellt die Stabilität von Vererbung durchaus in Frage. In jedem veränderten Kontext muss das Entwicklungssystem neu konstituiert werden bzw. sich neu konstituieren, um funktionsfähig zu sein. Dies ist für Oyama jedoch die zentrale Voraussetzung, um einen Reduktionismus auf DNA-Ebene und den damit implizierten genetischen Determinismus auch wirklich zu überwinden: „Das System verändert sich innerhalb seines Lebenszyklus und wird in den nachfolgenden Generationen auf eine Art und Weise neu konstituiert, die ähnlich, aber nicht notwendigerweise identisch mit der vorhergegangenen ist. Nur auf diese Weise können wir die Vererbung genetischen Materials (und anderer Interakteure) fassen, ohne diese als Vererbung von Merkmalen [*traits*] interpretieren zu müssen.“ (Ebd., S. 73; übersetzt V.L.)

Versteht man nun das Mensch-Welt-Verhältnis als ein solches Entwicklungssystem, lässt sich die Fähigkeit zur Vergesellschaftung als Ergebnis dieses Entwicklungssystems auf der Seite der Einzelindividuen und damit als Resultat der Ontogenese/Biographie präzisieren. Aus der Perspektive von Oyamans Konzeption der Entwicklungssysteme als Einheiten der Evolution stellt sich allerdings die Frage, ob die Herausbildung der gesellschaftlichen Natur im Rahmen der Psychophylogenese wirklich auf die genomische Information in ihrer engen Fassung als DNA-Sequenz zurückgewirkt haben *muss*. Vielmehr kann sich die Fähigkeit zur Vergesellschaftung auch über die Umstrukturierung schon bestehender Entwicklungssysteme herausgebildet haben, nachdem im Tier-Mensch-Übergangsfeld die Grundvoraussetzungen wie Bipedie, Kehlkopfentwicklung, Auge-Hand-Koordination und frühmenschliche Formen von Psychischem/Bewusstsein entwickelt waren. Gemäß Oyamans Konzeption können dabei auch die anderen Ebenen der Vererbung bzw. die nicht-genetischen Interakteure des Entwicklungssystems nicht nur die Variabilität, sondern insbesondere

auch Stabilität und Plastizität des Reproduktionsprozesses konstituieren, wie etwa die Zelle (im Sinne einer selbsterhaltenden Entwicklungseinheit) oder die Kind-Erwachsenen-Koordination als notwendige Voraussetzung kindlicher Entwicklung. Mit Oyamas Konzeption wird es möglich, nicht-genetische Entwicklungsbedingungen von der Zelle bis zu den gesellschaftlichen Bedingungen (im Sinne der menschlichen „Umwelt“) ebenfalls als materiale Träger der menschlichen Gattungs- und Individualentwicklung zu fassen. Die kritisch-psychologische Fassung der Produktionsverhältnisse als ebensolcher nicht-genetischen Entwicklungsvoraussetzung des Menschen wäre hier entsprechend integrierbar.

Durch die Annahme von Funktionswechselln auf der molekulargenetischen Ebene und die Relativierung einer ausschließlich genomischen Verankerung durch die Berücksichtigung nicht-genetischer Interakteure an den beteiligten Entwicklungssystemen stünden sowohl die Höhe des für eine Rückwirkung auf die DNA notwendigen Selektionsdrucks als auch die Länge des Zeitraums der Rückwirkung, um die ausführliche Kontroversen kreisen (vgl. z.B. Schurig, 1976, S. 83ff.), nicht mehr notwendig im Zentrum einer Theorie der Menschwerdung. Für eine funktionale Umstrukturierung bestehender Entwicklungssysteme wäre ein geringerer Selektionsdruck wie Entstehungszeitraum ausreichend. Es kann etwa angenommen werden, dass bereits die Sozialverbände der Hominiden auf der Entwicklungslinie zum Menschen die Funktion erfüllten, den Selektionsdruck abzumildern, worin ja gerade ihr Selektionsvorteil bestand. Die Suche nach den Genen oder auch nach interagierenden DNA-Sequenzen (als Teil einer genetischen Disposition), die die Grundlage für die menschliche Lern- und Entwicklungsfähigkeit darstellen, muss vor diesem Hintergrund jedoch erfolglos bleiben. Selbst wenn für einzelne DNA-Abschnitte eine funktionelle Beteiligung an der Entwicklung bestimmter Zelltypen im Gehirn aufgewiesen werden könnte, die an höheren kognitiven Prozessen im Vergleich zu anderen Zelltypen überproportional beteiligt sind, ist das Entwicklungssystem dieser Zellen, für das der DNA-Abschnitt relevant ist, nur ein Element des Entwicklungssystems der gesellschaftlichen Natur, d.h. es ist damit noch nicht bestimmt, welche Relevanz der einzelnen DNA-Sequenz oder auch ihrer Abwesenheit für die Entwicklung der speziellen Zelltypen und im Gesamtsystem zukommt. In der abstrakten Fassung als Entwicklungssystem ist dabei offen gehalten, welche Bedeutung welche Komponente für welchen Entwicklungsschritt hat. Erst im konkreten Zusammenspiel ist bestimmbar, welche Rolle eine spezifische DNA-Sequenz bei der Herausbildung des Phänotyps hat, ob ihr Effekt durch andere Elemente bestärkt oder beschränkt wird, oder ob sie eventuell sogar ganz ersetzt wird.

Die Herausbildung der gesellschaftlichen Natur des Menschen im Tier-Mensch-Übergangsfeld könnte nun als Ergebnis einer Verschiebung im Entwicklungssystem beschrieben werden. In diesem wäre die DNA nur ein Element unter anderen, dessen Bedeutung empirisch zu bestimmen wäre, wobei eine solche Bestimmung aufgrund ihres notwendig rekonstruktiven Charakters nur noch partiell möglich ist und teilweise spekulativ bleibt. Allerdings differenziert die Bezeichnung *Entwicklungssystem* nicht zwischen der Entwicklung des Immunsystems, den Organismus-Umwelt-Wechselwirkungen in der ökologischen Nische der Galapagos-Finken oder des Mensch-Welt-Verhältnisses. Zwar berücksichtigt Oyama durchaus auch die strukturellen Beziehungen und Hierarchisierungen der verschiedenen Ebenen innerhalb der Entwicklungssysteme: „Entwicklungssysteme sind zu einem gewissen Ausmaß hierarchisch organisiert. Sie können auf vielen verschiedenen Ebenen untersucht werden und die Beziehungen zwischen den Ebenen sind zentral.“ (Oyama, 2000, S. 70; übersetzt V.L.) Die Organisation der Sorge und Pflege für Kinder versteht sie zum Beispiel als „eingebettete Systeme“ („nested systems“, ebd., S. 93) der Ontogenese – ein Gedanke der etwa mit der Formulierung der Kind-Erwachsenen-Koordination als Einheit der Ontogenese (vgl. Holzkamp, 1983, S. 438) kompatibel ist. Oyama unterscheidet jedoch nicht qualitativ zwischen Umwelt und Gesellschaft – und weicht damit vom Mensch-Welt-Verständnis in der Kritischen Psychologie deutlich ab. Stattdessen weitet sie die Konzeption sich selbstreproduzierender Systeme als Beschreibung für biologische Entwicklungsprozesse zu einer Universaltheorie auch der menschlichen Entwicklung aus: „Statt den Zuständigkeitsbereich der Biologie [proper scope of biology] zu beschränken, wie es Kritiker gerne tun, erweitere ich ihn, um den ganzen Lebenszyklus zu umfassen.“ (Oyama, 2000, S. 185; übersetzt V.L.) Oyama fehlt damit jedoch eine Gesellschaftstheorie, mit der sich die Funktionsweise des gesellschaftlichen Lebensgewinnungsprozesses in seiner historisch-konkreten Formationsspezifität und in Abgrenzung zu biologischen Entwicklungsprozessen konzeptionalisieren lässt. Unter Berücksichtigung der qualitativen Differenz zwischen menschlicher Vergesellschaftung und organismischer Umwelt wird allerdings möglich, die in Oyamans Konzeption angelegte Gleichsetzung aller Elemente des Entwicklungssystems in Hinsicht auf die Entwicklung des menschlichen Psychischen unter Bezugnahme auf die Psychophylogenese zu präzisieren. Die Betonung des gesellschaftlich-historischen Entwicklungsprozesses als primär bestimmender Dimension für die Entwicklung des Psychischen beim Menschen ist mit der in der Kritischen Psychologie verwendeten Unterscheidung von spezifischen und unspezifisch Funkti-

onsebenen, deren Verhältnis im Kontext der Rekonstruktion des Entwicklungssystems jeweils zu bestimmen wäre, konzeptionell einholbar.

Mit der Reformulierung der „gesellschaftlichen Natur“ als Qualität des individuellen Entwicklungssystems der Gattung „Mensch“, eingebettet in das umfassendere System des Mensch-Welt-Verhältnisses, wird möglich, die komplexen Wechselwirkungen epigenetischer und genetischer Prozesse in die subjektwissenschaftliche Theoriebildung zu integrieren. Die unmittelbare Bedeutung genomischer Information, speziell der DNA, für die Herausbildung des Psychischen ist dadurch, dass sie nur ein Element unter vielen darstellt, aus dieser Perspektive erneut zu relativieren. Die unterschiedlichen Funktionsweisen der DNA in den verschiedenen psycho-physischen Prozessen ist zudem aktual-empirischer Grundlagenforschung aufgegeben (vgl. Holzkamp, 1983, S. 573ff.) – und dies ist auch der Ansatzpunkt für interdisziplinäre Bezugnahmen auf (zukünftige) genetische Forschung. Allerdings bleibt Genomforschung aufgrund der sich aus ihrem Gegenstand ergebenden Abstraktion von den gesellschaftlich-individuellen Entwicklungsbedingungen stets „unspezifische“ Aktualforschung“ (ebd., S. 575). Sie ist damit nur ein „unselbständiger Teilaspekt des [...] subjektwissenschaftlichen Forschungsprozesses auf dem Niveau gesamtgesellschaftlicher Vermitteltheit individueller Existenz“ (ebd.). Die DNA bzw. die genomische Information ist nicht das bestimmende Element des Entwicklungssystems, und vor allem konstituiert sie kein Programm, das Möglichkeiten und Grenzen der Individualentwicklung festlegt. Die zentrale Ebene des Entwicklungssystems ist der gesellschaftliche Entwicklungsprozess der Gattung „Mensch“ und dessen individuelle Realisierung im Rahmen der Individualentwicklung.

Reformuliert man die gesellschaftliche Natur als gesamtgesellschaftlich vermitteltes Entwicklungssystem, ist es somit nicht mehr notwendig, eine spezifische genomische Grundlage für die menschliche Lern- und Entwicklungsfähigkeit – im Sinne eines „Gattungs-Gens“ – als Voraussetzung für die Fähigkeit zur Vergesellschaftung anzunehmen. Als Grundlage für die Bestimmung der Artspezifität können letztlich nur die empirisch vorfindlichen Entwicklungssysteme dienen – und zwar in gleicher Weise, wie sie auch für die Annahme einer gesellschaftlichen Natur als entwicklungslogischer Notwendigkeit herangezogen wurden. Die Betonung der *empirischen* Bestimmung der Funktionsweisen und Wechselwirkungen des Entwicklungssystems der gesellschaftlichen Natur verweist dabei auf die aktual-empirische Analyse der Individualentwicklung einzelner Individuen und hebt zugleich die konstituierende Funktion gesamtgesellschaftlicher Entwicklungsbedingungen hervor.

Literaturverzeichnis

- Berget, S. M., Moore, C. & Sharp, P. A. (1977). Spliced segments at the 5' terminus of adenovirus 2 late mRNA. *Proceedings of the National Academy of Science*, 74 (8), 3171-3175.
- Blech, J. (2008, 04. August). Gen-Forschung: Bruch des bösen Zaubers. *Spiegel Online*. Verfügbar unter: <http://www.spiegel.de/spiegel/0,1518,druck-569871,00.html> [29.7.2010].
- Blech, J. (2010, 09. August). Das Gedächtnis des Körpers. *Der Spiegel*, Heft 32/2010, S. 110-121.
- Borst, P. (1986). Discontinuous transcription and antigenic variation in trypanosomes. *Annual Review of Biochemistry*, 55 (1), 701-732.
- Contreras, R., Rogiers, R., van de Voorde, A. & Fiers, W. (1977). Overlapping of the VP2-VP3 gene and the VP1 gene in the SV40 genome. *Cell*, 12 (2), 529-538.
- Crick, F. (1970). Central dogma of molecular biology. *Nature*, 227 (5258), 561-563.
- Early, P., Huang, H., Davis, M., Calame, K. & Hood, I. (1980). An immunoglobulin heavy chain variable region gene is generated from three segments of DNA: VH, D and JH. *Cell*, 19 (4), 981-992.
- Eisen, H. (1988). RNA editing: Who's on first? *Cell*, 53 (3), 331-332.
- Gerstein, M. B., Bruce, C., Rozowsky, J. S., Zheng, D., Du, J., Korbel, J. O. et al. (2007). What is a gene, post-ENCODE? History and updated definition. *Genome Research*, 17 (6), 669-681.
- Gunter, C. & Dhand, R. (2005). The chimpanzee genome. *Nature*, 437 (7055), 47.
- Henikoff, S., Keene, M. A., Fichtel, K. & Fristrom, J. W. (1986). Gene within a gene: Nested Drosophila genes encode unrelated proteins on opposite DNA strands. *Cell*, 44 (1), 33-42.
- Herbert, M. R. (2005). More than code. From genetic reductionism to complex biological systems. In R. Bunton & A. Petersen (Hrsg.), *Genetic governance. Health, risk and ethics in the biotech era* (S. 171-188). London: Routledge.
- Holliday, R. (2002). Epigenetics comes of age in the twenty first century. *Journal of Genetics*, 81 (1), 1-4.
- Holzkamp, K. (1983). *Grundlegung der Psychologie*. Frankfurt a. M.: Campus-Verl.
- Holzkamp, K. (1992). „Hochbegabung“: Wissenschaftlich verantwortbares Konzept oder Alltagsvorstellung? *Forum Kritische Psychologie* (29), 5-22.
- Holzkamp-Osterkamp, U. (1975). *Grundlagen der psychologischen Motivationsforschung 1*. Frankfurt a. M.: Campus-Verl.
- Holzkamp-Osterkamp, U. (1976). *Grundlagen der psychologischen Motivationsforschung 2*. Frankfurt a. M.: Campus-Verl.
- Huxley, J. (1942). *Evolution: The modern synthesis*. New York [u.a.]: Harper.
- Iafrate, A. J., Feuk, L., Rivera, M. N., Listewnik, M. L., Donahoe, P. K., Qi, Y. et al. (2004). Detection of large-scale variation in the human genome. *Nature Genetics*, 36 (9), 949-951.
- Jablonka, E. & Lamb, M. J. (2005). *Evolution in four dimensions: Genetic, epigenetic, behavioral, and symbolic variation in the history of life* (1. ed.). Cambridge, Mass.: The MIT Press.
- Jaenisch, R. & Bird, A. (2003). Epigenetic regulation of gene expression: how the genome integrates intrinsic and environmental signals. *Nature Genetics*, 33 suppl., 245-254.
- Kaindl, C. (2008). Emotionale Mobilmachung – „Man muss lange üben, bis man für Geld was fühlt“. In L. Huck, C. Kaindl, V. Lux, T. Pappritz, K. Reimer & M. Zander (Hrsg.), *Abstrakt negiert ist halb kapiert. Beiträge zur marxistischen Subjektwissenschaft*. Morus Markard zum 60. Geburtstag (S. 65-85). Marburg: BdWi-Verl.

- Keller, E. Fox. (2000). *The century of the gene*. Cambridge Mass. u.a.: Harvard Univ. Press.
- Keller, E. Fox. (2005). The century beyond the gene. *Journal of Bioscience*, 30 (1), 3-10.
- Lewontin, R. C., Rose, S. & Kamin, L. J. (1988). *Die Gene sind es nicht. Biologie, Ideologie und menschliche Natur*. München, Weinheim: Psychologie-Verl.-Union.
- Li, E., Bestor, T. H. & Jaenisch, R. (1992). Targeted mutation of the DNA methyltransferase gene results in embryonic lethality. *Cell*, 69 (6), 915-926.
- Maiers, W. (1985). Menschliche Subjektivität und Natur: Zum wissenschaftlichen Humanismus in den Ansätzen A.N. Leontjews und der Kritischen Psychologie. *Forum Kritische Psychologie* (15), 114-128.
- Markard, M. (2009). *Einführung in die Kritische Psychologie*. Hamburg: Argument-Verl.
- McClintock, B. (1948). Mutable loci in maize. *Carnegie Institution of Washington Year Book*, 47, 155-169.
- Ouelle, D. E., Zindy, F., Ashmun, R. A. & Sherr, C. J. (1995). Alternative reading frames of the INK4a tumor suppressor gene encode two unrelated proteins capable of inducing cell cycle arrest. *Cell*, 83 (6), 993-1000.
- Oyama, S. (2000). *Evolution's eye: A systems view of the biology-culture divide*. Durham, London: Duke University Press.
- Oyama, S. (2006). Boundaries and (constructive) interaction. In E. M. Neumann-Held & C. Rehmann-Sutter (Hrsg.), *Genes in development. Re-reading the molecular paradigm* (S. 272–289). Durham, London: Duke University Press.
- Pearson, H. (2006). Genetics: What is a gene? *Nature*, 441 (7092), 398-401.
- Peltonen, L. & McKusick, V. A. (2001). Genomics and medicine: Dissecting human disease in the postgenomic era. *Science*, 291 (5507), 1224-1229.
- Rehmann-Sutter, C. (2005). *Zwischen den Molekülen: Beiträge zur Philosophie der Genetik*. Tübingen: Francke.
- Riggs, A. D. (1975). X inactivation, differentiation, and DNA methylation. *Cytogenetics and Cell Genetics*, 14 (1), 9-25.
- Rolston, H. (2006). What is a gene? From molecules to metaphysics. *Theoretical Medicine and Bioethics*, 27 (6), 471-497.
- Scherrer, K. & Jost, J. (2007). Gene and genon concept: coding versus regulation: A conceptual and information-theoretic analysis of genetic storage and expression in the light of modern molecular biology. *Theory in Biosciences*, 126 (2-3), 65-113.
- Schurig, V. (1976). *Die Entstehung des Bewußtseins*. Frankfurt a. M.: Campus-Verl.
- Schurig, V. (1991). Aspekte der Biologie als neuer Leitwissenschaft: Entstehung und Folgen der Molekulargenetik. In J. Heilmeyer & U. Eser (Hrsg.), *Gen-Ideologie. Biologie und Biologismus in den Sozialwissenschaften* (S. 15–40). Hamburg, Berlin: Argument-Verl.
- Schurig, V. (2006). Psychophylogene und Umweltpsychologie als naturwissenschaftlicher Themenbereich der Kritischen Psychologie. *Forum Kritische Psychologie* (50), 133-151.
- Sebat, J., Lakshmi, B., Troge, J., Alexander, J., Young, J., Lundin, P. et al. (2004). Large-scale copy number polymorphism in the human genome. *Science*, 305 (5683), 525-528.
- Seidel, R. (2004). Intelligenz. In W. Fritz Haug (Hrsg.), *Historisch-Kritisches Wörterbuch des Marxismus. Band 6/1: Hegemonie bis Imperialismus* (S. 1308–1318). Hamburg: Argument-Verl.
- Spilianakis, C. G., Lalioti, M. D., Town, T., Lee, G. Ryol & Flavell, R. A. (2005). Interchromosomal associations between alternatively expressed loci. *Nature*, 435 (7042), 637-645.

- Tecott, L. H. (2003). The genes and brains of mice and men. *American Journal of Psychiatry*, 160 (4), 646-656.
- The ENCODE Project Consortium. (2004). The ENCODE (ENCyclopedia Of DNA Elements) Project. *Science*, 306 (5696), 636-640.
- Tuzun, E., Sharp, A. J., Bailey, J. A., Kaul, R., Morrison, V. A., Pertz, L. M. et al. (2005). Fine-scale structural variation of the human genome. *Nature Genetics*, 37 (7), 727-732.
- Ulmann, G. (1991). Angeboren - Anerzogen? Antworten auf eine falsch gestellte Frage. In J. Heilmeier & U. Eser (Hrsg.), *Gen-Ideologie. Biologie und Biologismus in den Sozialwissenschaften* (S. 113–138). Hamburg, Berlin: Argument-Verl.
- Vanin, E. F., Goldberg, G. I., Tucker, P. W. & Smithies, O. (1980). A mouse alpha-globin-related pseudogene lacking intervening sequences. *Nature*, 286 (5770), 222-226.
- Villa-Komaroff, L., Guttman, N., Baltimore, D. & Lodishi, H. F. (1975). Complete translation of poliovirus RNA in a eukaryotic cell-free system. *Proceedings of the National Academy of Science*, 72 (10), 4157-4161.
- Weber, M. (2010). Genetik und Moderne Synthese. In P. Sarasin & M. Sommer (Hrsg.): *Evolution. Ein interdisziplinäres Handbuch* (S. 102–114). Stuttgart: Metzler.
- Whitelaw, E. & Martin, D. I. K. (2001). Retrotransposons as epigenetic mediators of phenotypic variation in mammals. *Nature Genetics*, 27 (4), 361-365.
- Wold, F. (1981). In vivo chemical modification of proteins (post-translational modification). *Annual Review of Biochemistry*, 50 (1), 783-814.