

# Einführung in die Evolutionstheorie



**Martin Wettstein**  
Erstveröffentlichung: 1.7.2005, <http://www.tarlanc.ch>

## Inhaltsverzeichnis

1) Gegenstand dieser Einführung .....	2
2) Grundbegriffe .....	2
2.1) Pragmatismus .....	2
2.2) Begriffe der Evolutionstheorie .....	4
2.3) Aussage der Evolutionstheorie .....	6
3) Ursprung neuer Arten .....	7
4) Mikroevolution / Makroevolution .....	9
5) Belege für die Evolutionstheorie .....	10
6) Entwicklung der Evolutionstheorie .....	11
7) Phylogenomik .....	12
8) Nutzen der Evolutionstheorie .....	15
9) Kritik an der Evolutionstheorie .....	16
10) Mögliche Falsifikation der Evolutionstheorie .....	26
11) Referenzen .....	27
<b>Anhang</b>	
A) Handhabung von CLustalW .....	28

## 1) Gegenstand dieser Einführung

Seit Charles Darwin 1844 sein Buch über die Entstehung der Arten (Darwin, 1882) geschrieben, und damit Wellen von Begeisterung und Empörung ausgelöst hat, besteht eine Kluft zwischen Menschen, welche an die Lehre der Evolutionstheorie glauben und solchen, welche sie ablehnen. Besonders ausgeprägt ist der Streit da, wo gläubige Menschen auf pragmatische Wissenschaftler treffen. Die Evolutionstheorie ist scheinbar nicht mit der Schöpfungsgeschichte vereinbar. Die Vorstellung, der Mensch sei nur ein Tier, dessen Gehirn sich zufälligerweise weiter entwickelt hat, als das anderer Tiere, steht im Widerspruch zu dem Glauben an den gottgeschaffenen Menschen. Die Zeiträume von Jahrmilliarden, in denen die Evolutionstheorie die Welt sieht, widersprechen den 6 Tagen der Schöpfung und den Stammbäumen seit Adam und Eva, welche bis zu Abraham, Moses und Jesus reichen.

Seit Jahrzehnten werden Argumente für und wider die Evolutionstheorie gesucht, welche diesen Streit entscheiden sollen. Oft werden polemische Bücher und Artikel geschrieben, um die eigene Position zu festigen und die Fronten sind verhärtet wie noch nie, seit einige Schulen in den USA die Evolutionstheorie aus dem Biologie-Unterricht gestrichen haben. Ein grosser Teil dieses Streites würde sich jedoch sicher beilegen lassen, wenn beide Seiten mit Verständnis aufeinander zugehen würden, statt mit vorgefertigten Meinungen über die offensichtlichen Irrtümer der Gegenseite. Verständnis im Sinne von einem Verstehen und Verstehen wollen der Lehre der Gegenseite.

Um in die komplexe Theorie der Evolution des Lebens auf der Erde ein wenig Licht zu bringen, sie etwas verständlicher und anschaulicher zu machen, dient vorliegende Einführung. Sie soll nicht beweisen, dass die Evolutionstheorie richtig ist, sie soll auch niemanden Lügen strafen. Sie soll noch nicht einmal jemanden zu der Evolutionstheorie bekehren. Sie soll lediglich etwas Verständnis für diese komplexe Theorie schaffen, damit man sich auch ohne universitären Abschluss sachlich damit auseinandersetzen kann.

Ausserdem soll sie verstärkt Gewicht auf die Forschungsergebnisse und neugefundenen Fakten der letzten 5 Jahre legen, welche in Lehrbüchern des letzten Jahrhunderts nicht berücksichtigt werden können, jedoch in der aktuellen Diskussion sehr wichtig sind.

## 2) Grundbegriffe

Um die Evolutionstheorie zu verstehen und sie richtig zu beurteilen, muss man eine Vielzahl von Begriffen und Methoden kennen. Daneben muss man auch die Paradigmen der empirischen Wissenschaft verstehen, um die Aussagen der Theorie einordnen zu können. Diese Grundlagen möchte ich in diesem Abschnitt geben:

### 2.1) Pragmatismus:

Empirische Wissenschaften, zu denen sich auch alle Naturwissenschaften zählen, haben bestimmte Paradigmen, um Theorien und Aussagen über die Welt machen zu können. Das Grundlegende Paradigma ist das des Pragmatismus. Geprägt wurde es besonders von Carl Popper:

- **Hypothese:** Eine Hypothese ist eine, nach Beobachtung der Welt erstellte, Aussage über die Welt oder Naturgesetze. Sie kann durch beobachtete Fakten belegt werden und dadurch an Gewicht gewinnen. Eine Hypothese gilt so lange als wahr, wie sie nicht falsifiziert wird. Mit der Falsifikation verliert die Hypothese und die darauf aufgebauten Theorien sofort ihren Geltungsanspruch.
- **Beweis:** Hypothesen können in keinem Fall bewiesen oder verifiziert werden. Sie können nur falsifiziert werden oder sich bewähren. Ohne Falsifikation werden sie beweislos als wahr angenommen.
- **Theorie:** Eine Theorie ist ein ideelles Gebilde aus wahren Hypothesen. Wird eine ihr zu Grunde liegende Hypothese falsifiziert, muss die Auswirkung dieser Falsifikation auf die gesamte Theorie geprüft werden. Wird die ganze Theorie durch den Wegfall dieser Hypothese unbelegt, kann sie verworfen werden.

- **Bewährung:** Eine Hypothese oder Theorie kann sich bewähren, indem daraus Aussagen über die Zukunft oder ungetestete Sachverhalte gemacht werden können, welche sich anschliessend bestätigen.
- **Modifikation:** Wird einer Hypothese durch einen Fakt widersprochen, bedeutet das nicht in jedem Fall eine Falsifikation. Die Hypothese kann durch geeignete Modifikation auch der neuen Situation angepasst werden und gilt dadurch weiterhin als wahr.
- **Fakt:** Jeder beobachtbare und messbare Sachverhalt, welcher die Ansprüche der Intersubjektivität erfüllt, gilt als Fakt.
- **Intersubjektivität:** Ist ein Sachverhalt durch unabhängige Messungen von unabhängigen Forschern feststellbar, gilt er als Intersubjektiv. Intersubjektivität ist der höchste Grad an Objektivität, der in der Empirie erreicht werden kann. Absolute Objektivität kann nicht erreicht werden.
- **Falsifikation:** Widerspricht ein intersubjektiver Fakt einer Hypothese, so wird diese durch diesen Fakt falsifiziert, oder sie muss modifiziert werden. Ziel der Empirie ist die Falsifikation von Hypothesen. Denn nur, wenn erfolglos versucht wird, eine Hypothese zu falsifizieren, gewinnt diese an Gewicht. Und nur durch die Falsifikation von Hypothesen, welche den Fakten widersprechen, kann gewährleistet werden, dass sich Theorien nicht auf falsche Annahmen stützen.
- **Induktion:** Als Induktion bezeichnet man das Schliessen von Einzelfällen auf eine Gesetzmässigkeit oder eine Regel. Die meisten Hypothesen werden durch induktives Schliessen aus Beobachtungen gewonnen.
- **Deduktion:** Als Deduktion bezeichnet man das Schliessen von einer Regel auf den Einzelfall. Zukunftsaussagen von Theorien oder Hypothesen werden durch Deduktion gewonnen. Entspricht ein Deduktiver Schluss aus einer Hypothese einem Fakt, so wird dies als Bewährung der Hypothese gewertet.
- **Wahrheit:** Die pragmatische Auffassung der Wahrheit deckt sich nicht immer mit dem Alltagsverständnis dieses Begriffes. Es können mehrere Hypothesen oder Theorien gleichzeitig wahr sein, auch wenn diese sich gegenseitig widersprechen. So lange sie nicht aus sich selbst heraus oder durch widersprüchliche Beobachtungen widerlegt werden, bleiben sie wahr. Dies heisst jedoch nicht, dass sie die Realität treffend beschreiben oder dass sie als gesichert angenommen werden können. Sie sind lediglich nicht falsch oder noch nicht als falsch erkannt.

*Beispiel: Forscher A sitzt in Luzern an der Reuss und beobachtet Schwäne. Ihm fällt auf, dass alle Schwäne weiss sind. Auch andere Menschen, die er am Ufer befragt, kommen zum gleichen Ergebnis. Auch sie sehen nur weisse Schwäne. Die Beobachtung, dass alle Schwäne in Sichtweite weiss sind, ist also intersubjektiv. Er schliesst induktiv, dass alle Schwäne überhaupt weiss sind. Er stellt also die Hypothese 'Alle Schwäne sind weiss' auf, ohne dass er selbst alle Schwäne der Welt gesehen hat. Anhand der Hypothese schliesst er deduktiv auf die Aussage 'Der nächste Schwan, den ich sehe, wird weiss sein.' Tatsächlich sieht er als nächstes wieder einen weissen Schwan, wodurch seine Hypothese sich bewährt hat. Um die Hypothese zu prüfen, fährt er an den Zürichsee, an den Genfersee und andere Seen und beobachtet dort ebenfalls Schwäne. Sein Ziel ist es, einen nicht weissen Schwan zu finden. Findet er trotz Anstrengung keinen, so ist seine Hypothese durch Beobachtungen hinreichend belegt und sie gilt als wahr. Sie bleibt jedoch prinzipiell falsifizierbar. Sollte jemand einen nicht weissen Schwan finden, so ist die Hypothese 'Alle Schwäne sind weiss' falsifiziert.*

*Forscher A macht nun Urlaub in Australien und bemerkt dort einen einheimischen schwarzen Schwan. Diese Beobachtung ist ebenfalls intersubjektiv, da auch seine Mitmenschen diesen Schwan eindeutig als Schwan und eindeutig als schwarz erkennen. Dadurch ist die Hypothese falsifiziert. Sie lässt sich jedoch modifizieren, um wieder zu gelten. Die neue Hypothese lautet 'Alle Schwäne aus Europa sind weiss.' Dieser Hypothese widerspricht ein schwarzer Schwan aus Australien nicht. Somit gilt sie als wahr.*

Dieser Pragmatismus hat angenehme und weniger angenehme Folgen. Positiv daran ist, dass jede Aussage über die Welt ständig geprüft und weiterentwickelt wird. Es gibt keine veralteten Theorien, da diese entweder falsifiziert oder stets von neuem bestätigt werden. Der Nachteil ist, dass keine absoluten

Aussagen gemacht werden können. Es kann nichts bewiesen werden und nichts gilt als sicher. Jede Hypothese kann theoretisch falsifiziert werden. So auch Hypothesen, an die wir uns gewöhnt haben. Die Hypothesen, dass alle Vitamine unter der Schale sitzen, Schwimmen nach dem Essen gefährlich ist, in einem gesunden Körper ein gesunder Geist wohnt und viele mehr wurden mehrfach falsifiziert, werden aber im Volksmund noch immer als wahr empfunden. Die Vorstellung, dass nichts sicher ist und man immer auf dem neuesten Stand der Forschung sein muss, um Alltagshypothesen sofort als falsifiziert zu erkennen, wenn Fakten gefunden werden, welche gegen sie sprechen, wird von der Bevölkerung verdrängt. Die logische Folge eines strikten Pragmatismus im Alltag wäre Nihilismus. Es gäbe keine Sicherheit und keinen Sinn mehr. Diese Vorstellung widerstrebt dem Menschen von Natur aus. Schon deswegen hinkt die Säkularisierung der Mysterien dieser Welt der Wissenschaft stets hinterher und wird wohl nie vollständig erreicht. Ein weiterer Grund für die mangelnde Säkularisierung ist auch die Selbstreferenz des Pragmatismus. Wenn man ihn konsequenterweise auf sich selbst bezieht, kann auch diese Weltanschauung als nützliche Theorie ohne Sicherheit angesehen werden. Er bewährt sich zwar durch die sinnvollen Theorien, welche nach dieser Methode erarbeitet wurden, kann jedoch nicht als Wahrheit oder einzig richtiger Weg gelten. Auch rein pragmatisch denkende Forscher müssen sich der Tatsache bewusst sein, dass es eine einzige Wahrheit geben könnte, welche sie durch ihre Paradigmen nur nicht erkennen können. Auch das Paradigma der unbeweisbaren Theorien ist unbeweisbar und könnte der Wahrheitsfindung in Wirklichkeit nur im Wege stehen.

Eine weitere logische Folge des Pragmatismus ist, dass keine normativen Implikationen aus den Beobachtungen gezogen werden können. Denn es werden lediglich kausale Zusammenhänge beobachtet und deren Gesetzmässigkeiten in Hypothesen formuliert. Es kann dadurch nur eine Aussage darüber gemacht werden, wie etwas passiert ist und wie wahrscheinlich das Eintreffen eines bestimmten Ereignisses ist. Es können keine Aussagen darüber gemacht werden, wie es sein sollte oder wie sich ein Mensch zu verhalten hat. Ebenso kann keine finale Erklärung für Ereignisse gegeben werden.

Ein Apfel, der von einem Baum fällt, tut dies nicht, um zu verwesen und einen neuen Baum zu bilden. Er tut dies, weil er von der Gravitation der Erde angezogen wird, und der Ast ihn nicht mehr hält. Nur diese kausalen Erklärungen sind in der Wissenschaft zulässig. Finale oder normative Erklärungen sind ungültig. Der Apfel fällt also auch nicht vom Baum, weil das besser ist, als oben zu bleiben.

## 2.2) Begriffe der Evolutionstheorie

- **Evolution:** Evolution meint Entwicklung. In der Evolutionstheorie meint sie im speziellen die Entwicklung von Lebewesen über Generationen. Besonders die Veränderung körperlicher Merkmale von Nachwuchs gegenüber den Vorfahren.
- **Mutation:** Mutation ist eine zufällige Veränderung des genetischen Codes eines Lebewesens. Durch Mutationen in einzelnen Genen, können erbliche Veränderungen am Aussehen eines Organismus entstehen. Es gibt jedoch auch eine Vielzahl stiller Mutationen, welche keine Veränderung im Aussehen mit sich ziehen. Sie werden nur durch Sequenzierung der DNA eines Organismus entdeckt.
- **Selektion:** Mit Selektion bezeichnet der Evolutionsbiologe die Auswahl einzelner Individuen einer Population oder Art in einem Ökosystem, welche sich weiter fortpflanzen können, während andere Individuen oder Arten sich nicht mehr fortpflanzen können und dadurch aussterben. Selektion tritt immer auf, wenn die Ressourcen zu knapp werden, um alle Individuen oder Arten am Leben zu erhalten und es konkurrierende, verschiedenartige Individuen/Arten gibt. In diesem Fall konkurrieren die Individuen/Arten um die knappen Ressourcen, wobei nur jene überleben, welche die Ressourcen am besten nutzen, einen Fortpflanzungsvorteil haben, sich Ressourcen besser beschaffen können als andere oder andere aus einer Nische verdrängen können.
- **Anpassung:** Unter Angepasstheit versteht man den durchschnittlichen Fortpflanzungserfolg eines bestimmten Genotypes in einer bestimmten Umgebung. Meist wird die Angepasstheit relativ zu einem anderen Genotypen angegeben.
- **Genotyp:** Ein Genotyp ist ein Individuum oder eine Gruppe von Individuen mit einem bestimmten genetischen Hintergrund.

- **Phänotyp:** Ein Phänotyp ist ein Individuum oder eine Gruppe von Individuen mit einem bestimmten äusserlichen Erscheinungsbild. Da nicht alle Gene ein messbares Merkmal verändern, kann ein Phänotyp mehrere Genotypen repräsentieren.
- **Rekombination:** Unter Rekombination versteht man die Neuordnung von Chromosomen, welche bei der sexuellen Paarung eintritt. Der Nachwuchs erhält dabei von jedem Chromosom je eine Kopie von Vater und Mutter. Merkmale der beiden Erblinien werden so in einem gemeinsamen Nachwuchs kombiniert.
- **Art<sup>1</sup>:** Eine Art ist ein Kollektiv von Individuen und Populationen, welche sich untereinander paaren können. Gehören zwei Individuen verschiedenen Arten an, können sie zusammen keinen zeugungsfähigen Nachwuchs zeugen.
- **Population:** Eine Population ist ein geographisch oder deliberativ geschlossenes Kollektiv von Individuen einer Art. Beispiele für Populationen sind Sippen, Herden, Rudel, Schwärme oder Inselformationen.
- **Gen-Pool:** Der Gen-Pool ist die Gesamtheit der Erbinformationen einer Population. Je grösser die Population ist und je unterschiedlicher die einzelnen Individuen sind, desto grösser ist der Gen-Pool. Der Gen-Pool wächst durch Mutationen, welche aus einem Gen zwei verschiedene Gene machen und schrumpft bei der Selektion, welche nur bestimmte Merkmale innerhalb des Gen-Pools selektioniert.
- **Nische:** Als Nische bezeichnet man einen ideellen Ort im Ökosystem. Eine Nische ist durch verfügbare Ressourcen, Topographie, Feinde und Beutetiere bestimmt. In jedem Ökosystem gibt es eine Vielzahl von Nischen, welche im Idealfall eines ökologischen Gleichgewichts alle nur einfach besetzt sind und miteinander wechselwirken. Ist eine Nische unbesetzt, so wird diese eventuell von einer Art aus einer anderen Nische besetzt.
- **Konkurrenz:** Konkurrenz tritt zwischen Tier- oder Pflanzenarten oder Individuen auf, welche sich eine Nische teilen und deren Ressourcen knapp sind. Sie kann dazu führen, dass eine Art aus einer Nische vertrieben wird oder ausstirbt.
- **Ausrottung:** Wird in einem Ökosystem ein Beutetier (oder eine Pflanze) zu schwach oder ein Raubtier (oder Pflanzenfresser) zu stark, kann dies zu einer Ausrottung führen. Dabei werden, anders als bei der Konkurrenz, Arten aus der einen Nische von Tieren aus einer anderen Nische bedroht. Die Ausrottung eines Beutetieres ist dann erreicht, wenn das Tier keinen Nachwuchs mehr zeugen kann und damit nach der aktuellen Generation ausgestorben sein wird.
- **Gleichgewicht:** Im Idealfall lebt in jeder Nische eines Ökosystems nur eine Art (Pflanzen und Tiere), welche sich in dieser Nische ungestört fortpflanzen kann. Die Raub- und Beutetiere haben ein ausgeglichenes Verhältnis, wodurch keine Art ausgerottet wird und sich die Bestände jeder Art in einem bestimmten Bereich bewegen. Hält dieser Zustand über längere Zeit an und sind die Bestände aller Arten konstant, so spricht man von einem ökologischen Gleichgewicht. Dieses Gleichgewicht hält sich jeweils so lange, bis ein Faktor von ausserhalb ein Ungleichgewicht verursacht. Sei dies eine Naturkatastrophe, ein Jäger aus einem anderen Ökosystem oder die Abwanderung eines Teiles dieses Ökosystems. In diesem Fall muss sich ein neues Gleichgewicht einpendeln. Gleichgewichte können auch oszillieren. Das heisst, dass die Artbestände stark schwanken, jedoch dabei einem bestimmten Muster folgen und nie auf Null zurückgehen.
- **Mikroevolution:** Als Mikroevolution bezeichnet man Evolution innerhalb einer Population. Mutiert wird hierbei nur ein Gen an nur einer Stelle und die Merkmale werden nach ihrer unmittelbaren Anpasstheit oder dem Fortpflanzungsvorteil in der aktuellen Generation selektioniert. Mikroevolution kann auch ohne Mutation sondern lediglich durch Rekombination und Selektion vorteilhafter Kombinationen funktionieren.
- **Makroevolution:** Als Makroevolution bezeichnet man die Generationen- und Artenübergreifende Evolution über mehrere Teilschritte. In jeder Generation werden jedoch nur wenige Basenpaare mutiert und die Merkmale werden nach ihrem unmittelbaren Nutzen selektioniert. Makroevolution

---

<sup>1</sup> Hier wird eine vereinfachte Definition von Art benützt, welche in der Evolutionsbiologie nützlich ist, jedoch in anderen Wissenschaftsfeldern wie Paläontologie keinen Sinn macht. Die Diskussion um einen einheitlichen Artbegriff soll nicht Teil dieses Artikels werden.

besteht also aus mehreren Mikroevolutionsereignissen. Da die Makroevolution somit lediglich die Extrapolation der Mikroevolution darstellt werden in diesem Artikel die beiden Begriffe unter dem Begriff 'Evolution' zusammengefasst (siehe Punkt 4).

*Beispiel: Im Ökosystem einer Steppe in Afrika leben unter anderem die Löwen, Antilopen und Gräser. Die Gräser besetzen die Nische der Wasser, Licht und Kohlendioxid konsumierenden Pflanzen, welche auf Steppenboden wachsen können. Die Antilopen besetzen die Nische der nomadischen, grasfressenden Herdentiere und die Löwen besetzen die Nische der antilopenfressenden, sesshaften Raubtiere.*

*Kommt nun neben den Löwen noch eine Population von Geparden in dieses Ökosystem, so können verschiedene Situationen eintreffen. Zum einen können die Geparde mit den Löwen um ihre Nische konkurrieren, wodurch eine der beiden Arten aus dem Ökosystem vertrieben wird. Zum anderen können die Geparde sich auf Zebras spezialisieren und dadurch eine neue Nische gründen, in welcher sie noch keine Konkurrenz haben. Oder sie können zusammen viele Antilopen reißen, wodurch der Bestand der Antilopen drastisch sinkt und diese Art ausgerottet wird. Als Folge würden Geparden und Löwen verhungern und ebenfalls aussterben.*

*Es kann nun aber auch sein, dass ein Gen in einem Löwen mutiert, welches im Embryonalstadium die Muskelbildung der Hinterbeine veranlasst. Dieses Gen würde durch die Mutation zufällig stärker. Die Kinder dieses Löwen hätten also eine stärkere Muskulatur in den Hinterbeinen und wären schneller als andere Löwen. So lange genügend Antilopen vorhanden sind, ist dies kein Problem. Die schnelleren Löwen würden für das ganze Rudel jagen und dadurch alle Löwen ernähren. Kommen nun aber Geparden und dezimieren die Antilopen, kommen die schnellen Löwen zu mehr Nahrung und die langsameren Löwen sterben schneller aus. Dadurch entwickelt sich die Löwenpopulation in diesem Ökosystem weiter. Durch Selektion überleben bevorzugt die neuen, schnelleren, Löwen.*

*Diese Entwicklung über Generationen nennt man Evolution.*

### 2.3) Aussage der Evolutionstheorie

Die Kernaussage der Evolutionstheorie ist folgende:

Durch zufällige Veränderung der Erbinformation und durch sporadische Selektion von Merkmalen, welche an die Umwelt am besten angepasst sind, entwickeln sich Arten weiter. Die Veränderung des Erbguts geschieht durch den Mechanismus von Mutationen in Genomen von Lebewesen. Also durch Löschung von Basenpaaren, durch Substitution von Basen und durch Kopie und Löschung von ganzen Sequenzen. Die Auswahl der am Besten angepassten Merkmale geschieht natürlich in Stresssituationen, in welchen nicht mehr alle Mitglieder einer Population die gleiche Chance auf Fortpflanzung oder Überleben haben. In diesem Fall können nur jene ihre Erbinformation an die nächste Generation weitergeben, welche den grössten Fortpflanzungsvorteil oder Überlebensvorteil besitzen.

Die Evolutionstheorie setzt hierbei voraus, dass jede Art regelmässig Zeiten des Überflusses, in welchen der Gen-Pool durch Mutationen wachsen kann, und Zeiten des Stresses, in welchen nur die bestangepassten Individuen ihre Erbinformation weitergeben können, durchmacht. Durch diese abwechselnde Wirkung von Mutation und Selektion passt sich eine Art laufend an die Umwelt an (Campbell, 1999).

Durch diese Mechanismen kann eine Population sich auch in einer Stresssituation in zwei Populationen spalten, wobei bei jeder ein anderes Merkmal selektiert wird. Diese beiden Populationen werden sich auch im Weiteren, je nach ihrer Veranlagung, in verschiedene Richtungen spezialisieren. Auf diese Weise entsteht aus einer Art eine neue Art.

Diesen Mechanismus vorausgesetzt ist es hypothetisch möglich, dass alle Lebewesen der Erde sich aus einem einzelnen Organismus entwickelt haben. Es ist somit auch möglich, einen Stammbaum aufzustellen, welcher alle lebenden und ausgestorbenen Arten miteinander in Beziehung setzt und gemeinsame Vorfahren von verschiedenen Arten identifiziert.

Nicht Teil der Evolutionstheorie ist, woher die erste Zelle kam (da diese sich nicht durch Mutation und Selektion entwickelt haben kann) und wohin die Entwicklung der einzelnen Arten künftig führen wird oder sollte. Die Entstehung des ersten Lebewesens ist zwar Teil der Biologie, hat jedoch schon fast

philosophische Züge. Die Weiterentwicklung der Arten vom heutigen Stand kann man nur durch Wahrscheinlichkeitsrechnung beschreiben. Veränderungen in der Umwelt, welche die Selektion beeinflussen – sowie künftige Mutationen – können nur schwer vorausgesagt werden. Auch normative Aussagen der Evolutionstheorie darüber, wie sich eine Art entwickeln sollte, sind nicht Teil der Evolutionstheorie. Sie sind Teil der Eugenik, des Evolutionismus und der Rassenlehre aus der Mitte des 19. Jahrhunderts.

### 3) Ursprung neuer Arten

Darwin beobachtete nur die Evolution innerhalb einer Art, also die Entwicklung neuer Merkmale und die Durchsetzung in Situationen mit knappen Ressourcen. Diese Beobachtungen führten ihn zu der Hypothese, dass in einer Ressourcenknappheit nur jene Tiere überleben, welche sich am Besten an die aktuelle Situation angepasst haben (*survival of the fittest*) (Darwin, 1882). In Zeiten des Überflusses überleben alle Tiere. Selbst solche, die sinnlose oder schädigende Mutationen tragen. Doch sobald die Nahrung, der Raum oder das Wasser zu knapp wird, werden jene Tiere selektiert, welche sich am besten an die Knappheit anpassen können. Diese Hypothese macht noch keine Aussage über die Neuentstehung von Arten möglich. Lediglich über die Weiterentwicklung von Arten und ständige Anpassung an die Umwelt. Um die Entstehung von Arten nachvollziehen zu können, muss man den zweiten Teil der Evolutionstheorie verstehen.

Die Mechanismen zur Entstehung von Arten beobachtete Darwin auf Galapagos an Finken. Diese demonstrieren, wie aus einer bestehenden Art mehrere neue Arten entstehen können.

Wird innerhalb einer Art durch eine Mutation ein Merkmal ausgeprägt, welches den Individuen mit dieser Mutation eine neue Nische zugänglich macht, kann sich die Art in diese Nische ausdehnen.

Am Beispiel eines Finken kann man dies beobachten. Die Finken bewohnten die Nische der insektenpickenden und beerenessenden Vögel auf Bäumen. Durch eine Mutation kamen aber Finken zur Welt, welche einen zu grossen Schnabel hatten. Sie konnten noch immer Beeren essen, kriegten aber weniger Insekten zu fassen. Doch sie hatten nicht nur einen Nachteil, sondern auch einen Vorteil gegenüber der Stammpopulation. Denn sie konnten mit den grösseren Schnäbeln besser zupacken und konnten auf diese Weise Samen knacken, welche den Finken bis anhin nicht als Nahrung dienten. Sie konnten also eine neue Nische bevölkern; und zwar die der samenknackenden und beerenessenden Finken. Da die Insekten und die Samen an verschiedenen Stellen auf der Insel häufig waren, trennten sich die Finken geographisch ein wenig. Sie hatten noch immer Kontakt, aber die grossschnäbligen hielten sich vornehmend in Gebieten auf, in denen keine Insekten aber viele Samen vorkamen. Dort mussten sie nicht mit anderen um Nahrung kämpfen; denn Samenfresser gab es auf der Insel noch keine. Diese geographische Trennung führte zur Formung zweier verschiedener Populationen. Weil sich die kleinschnäbligen und die grossschnäbligen Finken eher mit gleichartigen, also auch geographisch näheren, Individuen paarten, wurde das Merkmal der grossen Schnäbel aus der einen Population wieder fast ausgelöscht (Rückkreuzung nach Mendel), in der anderen Population wurde es aber aufgereinigt. Es entstanden zwei physiologisch verschiedene Finkenpopulationen. Diese entfernten sich auch dadurch voneinander, dass in Zeiten mit weniger Samen jene überlebten, die auch die ganz harten Schalen knacken konnten und dadurch einen Vorteil auf der Nahrungssuche hatten. Auf diese Weise wurden die Schnäbel von Generation zu Generation stärker. Die insektenpickenden Finken behielten aber ihre kleinen Schnäbel, weil sie mit grossen Schnäbeln nicht mehr an die Insekten gekommen wären.

Geht diese Diversifizierung der Arten nun so weit, dass sich die Finken nicht mehr untereinander paaren können, spricht man von zwei verschiedenen Arten. Eine Paarungsunmöglichkeit ist dann erreicht, wenn die Spermien des männlichen Partners nicht mehr von den Rezeptoren der Eizelle des weiblichen Partners erkannt werden. Leichte Mutationen in den Membranproteinen der Spermien und Eizellen sind möglich und führen noch nicht zu einer Paarungsunfähigkeit. Zu gravierende Mutationen sind aber nicht haltbar. So lässt sich über mehrere Generationen die Paarungswahrscheinlichkeit mit der Stammpopulation verringern (Campbell, 1999).

Es ist auch möglich, dass trotz einer erfolgten Paarung kein lebensfähiger oder kein zeugungsfähiger Organismus gezeugt wird. Dies ist dann der Fall, wenn die Spermien zwar die Eizelle befruchten können, jedoch eine andere Chromosomenzahl besitzen. In diesem Fall entsteht bestenfalls ein zeugungsunfähiger Mischling, wie dies beim Maultier oder Maulesel (Paarung von Pferd und Esel) beobachtet werden kann (Campbell, 1999). Die Chromosomenzahl kann sich jedoch nicht spontan in einer Art verändern. Hat nur ein Männchen oder ein Weibchen eine andere Anzahl Chromosomen als die anderen Individuen der Population, ist es einfach nicht mehr zeugungsfähig. Es muss sich die Chromosomenanzahl in mehreren Individuen gleichzeitig verändern, damit eine neue Art entstehen kann. Dieses Phänomen wird selten beobachtet. Meist liegt ihm eine vererbliche Instabilität eines bestimmten Chromosoms zu Grunde. Eine Erbkrankheit, welche dazu führen kann, dass während der Ovo- oder Spermiogenese ein bestimmtes Chromosom zerbricht. Oder die Wahrscheinlichkeit, dass ein Chromosom in der Meiose nicht vom Schwesterchromosom getrennt wird, wird so hoch, dass Spermien und Eizellen entstehen, welche einmal ein Chromosom zu viel und einmal eines zu wenig haben. Während eine Befruchtung einer defizitären Eizelle mit einem defizitären Spermium mit grosser Wahrscheinlichkeit keinen lebensfähigen Nachwuchs ergibt, kann der andere Fall zu einem lebensfähigen Organismus führen, der jedoch ein Chromosomenpaar mehr besitzt als die anderen Individuen der Population. Tritt dieser Fall in einer Population häufig ein, kann auf diese Weise aus der Population eine neue Art entstehen. Setzt sich diese aufgrund eines Selektionsvorteils gegenüber den anderen Individuen durch, so hat sich die neue Art bewährt und kann sich ausdehnen.

Sind dies die Mechanismen der Artenbildung, so müssen sie auch heute beobachtbar sein. Denn es müssten auch heute noch Arten auf diese Weise entstehen. Und tatsächlich bewährt sich auch diese Hypothese an einem beobachtbaren Beispiel. In den Rocky Mountains in Nord Amerika sind die Deer Mice heimisch, welche sich nach einer geographischen Trennung in den Bergen in mehrere Unterarten geteilt haben. Zwei dieser Unterarten sind nicht mehr untereinander paarungsfähig, wobei die Paarung über eine dritte Unterart noch funktioniert. Die Erkennungsproteine sind also noch nicht so verschieden, dass alle Unterarten nicht mehr untereinander Nachwuchs zeugen können, sie sind aber bereits so weit auseinander gegangen, dass zwei Unterarten nicht mehr kompatibel sind. Stirbt nun die Art aus, über welche sich die Unterarten noch paaren können, sind aus einer Art effektiv zwei verschiedene Arten entstanden. Dieser Prozess lässt sich heute beobachten (Campbell, 1999).

Die Evolutionstheorie geht nun davon aus, dass es am Anfang nur ein einziges Tier gegeben hat. Ein einzelliges Tier, von dem alle heute lebenden Pflanzen- und Tierarten, inklusive des Menschen abstammen. Durch wiederholte Entfernung von Populationen und Bildung neuer Arten entstanden so alle Tierarten von der Fruchtfliege bis zum Blauwal. Gestützt wurde diese Theorie von Fossilfunden, welche einer Schicht (und damit einem Zeitalter) immer nur bestimmte Tiere zuordnen konnte, anderen Schichten jedoch andere. Zudem schien es so zu sein, dass Tiere in höheren Schichten (also jüngeren Zeiten) jenen der tieferen Schichten dennoch ähnelten. Je weiter Schichten voneinander entfernt waren, desto weniger ähnelten die Knochen einander. Doch es liess sich grob ein Stammbaum zeichnen, welcher die Verwandtschaft einzelner Skelette untereinander aufzeigte. Dieser phylogenetische Baum war aber hochgradig ungenau und konnte mit Tieren wie der Schildkröte, dem Schnabeltier oder Beuteltieren nichts anfangen. Denn diese passten an keinen Ast des Baumes. Ebenso gab es viele Bindeglieder zwischen Arten, welche eigentlich hätten existieren sollen, von denen man aber keine Fossilien fand. Diese fehlenden Bindeglieder, oder *missing links*, waren ebenfalls ein Nachteil der ersten Stammbäume. Diese Unzulänglichkeit des – aufgrund von Fossilfunden generierten – Baumes des Lebens war eine gute Angriffsfläche für jeden, der mit Darwins Evolutionstheorie nicht einverstanden war. Bis vor guten 20 Jahren gab es aber keine Möglichkeit, einen genaueren Stammbaum zu zeichnen. Es gab zu viele Lücken im Baum. Doch diese Angriffsfläche wird durch Genetik und Bioinformatik nun rapide verkleinert.

#### 4) Mikroevolution /Makroevolution

Einige Lehrbücher und besonders auch kritische Abhandlungen über die Evolutionstheorie unterscheiden zwischen Mikro- und Makroevolution. Mit Mikroevolution ist generell eine kleine Veränderung im Gen-Pool gemeint (von Verhältnisverschiebungen bis zu einem neuen Merkmal) mit Makroevolution bezeichnet man grössere Veränderungen im Gen-Pool, welche über mehrere Generationen stattfinden.

Während Mikroevolution direkt beobachtbar und dadurch als Fakt angenommen ist, steht die Makroevolution momentan auf dem Stand einer Hypothese, welche nur in wenigen Organismen und nur in aufwändigen Experimenten beobachtbar ist.

Die Wahrscheinlichkeit, dass sich durch Mutation ein Merkmal verbessert und dadurch künftig selektiert wird, ist sehr gering. Eine derartige Mutation kann nur selten und nur bei grossen Populationen beobachtet werden. Dass sich dasselbe Merkmal ein zweites Mal zum Besseren verändert, ist jedoch um einiges Unwahrscheinlicher. Da genau dieses Szenario beobachtet werden müsste, damit die Makroevolution als Fakt angenommen werden kann, muss ein primitiver Organismus (wenige Merkmale) in einer Umgebung, an die er nicht angepasst ist (grosser Selektionsdruck) über viele Generationen beobachtet werden.

Ein kleines Rechenbeispiel macht dieses Experiment klar: Nimmt man an, dass die Wahrscheinlichkeit einer nützlichen Mutation 1:10'000 ist (was sehr grosszügig geschätzt ist) und dass der Organismus 4'000 Gene hat (ungefähre Grösse des Genoms von Colibakterien), welche mutiert werden können, dann ist die Wahrscheinlichkeit für die Beobachtung eines Mikroevolutionsereignisses 1:10'000. Die Wahrscheinlichkeit für die Beobachtung eines Makroevolutionsereignisses ist 1:400'000'000'000.

Trotzdem schrecken diese Zahlen nicht alle Forscher ab. Eine Versuchsanordnung zur Beobachtung von Evolution hat die Forschergruppe um R. Lenski und M. Traviano an der Michigan State University aufgebaut. Es wurden dabei 12 Populationen ( $10^7$ - $10^9$  Individuen) von *Escherichia coli B* über einen Zeitraum von 10'000 Generationen in einem zuckerarmen Medium und ohne Austauschmöglichkeit mit Bakterien ausserhalb des Teströhrchens beobachtet. Im Verlauf dieses Experimentes wurde bei allen 12 Stämmen bereits in den ersten 2000 Generationen eine merkliche Verbesserung der Anpassung an das mangelhafte Medium festgestellt. Die meisten haben sich bereits nach 5000 Generationen ausreichend an die Umgebung angepasst und veränderten sich nur noch geringfügig. Im Verlauf des Experimentes wurden auch Makroevolutionsereignisse beobachtet (Lenski, 1994).

Eine ähnliche Versuchsanordnung mit anderen Organismen ist schwer zu erreichen. So müsste man für den gleichen Versuch mit *D.melanogaster* (Fruchtfliege) 12 Räume à 10x10x3 Metern über einen Zeitraum von 400 Jahren mit Dorsophila füllen und beobachten. Dabei fressen diese Tiere jede Woche um 1t Früchte. Mit Menschen müsste man die Versuchsanordnung auf alle Menschen der Welt ausdehnen und sie über 400'000 Jahre beobachten. Ein solches Experiment ist kaum zu ermöglichen. Aus diesem Grund wird die Makroevolution bei Mehrzelligen Organismen mit grösster Wahrscheinlichkeit auch in Zukunft unbeobachtet bleiben. Es ist also aussichtslos, in der Natur nach Makroevolutionsereignissen zu suchen. Die Wahrscheinlichkeit, ein solches Ereignis innert nützlicher Frist zu beobachten ist verschwindend gering.

Man kann jedoch anhand der Hypothese der Makroevolution Aussagen über die Welt machen, welche sich durch Beobachtung bestätigen lassen. So lässt sich unter Annahme von Makroevolution aussagen, dass jedes Merkmal sich über kleine Schritte entwickelt, welche jeweils einen unmittelbaren Selektionsvorteil bringen. Diese Zwischenformen müssen sich im Fossilbericht niederschlagen und es müssen Arten gefunden werden, welche sich schon nach wenigen Zwischenschritten von der Erblinie abspalten und dadurch das Merkmal nur zu einem Teil ausgebildet haben. Diese Aussagen haben sich mehrfach bewahrheitet (Gehring, 2005 / Campbell, 1999 / Kumar, 1998 / Lodish, 2000 / Woodburne, 2003).

## 5) Belege für die Evolutionstheorie

Die Evolutionstheorie, wie jede andere Theorie in der Wissenschaft, muss teilweise belegt werden, wenn man sie als bewährte Theorie ansehen will. Belege, also Fakten, welche die Evolutionstheorie stützen sowie Anwendungen, in welchen sich die Annahmen der Evolutionstheorie bewährt haben, werden in diesem Teil kurz zusammengefasst. Jeder Beleg stützt zwar eine Annahme der Evolutionstheorie, doch dadurch ist die Evolutionstheorie keinesfalls zu beweisen. Die Belege an sich sind intersubjektive Fakten und sind dadurch nicht diskutabel. Die Interpretation dieser Fakten als Belege für eine Theorie sind jedoch rein subjektiv. Jeder Fakt könnte auch anders erklärt werden oder eine andere Theorie stützen. Doch obschon das Ausmass der Unterstützung der Evolutionstheorie diskutabel ist, sprechen all diese Belege eher für als gegen die Evolutionstheorie. Und das ist das höchste Mass an Beleg, welchen man für eine Theorie finden kann.

Auch das Fallen eines Steines kann durch übernatürliche Theorien erklärt werden und muss nicht zwingend ein Beleg für die Gravitationstheorie sein. Dennoch kann man ihn *auch* dafür verwenden.

- **Fossilien:** Die Evolutionstheorie geht davon aus, dass sich aus einer Art im Laufe der Zeit durch Mutation und Selektion mehrere Arten entwickeln können. Um diese Annahme zu belegen müssten Fossilien so abgelagert sein, dass in tiefen Schichten Arten vorkommen, welche ein Merkmal eigen haben, das keine andere Art teilt. In höheren Schichten müssten mehrere Arten mit diesem Merkmal liegen, welche jedoch wieder einzigartige Merkmale haben, die sich in noch höheren Schichten häufen. Es muss also anhand von Merkmalen in den Fossilien und anhand der stratographischen Lage der Fossilien eine Abstammungslinie erkennbar sein. Diese Voraussage hat sich an mehreren Fossilien bewährt. In der Tat findet man Merkmale, welche von mehreren Fossilien geteilt werden in tieferen Schichten nur noch bei wenigen oder nur noch bei einem Fossil. Auf diese Weise konnten einfache Stammbäume ausgestorbener Arten ermittelt werden (Campbell, 1999).
- **Fortführung:** Wenn sich das Leben in der Vergangenheit durch Mutation und Selektion entwickelt hat, wie die Evolutionstheorie annimmt, müsste auch heute noch eine solche Entwicklung feststellbar sein. Auch diese Annahme hat sich an mehreren Beispielen bewährt. So kann man bei gemischtfarbigen Populationen von Insekten oder Fischen ein bestimmtes Phänomen beobachten. Die Mehrheit der Individuen hat nach einigen Generationen die gleiche Farbe wie der bevorzugte Lebensraum dieser Tiere. Fischpopulationen, in denen es helle und dunkle Individuen gibt, haben eine Mehrheit an hellen Individuen, wenn der Grund des Teiches ebenfalls hell ist und eine dunklere Färbung, wenn der Boden ebenfalls dunkel ist. Dieses Phänomen ist dadurch zu erklären, dass die auffälligen Individuen ein höheres Risiko haben, von einem Fressfeind gefressen zu werden. Die angepassten Individuen haben die höheren Überlebenschancen. Ändert man absichtlich den Untergrund einer Population, kann man über die nächsten Generationen eine Anpassung an diesen Untergrund feststellen (Campbell, 1999).
- **Mutation:** Darwin postulierte die Mutation, ohne je von DNA oder UV-induzierten Pyrimidin-Dimeren gehört zu haben. Bis Mitte der 50er Jahre war nicht bekannt, wie Erbinformation von Generation zu Generation weitergegeben wird. Dennoch sprach Darwin von einer Mutation und Nachwuchs mit neuen Merkmalen. Die Annahme, dass es tatsächlich zu Mutationen kommt, und was der Mechanismus für diese ist, bestätigte sich in den 60er Jahren. Mutationen entstehen dann, wenn DNA beschädigt und in der Folge falsch kopiert wird. Dadurch erhält eine der Tochterzellen fehlerhafte Information (Campbell, 1999). Kommt dies in Geschlechtszellen vor, so verändert sich die Erbinformation, welche an spätere Generationen weitergegeben wird. Die tatsächliche Existenz von Mutationen ist ein weiterer Beleg für die Evolutionstheorie.
- **Selektion durch Anpassung:** Die Selektion von Lebewesen, welche besonders gut an die Umwelt angepasst sind, lässt sich an gemischtfarbigen Populationen beobachten, wie oben bereits erwähnt wurde.
- **Selektion durch Fortpflanzungsvorteil:** Die Selektion eines Merkmals durch Fortpflanzungsvorteil lässt sich an den Resultaten dieser Selektion absehen. Ein populäres Beispiel hierfür ist der Pfau, welcher zur Paarungszeit ein Rad aus Federn schlägt. Dieses macht den männlichen Pfau zwar langsamer, je grösser das Rad ist, doch weibliche Pfaue bevorzugen einen Pfau mit grossem Rad. Deswegen wird

auch ohne menschliche Zucht jeweils der Pfau mit dem grössten Rad am meisten Nachkommen zeugen, während Pfaue mit kleinen Rädern nur selten zur Paarung kommen. Auch beim Menschen lässt sich auf diese Weise der gerade Rücken erklären. Menschen haben in einer Gesellschaft besonders dann einen Fortpflanzungsvorteil, wenn sie einen knackigen Hintern, einen flachen Bauch und breite Schultern (Mann) oder grosse Brüste (Frau) haben. Will man nun all diese Merkmale optimieren, so muss man sich möglichst aufrecht hinstellen und den Rücken strecken. Je gerader die Wirbelsäule steht, desto flacher wirkt der Bauch, desto knackiger wirkt der Hintern und desto mehr stehen Schultern und Brust vom Körper ab. Unbewusst wählt also der Mensch seine Partner nach einem aufrechten Gang und einer geraden Wirbelsäule aus. Dies erklärt die stetige Entwicklung zu einem aufrecht gehenden Menschen in den letzten Jahrtausenden.

- **Diversifikation:** Diversifikation von Arten, also das Teilen einer Art in zwei Unterarten wird als der Ursprung von neuen Arten angenommen. Ein Beleg für diese Annahme wäre ein Tier, welches aktuell beobachtbar im Begriff ist, sich in zwei Unterarten aufzuteilen. Diesen Beleg bilden die Deer Mice in den Rocky Mountains, welche aktuell in vier Unterarten vorkommen. Zwei dieser Unterarten können sich nicht mehr untereinander paaren, jedoch können sich beide noch mit den anderen Unterarten paaren (Campbell, 1999). Sollten die anderen beiden Unterarten nun aussterben, oder sich ebenfalls von den anderen Arten entfernen, sind zwei verschiedene Arten aus einer Art entstanden. Da dieser Prozess aber Jahrhunderte dauern kann, hat noch niemand eine vollständige Diversifizierung beobachten können. Die Verschiedenen Stadien sind allerdings alle erkannt worden. So wurde bei den Galapagos-Finken das Vorstadium in Form von kompatiblen Unterarten beobachtet (Campbell, 1999).
- **Nachahmung:** Nimmt man an, dass Mutation und Selektion die einzigen Mechanismen sind, welche eine Entwicklung ermöglichen, sollte der Mensch in der Lage sein, durch absichtliche Mutation und Selektion die Entwicklung eines Lebewesens zu beschleunigen oder zu veranlassen. Diese Annahme wurde in zwei prominenten Beispielen belegt. Die Mutationen von *Drosophila melanogaster* sind dabei die eindrucklichsten. Durch Bestrahlung der Fruchtfliegen und durch Verabreichung von mutagenen Substanzen wurden teilweise schlimme Mutationen hervorgerufen, welche danach in separate Linien gezüchtet wurden. So konnten Fliegen mit weissen Augen (statt roten), mit kurzen Beinen, langen Beinen, kurzen Flügeln, langen Flügeln, Schwarzer Farbe des Panzers (statt brauner) oder mit geschwungenen Flügeln gezüchtet werden. All diese Unterarten entstanden lediglich durch Bestrahlung und Auswahl der Mutanten zur Weiterzucht. Ein Beispiel ohne künstliche Auswahl findet man in der Agrikultur. Samen von Nutzpflanzen wurden im letzten Jahrhundert Strahlung oder Mutagenen ausgesetzt und dann gepflanzt. Die wenigen Pflanzen, welche wachsen konnten, paarten sich untereinander, was eine neue Population von Pflanzen erzeugte. Dieser Vorgang wurde so oft wiederholt, bis sich eine nützliche Eigenschaft entwickelt hat. So zum Beispiel die Resistenz gegen einen Schädling oder gegen ein Herbizid. Getestet wurde die Fitness der Pflanzen dabei schlicht dadurch, dass man sie der Bedrohung ausgesetzt hat. Die angepassten Pflanzen haben überlebt. Auf diese Weise wurden neue Merkmale geschaffen, welche in herkömmliche Linien eingekreuzt werden konnten. Dass dies funktioniert ist ein weiterer Beleg für die Annahme der Mutation und Selektion als Motoren der Evolution. Diese Vorgehensweise wird heute durch gezielte Eingriffe mittels Gentechnologie zunehmend verdrängt.

## 6) Entwicklung der Evolutionstheorie

Seit Darwins Buch über den Ursprung der Arten hat sich die Evolutionstheorie mehrmals verändert. Diese Veränderungen lassen sich in 4 Epochen einteilen, welche ich kurz skizzieren möchte. Ich stütze mich bei der Beschreibung auf das Review von Ulrich Kutschera (Kutschera, 2004):

- **Darwinismus (um 1850):** Charles Darwin und Russel Wallace haben die Theorie der Evolution des Lebens durch Selektion auf der Erde begründet. Sie stützten sich dabei zum Teil auf Lamarcks Theorie des sanften Entwicklung, welche jedoch davon ausging, dass die Tiere aus Not neue Merkmale ausbilden, was in der Darwin/Wallace-Theorie dementiert wurde. Darwin/Wallace haben auch die

Entwicklung aller Arten aus einem gemeinsamen Vorfahren angenommen (Darwin, 1882 / Kutschera, 2004).

- **Neo-Darwinismus (um 1900):** Begründet von A. Weismann dementiert diese Theorie auch die 'weiche Evolution', welche von Lamarck angenommen wurde und aussagt, dass die sexuelle Rekombination in jeder Generation neue Merkmale erzeugt. Genetische Mutation als andere Möglichkeit war jedoch noch nicht Teil dieser Theorie.
- **Synthetische Theorie (1937-1950):** Diese Weiterentwicklung der Evolutionstheorie bezog neben der klassischen Evolutionstheorie nach Darwin auch noch mendelsche Genetik, Systematik, Geologie und Paläozoologie ein. Die Vordenker dieser Theorie waren die Biologen J.Huxley, T. Dobzhansky und G.G. Simpson. Nach der Entdeckung der DNA um 1960 wurde auch der Mechanismus der Mutation endlich aufgeklärt und fester Bestandteil der Evolutionstheorie.
- **Neosynthetische Theorie (ab 1980):** Mit der Entdeckung der DNA und der Sequenzierungsmöglichkeiten rühten weitere Felder in die Nähe der Evolutionstheorie. Diese wurden in den letzten 20 Jahren nach und nach mit der Evolutionstheorie verknüpft, wodurch sie ein immer grösseres synthetisches Gebilde wird. Drei dieser Erweiterungen seien hier erwähnt:
  - **Evo-devo (ab 1980):** Nach der Entdeckung der *Hox* Gen-Familie und ihrer Konservativität über Arten und Gattungen hinweg, wurde auch die Embryogenese in die Evolutionstheorie miteinbezogen. Die Hox-Gene steuern die frühe Embryonalentwicklung aller Arten seit der kambrischen Explosion (alle Insekten, Wirbeltiere und Krebs- und Spinnentiere eingeschlossen). Die Entwicklung des Lebewesens von der Eizelle zum adulten Organismus und die Evolution dieser Entwicklung rückten ins Licht der Forschung.
  - **Molekulare Evolutionstheorie (ab 1990):** Durch die Fortschritte in der Sequenzierung von Genen und ganzen Genomen in den 90er Jahren und durch die Fortschritte in der Bioinformatik haben dazu geführt, dass auch die Evolution von einzelnen Genen vermehrt Beachtung fand. Ein wichtiger Zweig dieser Theorie ist die Phylogenomik.
  - **Experimentelle Evolutionstheorie (ab 1990):** 1994 wurde an der Universität in Michigan, USA, erstmals ein grosser Feldversuch mit Bakterien gemacht, um die Evolution in Aktion zu beobachten. Dabei wurden mehr als 4 Jahre lang 12 Populationen von *E.coli* beobachtet. Dieses Experiment lieferte neue Erkenntnisse über die Weiterentwicklung von Arten und ebnete den Weg für Computersimulationen solcher Anordnungen. Diese *in silico*-Studien könnten in den nächsten Jahren neue Erkenntnisse über die Evolution liefern (Kutschera, 2004).

## 7) Phylogenomik

Als Phylogenomik bezeichnet man das Nachvollziehen des phylogenetischen Baumes mit gentechnischen Hilfsmitteln, insbesondere unter Zuhilfenahme von ganzen Genomen, welche miteinander verglichen werden. Diese Art der Phylogenetik ist erst seit wenigen Jahren möglich, da sie die Rechenleistung von schnellen Computern voraussetzt. (Delsuc, 2005)

Bis in die 70er Jahre konnte man lediglich anhand von Fossilien die einzelnen Arten in eine Verwandtschaftsbeziehung miteinander setzen. Form und Grösse von einzelnen Knochen, homologe Merkmale und Aussehen der ganzen Tiere waren die Merkmale, an denen man die Tiere eingeordnet hat. Zum Teil mit grossen Fehlern. Auch waren überall da Lücken im Baum, wo noch kein Fossil gefunden war. Seit den 70er Jahren und der Möglichkeit, ein Protein zu sequenzieren, ist es möglich, nicht nur sichtbare Merkmale, sondern auch Proteinsequenzen als Grundlage für phylogenetische Einteilungen zu nehmen. Durch den Vergleich von Proteinen, welche sich über Millionen von Jahren kaum verändern, kann man quantitative Angaben über den Verwandtschaftsgrad von Tieren machen. Die Anzahl veränderter Aminosäuren in einem Protein geteilt durch die Länge des Proteins liefert eine Kennzahl, mit der man schnell sehen kann, wer näher mit wem verwandt ist (siehe BOX 1). Dennoch ist diese Art der Phylogenetik auch ungenau, da immer nur ein Protein betrachtet wird, und dieses, um funktionstüchtig zu sein, nur eine begrenzte Anzahl von Mutationen ertragen kann.

In den 80er Jahren wurde es möglich, einzelne Gene miteinander zu vergleichen. Auch hier hatte man allerdings das Problem, dass nur wenige Gene zur Verfügung standen, die verglichen werden konnten. Dies ergab statistisch kaum haltbare Stammbäume.

**BOX 1****Vorgehen in der Phylogenomik:**

Um einen phylogenetischen Baum anhand von genetischen Merkmalen zu berechnen, benötigt man eine konservative Region oder ein gut erhaltenes Gen, welches bei allen einzubeziehenden Organismen vorkommt. Nimmt man mehr als ein Gen für den Vergleich von mehreren Organismen, so müssen nicht alle jedes Gen besitzen. Es können auch Lücken miteinbezogen werden.

Diese Erbinformation vergleicht man nun miteinander. Und zwar wird jeder Organismus mit jedem verglichen und es wird ein Index der Entfernung auf dem phylogenetischen Baum errechnet, der innerhalb dieses Systems standardisiert ist. So zum Beispiel die Anzahl Mutationen geteilt durch die Anzahl der verglichenen Basenpaare. Auf diese Weise ergibt sich eine Ähnlichkeitsmatrix der untersuchten Arten.

Als Beispiel werden die Merkmale A, B, C, D und E genommen, zwischen welchen folgende Entfernungen errechnet wurden:

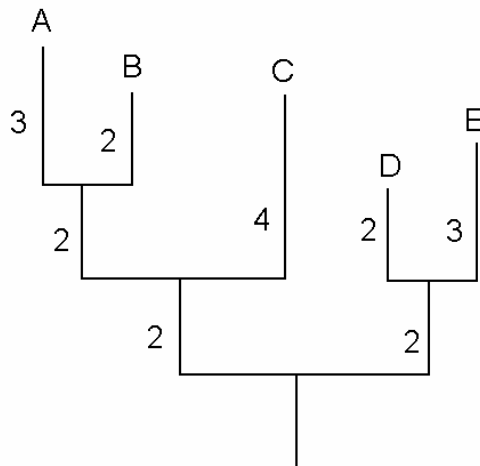
AB: 5, AC: 9, AD: 11, AE: 12, BC: 8, BD: 10, BE: 11, CD: 10, CE: 11, DE: 5

Dies ergibt folgende Abstandsmatrix

	A	B	C	D	E
A	0	5	9	11	12
B	5	0	8	10	11
C	9	8	0	10	11
D	11	10	10	0	5
E	12	11	11	5	0

Aus dieser Matrix lässt sich nun ein Baum errechnen, welcher allen Abständen Rechnung trägt.

*Fig 1:  
Die vertikalen Linien geben den Abstand zwischen den Knoten an. Die horizontalen Linien sind nur eingefügt, um den Baum ansehnlicher zu machen. Sie sagen nichts über die Entfernung der Merkmale aus.*



Zurzeit sind mehrere Programme online und installierbar erhältlich, welche Bäume aus genetischen Informationen generieren können. Im Anhang A wird die Handhabung eines dieser Programme (ClustalW-Server) erläutert, damit selber Erfahrungen mit Stammbäumen gesammelt werden können.

Seit dem Human Genome Project und ähnlichen Sequenzierungs-Reihen mit verschiedensten Tierarten steht der Forschung heute aber eine grosse Anzahl an Genen und sogar ganzen Genomen zur Verfügung, um solche Vergleiche durchzuführen. Seit dem Jahr 2000 sind auch die Computer schnell genug, um Vergleiche von über 100 Genen von mehreren Tierarten gleichzeitig durchzuführen. Im Mai 2005 waren bereits 260 komplette Genome in Datenbanken verfügbar. 33 davon von Eukaryonten. Über 1000

Genome werden zurzeit noch aufgeklärt und sollten in den nächsten Monaten verfügbar sein. Durch diese enorme Datenmenge und die immer schneller werdenden Rechner ist es nun möglich, sehr gut aufgelöste phylogenetische Bäume zu erzeugen (Delsuc, 2005).

Die Grenzen der Phylogenomik sind allerdings bei ausgestorbenen Tierarten erreicht. Ist von einem Tier keine DNA zu finden, so kann es nicht in die so generierten Bäume eingeordnet werden. Sowohl Dinosaurier als auch Neandertaler und Australopithecini können also nicht in diese Stammbäume eingetragen werden. Um ihren Platz im Baum zu finden, müssen auch weiterhin Fossilien zur Rate gezogen werden. Die Phylogenomik ermöglicht es lediglich, die Verwandtschaft von heute lebenden Tieren genau zu berechnen.

Nicht überraschend, wenn man die Evolutionstheorie als gegeben annimmt, stimmen die Befunde über Verwandtschaftsgrade überein, wenn man mit verschiedenen Genen die gleichen Tierarten vergleicht. Diese Übereinstimmung von Mutationen ist eine logische Folge aus der Annahme, dass alle Tiere gemeinsame Vorfahren haben. So ist es auch nicht verwunderlich, dass in jedem Genom bis jetzt immer wieder die gleichen Gene und Gen-Superfamilien gefunden wurden. Sie alle haben diese Informationen von ihren Vorfahren geerbt und vererben sie weiter.

Diese neuen Befunde belegen die Annahme, dass näher verwandte Arten weniger Mutationen und deswegen ein ähnliches Erbgut haben müssten, wohingegen weiter entfernte Arten auch verschiedene Gene haben. Wäre in weit entfernten Arten ein Gen identisch, welches bei näher verwandten aber anders aufgebaut ist, wäre dies ein klarer Fakt, der gegen die Evolutionstheorie spricht.

Sollte also der Mensch ein Gen mit dem Frosch teilen, welches der Schimpanse nur in stark abgewandelter Form besitzt, wäre an der Evolutionstheorie starker Zweifel angebracht.

Die aktuellen Befunde stützen aber die Evolutionstheorie vollumfänglich. Sie decken sich sogar mit geologischen Befunden und Kontinentaldrift (Masuda, 1995 / Kumar, 1998 / Gaunt, 2002 / Douzery, 2003 / Delsuc, 2005). So hat ein japanisches Forschungsteam die genetische Verwandtschaft zwischen kontinentalen und insulanischen Wildkatzen untersucht und kam dabei darauf, dass die Trennung der Linien ca. 100'000 Jahre vor unserer Zeit gelegen haben muss. Diese genetischen Befunde decken sich mit dem geologischen Befund, dass die Insel Tsushima etwas mehr als 100'000 Jahre alt sein muss (Masuda, 1995).

Dennoch ist in den letzten Jahren immer wieder ein Problem aufgetaucht, wenn man phylogenetische Bäume genetischer (molekularer) und paläontologischer Herkunft verglichen hat. Wenn auch die Bäume in ihrem Aufbau übereinstimmen, war oft ein Unterschied in der Datierung erkennbar (Benton, 2001). Insbesondere bei Zeiträumen von mehr als 20 Millionen Jahren. Die Divergenz-Zeiten (Zeiten, in denen sich zwei Äste trennten), welche molekular gewonnen wurden (Douzery, 2003), waren jeweils um einiges älter als die Zeiten, welche anhand von Fossilien und Schichten ermittelt wurden. Der Unterschied betrug bis zu 50% (Benton, 2001). Doch auch diese Differenz ist nicht verwunderlich oder gar widersprüchlich zu der Evolutionstheorie.

Der molekulare Ansatz geht von sogenannten molekularen Uhren aus, anhand welcher die Divergenzen bestimmt werden. Diese Uhren sind Gene, welche nur in einem Zweig vorkommen (Douzery, 2003). Anhand ihrer Mutationsrate und dem Vergleich mit Tieren, welche diese Gene nicht besitzen, kann so der Zeitraum bestimmt werden, in dem sich der gemeinsame Vorfahr in zwei Unterarten getrennt hat.

Der paläontologische Ansatz geht dabei von Fossilien aus, die gefunden werden. Wird in einer Schicht ein gemeinsamer Vorfahr von zwei Arten in der oberen Schicht gefunden, so liegt die Abspaltung zwischen diesen beiden Schichten. Durch die Altersbestimmung der Schichten oder der Fossilien selbst wird so ein Zeitraum ermittelt, in dem die Abspaltung stattgefunden haben muss.

Die beiden Ansätze liefern nun aus drei Gründen verschiedene Resultate:

Zum einen ist die Mutationsrate eines Gens nicht immer konstant. In Zeiten mit höherer Strahlung (niederen Ozon-Werten, schwachem Erdmagnetfeld) oder in Gebieten mit natürlichen Giften, welche mutagen wirken, kann die Mutationsrate beschleunigt sein. Da wir die Mutationsrate nur für die heutigen Bedingungen messen können, ist die Fehlerwahrscheinlichkeit gross.

Zum anderen misst die molekulare Methode das Auftreten eines neuen genetischen Merkmals, wohingegen die fossile Methode das Auftreten der ersten äusserlichen Unterschiede misst. Die Raptoren-

Familie, aus der alle heute lebenden Vögel entstanden sind, kann sich von den anderen Reptilien schon lange vor der ersten Feder abgetrennt haben. Dennoch haben alle Vögel dann ein Gen gemeinsam, welches andere heutige Reptilien nicht besitzen und welches sich viel früher entwickelte als die erste Feder. Die molekulare Methode misst also nicht das Auftreten einer neuen Art, sondern das Abtrennen einer Population von einer anderen, welche sich in den folgenden Generationen zu einer anderen Art entwickelt. Die molekulare Methode misst also grundsätzlich ältere Zeiten als die fossile Methode (Kumar, 1998).

Drittens wurden noch nicht alle Fossilien gefunden. Der Fossilbericht ist sehr lückenhaft, weshalb man nicht von einer genauen Datierung mittels Fossilien ausgehen kann. Nur weil momentan der älteste Vertreter einer Art auf ein gewisses Alter datiert wurde, bedeutet dies noch nicht, dass in Zukunft nicht noch ältere Fossilien gefunden werden.

Tendenziell ist erkennbar, dass die molekularen Methoden durch die Wahl immer besserer Uhren in den letzten Jahren ihre Zahlen nach unten korrigiert haben (Douzery, 2003), die Paläontologischen Methoden konnten durch die Funde von neuen Fossilien ihre Zahlen nach oben korrigieren. Auf diese Weise haben sich in den letzten 5 Jahren die beiden Methoden stärker angenähert. Eine völlige Übereinstimmung bleibt jedoch aus oben genannten Gründen wahrscheinlich unmöglich.

Zu bemerken bleibt aber, dass die beiden Methoden identische Bäume ermittelt haben. Was die Abstammung von Arten betrifft, bestätigen sich die Methoden gegenseitig (Woodburne, 2003).

## 8) Nutzen der Evolutionstheorie

Wie ich im Teil über den Pragmatismus bereits angetönt habe, ist zwar jede Hypothese wahr, so lange sie nicht falsifiziert wird, sie muss sich jedoch auch bewähren, damit sie als aktuell gilt. Will man Forschungsteams auf der ganzen Welt an einer Theorie arbeiten und rumtüfteln lassen, so muss sie sich nicht nur in dem Sinne bewähren, dass Aussagen über die Zukunft zutreffen, sie muss auch einen Nutzen für die Menschheit haben. Sollen die Forschungsgelder fließen, muss jemandem damit geholfen werden.

Im Falle der Evolutionstheorie gibt es mehrere Nutzen, welche von Bedeutung sind:

- **Komplexitätsreduktion:** Auf der Erde leben Millionen von verschiedenen Arten, welche sich in Klassen, Ordnungen, Familien und Gattungen einordnen lassen und welche sich teilweise ähnlich sehen und teilweise grundverschieden sind. Dennoch sind diese Einteilungen nur oberflächlich und es ist nicht absehbar, wieso so viele Arten auf der Welt sind und wo sie herkommen. Insbesondere, da auch immer wieder neue Fossilien von Arten gefunden werden, welche längst ausgestorben sind. Die Evolutionstheorie kann in diese Masse von Arten ein gewisses System bringen. Durch einen Stammbaum der Arten, einen klaren Bezug von einzelnen Arten zu anderen und eine kohärente Theorie um die Entwicklung der Arten, wird die Komplexität in der Systematik reduziert. Die einzelnen Arten können durch ihre Verwandtschaft zueinander besser kategorisiert und ihre Eigenschaften besser verstanden werden. Die Annahme einer Schöpfung ex nihilo aller heute lebenden und bereits ausgestorbenen Arten ohne jegliche Verwandtschaft macht Aussagen über viele Eigenschaften von Tieren, welche sie geerbt haben aber nicht mehr nötig haben (rudimentäre Organe und schädliche Reflexe) sehr schwer, wenn nicht gar unmöglich. Gerade Fragen wie 'Warum braucht die Schlange einen Schultergürtel und ein Becken?' oder 'Warum haben viele Menschen panische Höhenangst?' lassen sich evolutionsbiologisch leichter und schlüssiger beantworten als mit anderen Theorien um die Entstehung des Lebens.
- **Tierversuche:** Medikamente und Therapien müssen getestet werden, bevor man sie einsetzen darf. Die Praxis in der heutigen Gesellschaft ist es, Tierversuche zu machen, um die Wirksamkeit von Medikamenten oder Therapien zu prüfen oder zu verbessern. Diese Versuche machen aber nur genau dann Sinn, wenn nachgewiesen werden kann, dass diese Tiere mit dem Menschen nah genug verwandt sind, dass der Mensch ähnlich auf die Behandlung ansprechen wird. Geht man nun davon aus, dass jedes Tier ein Lebewesen für sich alleine ist, ohne jegliche Verbindung zum Menschen, so

machen Tierversuche keinen Sinn. Denn die Wirksamkeit bei einer Maus würde in diesem Falle noch lange keine Wirksamkeit beim Menschen versprechen. Kann man aber davon ausgehen, dass eine Maus mit dem Menschen nah verwandt ist, dann sind Tierversuche gerechtfertigt. Denn dann kann von einer ähnlichen Reaktion beim Menschen ausgegangen werden.

- **Psychologie:** Viele Phänomene in der Humanpsychologie können über Instinkte erklärt werden. Sei dies ein Beschützer-, Fortpflanzungs-, Mutter- oder Jagd-Instinkt. Geht man davon aus, dass der Mensch als vernunftbegabtes Wesen geschaffen wurde, würden diese Instinkte beim Menschen schlicht keinen Sinn machen. Denn er hätte sie nie gebraucht. Geht man aber von einem Vorfahren des Menschen aus, der vor 4 Millionen Jahren auf den Bäumen der afrikanischen Subtropen gelebt hat und sich von Beeren und Wurzeln ernährte, ohne Sprache und ohne Gesellschaftsordnung, dann machen vererbte Instinkte wieder Sinn. Auch kann man bei Instinkten, welche bei Hunden und Affen unabhängig gefunden werden, davon ausgehen, dass der Mensch diese Instinkte ebenfalls hat und so einige seiner Handlungen besser erklären. Ausserdem kann man eventuelle Fehlverhalten oder Verhaltensstörungen besser therapieren oder zumindest diagnostizieren.
- **Reflexe:** Auch Reflexe des Menschen können besser erklärt werden, wenn ein Vorfahr des Menschen angenommen wird, der einst als kleines, behaartes Säugetier im Wald gelebt hat. Zum Beispiel der Reflex eines Kleinkindes, sich an Haaren und Ästen festzuhalten (ein Säugling kann bis zu einer halben Stunde aus eigener Kraft an einer Schnur hängen, ohne herunter zu fallen) kann durch die Beobachtung erklärt werden, dass kleine Primaten sich beim Klettern am Fell der Mutter festkrallen, um nicht herunter zu fallen, verknüpft mit der evolutionstheoretischen Annahme, dass Primaten und Menschen die gleichen Wurzeln haben. Auch hier ist es somit sinnvoll, von einem gemeinsamen Vorfahren von Menschenaffen und Menschen auszugehen, von dem dieser Reflex geerbt wurde. Es ergibt sich eine schlüssige Erklärung für den Reflex.
- **Genetik:** Um die Wirkung eines Gens zu ermitteln und seine Rolle in der Embryonalentwicklung einzuschätzen, bedarf es vieler Experimente mit Embryonen in verschiedenen Stadien. Man müsste Embryonen mit einem fehlenden Gen züchten, um Veränderungen in der Entwicklung festzustellen und damit das Gen zu charakterisieren. Solche Experimente sind jedoch unmenschlich und können nicht durchgeführt werden. Gehen wir aber davon aus, dass der Mensch mit dem Fadenwurm einen gemeinsamen Vorfahren hat und dadurch viele Gene mit ihm teilt, können solche Experimente mit Würmern (*C.elegans*) durchgeführt werden, welche den erfreulichen Vorteil haben, transparent zu sein und unter ein Mikroskop zu passen. Da diese Würmer den gleichen Vorfahren wie der Mensch haben, kann davon ausgegangen werden, dass die Gene im Menschen eine ähnliche Rolle übernehmen. Diese Annahme wurde mittlerweile mehrfach experimentell bestätigt. Für Gene, welche an der Wirbelsäule, den Haaren oder den Augen beteiligt sind, werden dann allerdings kleine Säugetiere gebraucht. Doch auch diese teilen mit dem Menschen ja einen Vorfahren und sind damit geeignet als Versuchsobjekte. Der Biologe Theodosius Dobzhansky prägte 1973 den Satz: 'Nothing in Biology makes sense except in the light of evolution'. Frédéric Delsuc erweiterte diesen Satz 2005 folgendermassen: 'Nothing in genomics makes sense except in the light of evolution.' (Delsuc, 2005)

Es ist also nicht einfach ein Sport unter Forschern, einen Stammbaum hinzukriegen, der statistisch haltbar ist, ähnlich einer grössten Primzahl oder ähnlichen Spielereien, es ist wichtig für die Forschung, die Evolutionstheorie durch einen vollständigen Baum hinreichend zu stützen, damit sie als bewährte Theorie angesehen werden kann. Sollte sie zu einer Glaubenssache oder zu einem Streitpunkt innerhalb der Wissenschaft verkommen, werden viele Forschungsfelder mit einem Schlag zweifelhaft wenn nicht gar sinnlos.

## 9) Kritik an der Evolutionstheorie

Naturwissenschaften sind generell diskutabel, weil sie durch ihre Paradigmen unmöglich etwas beweisen können. Eine Beweisführung innerhalb einer empirischen Wissenschaft ist rein pragmatisch ausgeschlossen. Es kann nicht bewiesen werden, dass ein Stein zu Boden fällt, wenn er von der Erde hochgehoben und wieder losgelassen wird. Es wird lediglich als sehr wahrscheinlich angesehen, weil sich

diese Annahme schon oft bestätigt hat. Doch auch wenn alle jemals heruntergefallenen Steine als Belege für die Gravitationstheorie gelten, sie könnte durch einen einzelnen Stein falsifiziert werden, der trotz seiner Masse von der Erde wegfliegt, wenn er losgelassen wird.

So kann auch die Evolutionstheorie nie bewiesen werden und muss jeden Tag mit einem Fakt rechnen, der ihr widerspricht und sie damit falsifiziert. Doch gerade weil sie nun 130 Jahre besteht, ohne jemals falsifiziert worden zu sein, gilt sie als eine bewährte Theorie.

Dennoch ist diese Eigenschaft der empirischen Wissenschaften ein wichtiger Angriffspunkt, der von Kritikern wie auch von Forschern genutzt wird. Nur durch den ständigen Versuch, die Theorie zu falsifizieren, bewährt sie sich immer von neuem. Mit Scheuklappen durch die Welt zu gehen und voller Stolz auf eine Theorie zu sehen, die vielleicht falsifiziert werden würde, wenn man die Augen öffnete, ist sinnlos und widerspricht den Paradigmen der Naturwissenschaft. Wie der Forscher, der an jeden See fuhr, um einen einzigen schwarzen Schwan zu entdecken müssen auch Vertreter der Evolutionstheorie stets auf der Suche nach Widersprüchen innerhalb der Theorie oder widersprüchlichen Fakten sein. Aus diesem Grund wird hier auch die Kritik an der Evolutionstheorie vorgebracht. Können alle Kritikpunkte entkräftet oder in die Evolutionstheorie integriert werden, ist sie für diesmal der Nichtigkeit entwichen. Bis zum nächsten Versuch.

**Entwicklung von neuen Organen:** Ein wichtiger und oft vorgebrachter Kritikpunkt an der Evolutionstheorie ist die Tatsache, dass verschiedene Tiere auch verschiedene Organe besitzen. Sollten alle Tiere die gleichen Vorfahren gehabt haben, welche Einzeller ohne jegliche Organe waren, dann müssten diese Organe zu einem Zeitpunkt in der Evolution entstanden sein. Ein Tier ohne Leber hätte ein Tier mit Leber zur Welt bringen müssen, ein Tier ohne Augen ein Tier mit Augen, ein Tier ohne Flügel eines mit Flügeln. Da jedoch ein Organ ein komplexes Gebilde ist, an dessen Bau viele Gene beteiligt sind, welche bei Ausfall eines einzigen kein sinnvolles Organ bauen können, kann keinesfalls ein neues Organ durch Zufall entstehen. Auch Zwischenstufen sind undenkbar, weil eine nicht funktionstüchtige Leber, ein blindes Auge oder ein flugunfähiger Flügel keinen evolutionären Vorteil haben und deswegen nicht selektioniert werden. Auch ist noch nie in der Natur beobachtet worden, dass sich ein neues Organ bildet. Die Hypothese, Organe können sich durch Mutation und Selektion bilden, ist also absolut ungestützt von jeglicher Beobachtung und hat sich noch in keinem Experiment und keiner Beobachtung in der Natur bewährt.

Als populäres Beispiel für diese Kritik wird die Evolution des Auges angeführt. Mehrere Tausend Gene sind an der Entwicklung des Auges beteiligt. Funktioniert eines oder mehrere von ihnen nicht richtig, wird das Auge falsch und damit funktionsuntauglich gebildet. Dies geht von Farbenblindheit, bis zu einem Fehlen der Iris, der Pigmente, einer Fehlbildung des Sehnervs oder einer angeborenen Trübung der Linse oder des Glaskörpers. Arbeiten also nicht alle diese Gene Hand in Hand und perfekt abgestimmt, hat das gebildete Organ keinen oder nur beschränkten Nutzen für den Organismus.

Selbst Charles Darwin gesteht in seinem Buch 'The Origin of Species': *To suppose that the eye with all its inimitable contrivances for adjusting the focus to different distances, for admitting different amounts of light and for the correction of spherical and chromatic aberration, could have been formed by natural selection, seems, I freely confess, absurd in the highest degree* (Darwin, 1882).

Was die Kritik jedoch ausser Acht lässt, ist, dass bereits ein sehr primitives Auge funktionsfähig ist. Ein Auge muss aus nichts weiter als einer lichtempfindlichen Zelle, einer diese einseitig abschirmenden Pigmentzelle und einer Nervenzelle bestehen, welche die Information (Licht oder kein Licht) an ein Gehirn oder direkt an einen Muskel weiterleitet. Ein so gebautes Auge könnte einem Organismus bereits Vorteile bringen, der im Licht seine Nahrung findet (Nahrung wie z.B. Algen und andere Photosynthese betreibenden Organismen) (Darwin 1882). Die Hypothese ist nun, dass ein primitives Auge existierte, welches aus diesen drei Zellen aufgebaut war. Diese Kombination war bereits von Vorteil und konnte sich in den folgenden Generationen durch geringfügige Mutationen zu einem mehrzelligen Auge weiterentwickeln; und ausgehend davon in alle heute bekannten Augenformen. Vom Linsenauge der Wirbeltiere über das Facettenauge von Insekten bis zum Spiegelauge der Muscheln.

Da Augen in den meisten Organismen in der einen oder anderen Form vorkommen, muss man auch entsprechend nahe an die Wurzel des Baumes des Lebens gehen, um das primitive Auge zu finden. Gefunden wurde es schliesslich in einem Plattwurm (*Polycelis auricularia*), der tatsächlich nur solch primitive Augen aus drei Zellen besitzt (Gehring, 2005). In anderen Tieren, wie der Qualle und anderen Würmern wurden Augen an den Tentakeln gefunden, welche ähnlich primitiv waren, aber aus mehreren Einheiten dieses primitiven Auges oder aus mehreren Lichtsensoren und nur einer Pigmentzelle bestanden. Sie machten also eine Trennung der Vorläuferzellen dieses Auges vor der Differenzierung durch. Genetische Untersuchungen an diesen primitiven Augen förderten zu Tage, dass nur sehr wenige Gene an der Entwicklung beteiligt waren (Gehring, 2005). Das eine war ein Transkriptionsfaktor (PAX-6) (siehe BOX 2), das andere wichtige Protein war Rhodopsin, ein Pigment. Ausserdem fand sich eine G-Protein-Kaskade, welche die Impulse von Rhodopsin in ein elektrochemisches Potential umwandelt und somit der Nervenzelle einen Impuls gibt. Die führenden Forscher, welche an der Aufklärung der Entwicklung des Auges beteiligt sind, ist die Forschergruppe um Prof. Walter J. Gehring am Biozentrum der Universität Basel. Untersuchungen dieser Gruppe mit dem Transkriptionsfaktoren PAX-6 haben ergeben, dass dieses Gen auch beim Menschen und bei der Maus die Entwicklung des Auges und von Teilen der Nase steuert. Auch in der Fruchtfliege *D.melanogaster* ist dieses Gen an der Bildung des Facettenauges beteiligt. In allen Organismen ist PAX-6 der erste Transkriptionsfaktor, der bei der Ausdifferenzierung im Embryonalstadium die Differenzierung der Zellen des Auges einleitet. Auch Rhodopsin ist von den Insekten bis zum Menschen das Pigment der lichtempfindlichen Zellen. Und die G-Protein-Kaskade ist ebenfalls in jedem Tier für die Weiterleitung des Reizes an eine Nervenzelle verantwortlich (Gehring 2005).

Jede dieser Komponenten ist nicht einfach durch Zufall für das Auge entstanden, sie waren schon lange davor für andere Aufgaben im Organismus zuständig. G-Proteine sind seit den Einzellern wichtige Amplifikatoren von Reizen in verschiedenen Systemen. Rhodopsin ist schon bei Bakterien vorhanden, welche dieses Pigment zur photosynthetischen Energieerzeugung nutzen. Der Transkriptionsfaktor PAX-6 ist auch für die Ausbildung von Chemorezeptoren, also Geruchs- und Geschmackssinn zuständig. Alle Komponenten bestanden somit schon vor dem ersten Zusammenspiel mit dem Ergebnis eines Auges.

Es ist also möglich, dass sich aus jenem primitiven Auge die komplexeren Augen der heutigen Organismen entstanden sind. Dabei hat jeder kleine Schritt bereits eine Verbesserung gegenüber dem vorangehenden Auge dargestellt. So war es von Vorteil, dass aus dem einen Auge mit nur einer Lichtzelle mehrere solch primitive Augen entstanden sind. Organismen mit diesem Vorteil konnten auch beim Ausfall der einen Zelle noch etwas sehen. Augen, welche in mehrere Richtungen zeigten, konnten ausserdem eine Hilfe sein, sich schnell nach dem Licht zu orientieren. Eine transparente Hautschicht über den Augen verhinderte Verletzungen usw.

Durch Rekrutierung weiterer Gene in den Prozess der Augenbildung im Embryonalstadium wuchs die Kaskade der PAX-6 gesteuerten Gene und das Auge gewann an Komplexität (Gehring, 2005).

Ähnlich kann auch eine Leber am Anfang aus nur einer Zelle in einem kleinen Organismus bestanden haben, welche ein besonders grosses glattes ER besass. Auch diese Zelle wäre von Vorteil für den Organismus gewesen, da es an der Entgiftung des Körpers mithelfen konnte. Und jede weitere Zelle, sowie jede weitere Funktion, wäre ein Gewinn für die frühe Leber gewesen.

Auf diese Weise können sich Organe scheinbar aus dem Nichts heraus entwickeln. Doch ist dies nur in relativ primitiven Organismen möglich. Je komplexer ein Organismus ist, desto geringer ist die Wahrscheinlichkeit, dass ein neues Organ Gewinn bringt. Deswegen haben alle Wirbeltiere praktisch die gleichen Inneren Organe. Sie sind zu komplex, als dass sich ein neues Organ bilden könnte.

## BOX 2

**Transkriptionsfaktoren**

Transkriptionsfaktoren sind Proteine, welche mindestens zwei Domänen haben. Die eine bindet an eine bestimmte DNA-Sequenz, die andere aktiviert oder hemmt die Bindung von RNA-Polymerase. Durch diese Hemmung oder Aktivierung wird ein Gen öfter oder weniger oft in einen mRNA-Strang kopiert, um dann in ein Protein übersetzt zu werden. Transkriptionsfaktoren können also die Expression von Genen (die Übersetzung eines Gens in ein bestimmtes Protein) in einer Zelle ankurbeln, oder verhindern. Dadurch wird die Konzentration an bestimmten Proteinen gesteigert oder verringert. Die Transkriptionsfaktoren ihrerseits werden wieder von anderen Transkriptionsfaktoren beeinflusst. Zum Teil existieren ausgeklügelte Feedback-Systeme zwischen den Transkriptionsfaktoren, welche eine bestimmte Konzentration von einzelnen TF und damit einzelner Enzyme einstellen, je nach Stimulation der Zelle durch äussere Faktoren. Wichtig sind solche TF insbesondere in der Embryogenese. Für die Differenzierung einer Zelle müssen jeweils mehrere TF und Enzyme in grosser Konzentration vorkommen. Und zwar nach einem strengen Zeitplan. Die Zellen des Embryos kommunizieren untereinander durch Ausschüttung von Botenstoffen, durch welche jede Zelle eine ganz bestimmte Mischung an Botenstoffen erhält, je nach Ort, an dem sie sich befindet. Bei bestimmten Schlüsselkonzentrationen differenzieren sich die Zellen zu Hautzellen, Nervenzellen, Muskeln oder anderen Zellen aus, indem ein TF plötzlich hochkonzentriert wird (Alberts, 2001).

TF können an einer oder mehreren Sequenzen haften und können aktivieren oder hemmen. Es gibt auch immer mehrere Gene, welche durch einen bestimmten Transkriptionsfaktor gebunden werden können. So sind alle Gene, welche früh in der Entwicklung des Auges kopiert werden müssen alle durch PAX-6 aktiviert. Sie alle besitzen eine bestimmte Sequenz, welche sie als frühe Gene der Augenentwicklung ausweisen (Gehring, 2005).

Durch die Mutation eines TF, der in der Embryogenese aktiv ist, entstehen die sichtbarsten Veränderungen im Körper. Denn diese Veränderung wirkt sich auf den ganzen Körperbau aus oder zumindest auf das Organ, in welchem der TF aktiv ist. So sind diese Mutationen auch die wichtigsten, wenn es um die Evolution von Organen geht. Auch die Mutationen in der Erkennungssequenz bestimmter Gene haben einen grossen Einfluss auf die Entwicklung, da sie dadurch einen anderen Transkriptionsfaktor brauchen.

Auf diese Weise wurde ein Gen, welches eigentlich für die Chitinbildung des Exoskeletts von Fruchtfliegen verantwortlich ist, durch Mutation aktivierbar durch PAX-6. Diese Mutation führte dazu, dass die Sehzellen ähnlich der Zellen des Exoskeletts von Chitin umgeben werden. Ein Schutz für die Facettenaugen der Fliegen ist entstanden (Gehring, 2005).

**Entstehung des Lebens:** Das Leben auf der Erde kann unmöglich durch Zufall entstanden sein. Schon eine einzelne Zelle ist zu komplex als dass sie durch Zufall hätte entstehen können. Selbst Versuche in Labors, in welchen nur die Entstehung von wenigen Makro-Molekülen simuliert werden soll, verlaufen meist fruchtlos. Trotz Optimierung der Experimente und der ausdrücklichen Absicht, Leben zu schaffen. Die Vorstellung, Leben sei einfach durch Zufall entstanden, ist also im höchsten Masse absurd.

Dieser Einwand geht jedoch an der Evolutionstheorie vorbei. Denn diese stellt nur Hypothesen auf, wie sich ein Lebewesen entwickelt. Also wie vom ersten einzelligen Organismus alle heutigen Arten entstehen konnten. Sie macht aber keine Aussage darüber, wie diese erste Zelle entstanden ist. Ebenso wenig macht sie Aussagen über die Zeit vor dem ersten lebensfähigen Organismus. Aussagen über diese Zeit werden von anderen Theorien gemacht welche nicht Teil der Evolutionstheorie sind. Ob nun diese erste Zelle von Ausserirdischen gebracht oder von Gott geschaffen wurde, ob es Zufall war oder der Plan von jemandem ändert nichts daran, durch welche Mechanismen sich die heutigen Lebewesen daraus entwickelt haben. Das heisst, es ändert nichts an der Evolutionstheorie.

Die Evolutionstheorie geht davon aus, dass diese Zelle da war. Und sie beginnt ihre Nachforschungen bei der ersten Zellteilung dieser Zelle. Was davor war beeinflusst die Theorie nicht.

**Sozialdarwinismus:** Ein weiterer, äusserst ernster Kritikpunkt, sind die normativen Implikationen der Evolutionstheorie. Die Evolutionstheorie zeigt eine Weiterentwicklung von einem Einzeller zum heutigen, komplex denkenden, problemlösenden und gutaussehenden Menschen auf. Die einzigen Mechanismen waren Mutation und Selektion. Das bedeutet, dass sich innerhalb einer Art immer eine gewisse Diversität gebildet hat, aus welcher dann durch einen äusseren Einfluss die besten Individuen selektiert wurden, um die nächste Generation zu schaffen. So entstand aus primitiven Lebewesen der heutige Mensch. Die logische Folgerung daraus ist also, dass sich der Mensch noch viel weiter entwickeln könnte, würden auch heute noch die unangepassten und schwachen Individuen sterben und nur die starken und intelligenten sich weiter fortpflanzen. Der Mensch soll also, um der Evolution zu helfen, schwache Menschen an der Fortpflanzung hindern, oder sie töten, und nur die starken sich fortpflanzen lassen. Zum Wohle der gesamten Menschheit.

Wie in einer Büffelherde immer die langsamsten Büffel vom Löwen erwischt werden und die Herde dadurch mit jedem Löwenangriff stärker wird, kann auch der Mensch sich weiterentwickeln, wenn er die Schwachen aus seiner Mitte verdrängt.

Dieses Modell entstand in den Wirren der postaufklärerischen Epoche Ende des 19. Jahrhunderts und hielt sich bis in den 2. Weltkrieg, wo die absurde Theorie in die Tat umgesetzt wurde. Krüppel und Asoziale wurden zu Staatsfeinden. Ebenso alle, welche körperlich nicht den Idealen Wagners entsprachen. Es wurde versucht, den Menschen zu einem stärkeren Menschen heranzuzüchten.

Der Sozialdarwinismus geht aber nicht aus der Evolutionstheorie und schon gar nicht aus Darwins Lehren hervor. Er ist die Folge von unfruchtbaren Versuchen, aus der Wissenschaft eine normative Lehre zu ziehen. Die Wissenschaft und die Vergangenheit sollten den Menschen sagen, was getan werden soll. Denn seit der Aufklärung war das Wort Gottes kein Massstab mehr. Es musste Vernunft und Wissenschaft herrschen. Was hierbei jedoch übersehen wurde, war, dass die Wissenschaft durch ihre Paradigmen auf keinen Fall wertend sein kann. Naturwissenschaft kann durch ihren pragmatischen Aufbau keine Aussage darüber machen, was Gut und Schlecht ist. Sie kann den Menschen keine Anleitung sein, was sie tun sollen. Sie kann nur beschreiben, was geschehen ist und Gesetzmässigkeiten ausdrücken. Diese sind aber völlig wertfrei und drücken nur aus, was *ist* und *war*, nicht aber was *sein soll*.

Aus diesem Grund widerspricht der Sozialdarwinismus der Evolutionstheorie und kann nicht herangezogen werden, um selbige zu kritisieren.

**Schnabeltier und ähnliche:** Ein weiterer Kritikpunkt ist die Unzulänglichkeit, des auf Fossilienberichten erstellten, phylogenetischen Baumes. Dieser Baum ist nicht nur hochgradig lückenhaft, sondern er ist auch nicht im Stande einzelne Tierarten zu erklären. Das prominenteste Beispiel hierfür ist das Schnabeltier, welches einen Schnabel hat und Eier legt wie ein Wasservogel, Milchdrüsen und ein Fell besitzt wie ein Säugetier und Schwimmhäute wie ein Frosch an den Beinen hat. Ein ähnliches Tier hat man weder fossil noch lebendig je gesehen. Es war so aussergewöhnlich, dass es von Wissenschaftlern anfangs für eine Fälschung gehalten wurde. Ein von einem Scharlatan gebasteltes Tier.

Da weder Fossilien von Vorläufern des Schnabeltiers gefunden wurden, noch nahe Verwandte ausgemacht werden konnten, war es nicht möglich, dieses Tier in den Baum des Lebens einzuordnen. Ein Beispiel, welches die Unzulänglichkeit der Evolutionstheorie aufzeigt und einen Hinweis auf eine andere Intelligenz hinter dem Design gewisser Tiere gibt.

Es stimmt, dass das Schnabeltier lange nicht richtig in den Baum des Lebens eingeordnet werden konnte. Als eierlegender Säuger mit einem Schnabel ist es wohl eines der exotischsten Tiere, welche je gefunden wurden. Bis vor 10 Jahren konnten nur Spekulationen über seinen Ursprung gemacht werden. Doch seit den gewaltigen Fortschritten in der Phylogenomik lässt sich auch das Schnabeltier problemlos in den Baum des Lebens einordnen. Und zwar handelt es sich bei diesem Tier um einen ziemlich direkten

Nachkommen der ersten Säugetiere. Eines jener Tiere, welches bereits Milchdrüsen und Fell ausbildete, jedoch noch immer Eier legte. Während sich bei allen anderen Säugetieren eine plazentale Schwangerschaft entwickelt und durchgesetzt hat, kam das Schnabeltier nie so weit. Es blieb, was die Fortpflanzung betraf ursprünglich und entwickelte sich auf einem einsamen Ast des phylogenetischen Baumes weiter. Dank seiner Nische als nach Nahrung grabendes Säugetier in Flussdeltas und an Küsten und seine Präferenz für Höhlen wurde es nie von einem anderen Tier verdrängt und konnte sich so ungestört bis heute entwickeln.

Kürzlich durchgeführte phylogenomische Studien (Marguiles 2005) ordneten den gemeinsamen Vorfahren von plazentalen Säugetieren und dem Schnabeltier 200 Millionen Jahren vor unserer Zeit an. Wohingegen sich die gesamte Säugetier-Familie vor 310 Millionen Jahren vom Reptilien/Vogel Ast abgezweigt hat. Das Schnabeltier lässt sich also heute sauber in den Baum des Lebens einordnen. Und kann nicht mehr zur Kritik an demselben herangezogen werden.

**Bewusstsein:** Ein weiterer beliebter Kritikpunkt an der Evolutionstheorie ist das Bewusstsein des Menschen. Im Gegensatz zum Tier ist sich der Mensch seiner selbst bewusst. Die Evolutionstheorie erklärt diesen Aspekt des Menschen nicht. Denn ein Bewusstsein, oder eine Seele, kann sich nicht materiell von einer Generation auf die andere bilden.

Die Evolutionstheorie sagt aus, dass alle Lebewesen gemeinsame Vorfahren hatten und dass sich alle Eigenschaften jedes Lebewesens über Generationen, ausgehend von der ersten Zelle, entwickelt haben. Würde nun eine Eigenschaft bestehen, welche nur in einer Art vorkommt und welche sich nicht aus vorangehenden Eigenschaften entwickelt haben kann, so wäre dies ein Fakt, der die Evolutionstheorie falsifizieren kann. Oder zumindest zu radikalen Modifikationen führt.

Zu prüfen ist jetzt also, ob das Bewusstsein wirklich nur im Menschen besteht und es keine Vorläufer-Eigenschaften gibt, aus welchem es sich entwickelt hat. Es müssten also Zwischenformen in Fossilien oder lebenden Arten bestehen, welche eine langsame Entwicklung des Bewusstseins plausibel machen. Im Zuge dieser Nachforschung wird man darauf kommen, dass es verschiedene Stufen des Bewusstseins gibt. Es gibt Tiere, welche ihren Namen verstehen und sich über ihren eigenen Namen von anderen abheben können; auch wenn sie ihn selber nicht aussprechen können. Es gibt Tiere, welche nicht nur einen Namen erkennen, sondern auch ihr eigenes Spiegelbild erkennen können. Des Weiteren können Schimpansen in Zeichensprache sehr wohl Sätze bilden, welche Ich-bezogen sind. Diese Zwischenformen zwischen 'kein Bewusstsein' und 'Bewusstsein' findet man besonders in der Familie der Säugetiere. Und hier fällt auf, dass jene Arten, welche mit dem Menschen am nächsten Verwandt sind, einen sehr hohen Grad an Bewusstsein aufweisen, wohingegen Tiere, welche vom Menschen weit entfernt sind, nur einen geringen Grad an Bewusstsein haben.

Die Ausprägung des Bewusstseins ist also ein Merkmal, welches (ebenso wie gemeinsame Proteine oder Schädelformen) indiziert werden kann und so einen Stammbaum berechenbar macht, welcher sich mit den phylogenetischen Bäumen der Fossilfunde und der Phylogenomik deckt.

Damit widerspricht das Bewusstsein der Evolutionstheorie nicht, sondern stützt sie sogar.

Wahr ist, dass noch immer kein Modell besteht, welches die Bildung des Bewusstseins im evolutionären Kontext erklärt. Es ist noch unverständlich für die Wissenschaft, wie das Gehirn fähig ist, ein Bewusstsein zu schaffen. Doch diese Erklärung muss nicht gefunden werden, um die Evolutionstheorie zu stützen. Es reicht, dass das Merkmal 'Bewusstsein' und seine Ausprägungen dem Stammbaum der Arten nicht widerspricht. Dadurch bewährt sich die Phylogenetik und damit die Evolutionstheorie.

**Nicht wiederholbare Experimente:** Auch eine Möglichkeit, die Evolutionstheorie anzugreifen, ist der Versuch, nachzuweisen, dass es sich bei der Evolutionsbiologie nicht um eine Wissenschaft und dadurch bei der Evolutionstheorie nicht um eine wissenschaftliche Theorie handelt.

Die Evolutionstheorie stützt sich auf Begebenheiten, welche so im Labor nicht nachvollziehbar und in der Natur nicht beobachtbar sind. Die Entwicklung von Säugetieren aus Reptilien oder die Entwicklung von

Schwanzflossen beim Delphin werden postuliert, ohne dass diese Entwicklungen beobachtet wurden. Auch sind sie nicht im Labor nachvollziehbar. Dies trifft auch auf alle anderen Teile der Evolutionstheorie zu. In der Wissenschaft muss jedoch alles experimentell und von unabhängigen Forschern nachvollzogen werden können, um als intersubjektiv zu gelten. Die Evolutionstheorie erfüllt also nicht die Voraussetzungen für eine Wissenschaft. Sie ist nicht nachvollziehbar.

Diese Kritik ist oft zu sehen, zeugt aber von einem Unverständnis des Pragmatismus an sich. Es stimmt, dass Fakten intersubjektiv, also von unabhängigen Forschern wiederholbar oder zumindest beobachtbar, sein müssen. Nur intersubjektive Beobachtungen können als Belege für eine Hypothese oder eine Theorie gelten. In diesem Sinne ist ein Teil der Kritik richtig. Doch die Belege für die Evolutionstheorie sind nicht etwa die Entwicklung eines Auges oder die Entwicklung einer Flosse. Auch die Entwicklung vom Menschen aus einem behaarten Baumbewohner ist kein Beleg. Dies sind alles Hypothesen. Und Hypothesen können nicht beobachtet werden. Sie gelten als wahr, so lange sie nicht falsifiziert werden.

Die Belege für die Evolutionstheorie sind zum Beispiel die genetischen Verwandtschaftsgrade von Organismen oder die unter Punkt 5) bereits erwähnten Fossilien, Fortführungsbeobachtungen, molekulare Grundlagen der Mutation oder die heute beobachtete Diversifikation von Arten. Auch Inselpopulationen, welche sich in Nischen ausdehnen, welche die Art auf dem Festland nicht besetzen, belegen Teile der Evolutionstheorie. Diese Belege sind absolut intersubjektiv. Sie können unabhängig beobachtet werden. Wären die Hypothesen selbst beobachtbar, wären sie Fakten und keine Hypothesen mehr. Doch sie sind hinreichend gestützt durch intersubjektive Beobachtungen, was die Evolutionstheorie zu einer wissenschaftlichen Theorie macht.

Die Evolutionstheorie ist ebenso eine Wissenschaft wie die Astrophysik. Auch wenn im Labor keine Sterne erzeugt werden können.

**Fehlende Missing Links:** Das Fehlen von Übergangsformen im Fossilbericht macht jeden Stammbaum äusserst spekulativ. Wenige ganze Skelette sind gefunden worden und viele Tiere wurden nur anhand weniger Knochen vollständig rekonstruiert. Zur Rekonstruktion des Skelettes und des Muskelkleids nahm man stets heutige Tiere als Vergleichsformen an. So wurden die meisten Dinosaurier anhand von Befunden über Eidechsen und andere Reptilien rekonstruiert. Dass dabei eine Ähnlichkeit zu heute lebenden Tieren sich geradezu aufdrängt, ist klar. Ebenso ist klar, dass diese rekonstruierten Tiere wie die grossen Vorfahren der heutigen Reptilien anmuten. Auch bei anderen Fossilien wurden solche Verfahren angewendet. Trotzdem fehlen in den so erzeugten Stammbäumen viele Übergangsformen, welche eine graduelle Entwicklung von Dinosauriern zu heutigen Eidechsen oder von gemeinsamen Vorfahren zu diesen Arten aufzeigen würden. Es scheinen nur Endprodukte der Evolution zu bestehen. Keine Übergangs- oder Zwischenformen.

Diese Kritik war lange Zeit ein wichtiges Argument gegen die Evolutionstheorie. Die Forscher waren nicht im Stande, jedem Knoten im Baum des Lebens ein Fossil zuzuordnen. Nur wenige Skelette wurden gefunden, welche die Entwicklung von einem Lebewesen in ein anderes aufzeigten und auch für diese war jeweils eine andere Erklärung möglich. Viele Skelette wurden anhand weniger Knochen rekonstruiert und blieben als hypothetische Lebensformen im Stammbaum erhalten. Was jedoch jedes Mal Anlass zur Freude war, waren die hypothetischen Übergangsformen, von denen man zufällig doch ein vollständiges Skelett gefunden hat. Da diese Skelette den hypothetischen Tieren stark ähnelten war dies jedes Mal eine Bewährung für die Methoden zur Rekonstruktion von Lebewesen.

Auch konnte man den Kritikern jeweils entgegen, dass das Nichtfinden eines Fossils nicht beweist, dass das Tier nicht gelebt habe. Die Theorie sei also nicht zu verwerfen, weil zu wenig bestätigendes Material vorliegt. Es besteht immer noch die Möglichkeit, das Fossil in den nächsten Jahren zu finden.

In den letzten Jahren wurde aber diese Kritik immer weniger wichtig. Denn durch die Phylogenomik ist man nicht mehr auf Fossile Belege angewiesen. Es reichen genetische Belege wie die Verwandtschaftsgrade zwischen Genen von Verwandten Organismen.

Noch immer sind die Missing Links ein Problem der Paläozoologie. Ein Problem für die Evolutionstheorie stellen sie aber nicht mehr dar.

**Die schrittweise vor sich gehende Evolution:** Fossilien von ausgestorbenen Tieren zeigen sich in jeder Schicht um einige Merkmale grundlegend verschieden. Dies legte in der Vergangenheit die Vermutung nahe, dass die Evolution sprunghaft oder schrittweise vor sich geht. Lange Zeit bleibt die äussere Form eines Organismus also bestehen, bis er sich dann in kurzer Zeit weiterentwickelt und in der neuen Form bestehen bleibt. Diese schrittweise Entwicklung widerspricht aber den heutigen Befunden, dass sich DNA nicht sprunghaft verändert, sondern von Generation zu Generation jeweils um wenige Basenpaare. Die Entwicklung hätte also schleichend und in kleinen Schritten vor sich gehen müssen.

Die Evolutionstheorie widerspricht also auf jeden Fall einem von beiden Fakten. Entweder sie geht von einer graduellen Entwicklung aus und widerspricht so dem Fossilbericht oder sie geht von einer schrittweisen Entwicklung aus und widerspricht somit den genetischen Fakten. Auf jeden Fall widerspricht ihr ein Fakt und sie ist falsifiziert.

Ganz so einfach ist die Sachlage jedoch nicht. Es stimmt, dass zwischen zwei Schichten jeweils keine Übergangsformen gefunden werden, was eine sprunghafte Entwicklung plausibel macht und es stimmt auch, dass dies genetisch nicht möglich ist. Dies widerspricht aber nicht der Evolutionstheorie. Zwischen zwei geologischen Schichten liegen oft Jahrhunderte oder Jahrtausende. Eine Schicht entsteht, wenn sich Sediment auf dem Boden eines Gewässers ablagert. Darin eingeschlossene Kadaver mineralisieren und bleiben erhalten. Trocknet ein See aus, lagern sich keine Sedimente und keine Kadaver mehr ab. Aus dieser Zeit wird man folglich auch keine Fossilien finden. Während dieser Zeit können sich die dort lebenden Organismen langsam entwickeln und durch mehrere Perioden von Mutation und Selektion hindurch neue Merkmale annehmen. Wenn an der gleichen Stelle wieder ein Gewässer entsteht, auf dessen Grund sich Sedimente (und mit etwas Glück auch ein Kadaver) ablagern, dann findet man ein neues Lebewesen. Es unterscheidet sich von dem Lebewesen in der unteren Schicht massgeblich, wenn auch nur 2 Meter zwischen den Fossilien liegen werden.

Die Übergangsformen sind einfach gestorben, ohne uns ein Fossil zu hinterlassen. Ihr Aussehen lässt sich nur noch interpolieren. Doch das heisst nicht, dass es nicht gelebt hat. Es bleibt ein hypothetisches Lebewesen, bis schliesslich auch von ihm ein Fossil gefunden wird.

Dennoch ist nicht zu leugnen, dass die Evolution teilweise Sprünge nimmt. Diese sind aber genetisch gut zu erklären. Viele Merkmale werden erst dann ausgebildet, wenn mehrere Gene miteinander wechselwirken. Entsteht eines vor dem anderen oder existieren die beiden Gene schon, ohne dass es eine Wechselwirkung gibt, verändert sich der Phänotyp der Art sprunghaft, sobald die Wechselwirkung eintritt. Diese Sprünge sind aber selten und beschränken sich eher auf Feedbacksysteme im Hormon-Haushalt, als auf äussere Erscheinungsbilder.

Die Evolutionstheorie liefert noch eine weitere Erklärung für dieses Phänomen. In Zeiten des Überflusses, in denen Mutationen einsetzen, existieren nebeneinander in einer Population viele verschiedene Merkmale. Es gibt in einer Vogelpopulation mehrere verschiedene Flügellängen und Schnabelgrössen. Versteinert aus dieser Population ein Individuum, dann entsteht eine fossile Übergangsform. Setzt jedoch durch eine Ressourcenknappheit plötzlich die Selektion ein, überlebt nur ein Teil der Population. Und diese hat einheitlich ein bestimmtes Merkmal. Es ist eine uniforme Population mit eventuell neuen Eigenschaften. Versteinert nun eines der Individuen dieser Population, so hat dies neue Eigenschaften, welche die Lebewesen der Population vor der Überfluss-Phase nicht besessen haben. Es scheint, als hätte sich ein neues Merkmal innert kürzester Zeit entwickelt. Dennoch liegt dazwischen immer eine Überfluss-Phase, in der alle Merkmale gemeinsam vorkommen. Die Sprünge sind also Zeiten des Überflusses, während die Entwicklungsarmen Zeiten von Stress oder starker Konkurrenz zeugen.

*Bsp: Nehmen wir eine Vogelpopulation mit graden Schnäbeln als Beispiel. Diese leben in der Nähe eines Sees, in welchem früher oder später ein toter Vogel landet und versteinert. Nun entsteht durch Mutation ein neues Gen im Gen-Pool, welches gekrümmte Schnäbel erzeugt. Mit diesen lässt sich besser nach Insekten Graben, wodurch die Individuen mit gekrümmten Schnäbeln einen Vorteil haben. Da die Vögel jedoch im Überfluss leben, bestehen beide Merkmale nebeneinander. Die gekrümmten Schnäbel sind ein rezessives Merkmal, wodurch nach einigen hundert Jahren immer noch nur etwa die Hälfte der Vögel einen gekrümmten Schnabel haben. Wenn nun ein toter Vogel in den See fällt, so ist die*

*Wahrscheinlichkeit 3:1, dass er einen geraden Schnabel hat. Durch eine Naturkatastrophe einige hundert Jahre später werden aber die Insekten knapp. Die Individuen mit krummen Schnäbeln werden aktiv selektiert und setzen sich durch. Die geradeschnäbligen sterben aus. Fällt nun ein toter Vogel in den See, so hat dieser sicher einen gekrümmten Schnabel. Es scheint dann so, als hätte sich dieses Merkmal über Nacht entwickelt, da alle Vögel der letzten 1000 Jahre nur gerade Schnäbel hatten. Nun werden nur noch krummschnäblige Fossilien gefunden. Der Fossilbericht zeigt also eine sprunghafte Entwicklung auf, was jedoch lediglich auf die Seltenheit des neuen Merkmals vor der Knappheit zurückzuführen ist.*

**Entstehung des ersten Eis:** Was war zuerst da? Das Huhn oder das Ei? Diese Frage wird auch den Evolutionsbiologen gestellt, um sie dabei zu entlarven, dass sie die plötzliche Entstehung eines Huhns oder eines Eis nicht ohne Voraussetzung eines dagewesenen Eis erklären können.

Doch die Antwort ist in der Evolutionstheorie klar: Es war das Ei. Fische, Würmer, Amphibien und Reptilien haben Eier gelegt noch bevor das erste Huhn sich entwickelt hatte. Es gab also die Eier schon vor dem ersten Huhn.

Dennoch ist es so, dass es Eier erst nach dem ersten Lebewesen gab. Denn einzellige Organismen pflanzen sich durch Mitose fort und legen keine Eier. Ebenso wenig schlüpfen sie aus Eiern.

Dass sich das Ei graduell entwickelt hat, lässt sich anhand der verschiedenen Abstufung von Eiern von Seeigeln bis zum Huhn aufzeigen. Es entwickelte sich von einer Eizelle mit nur einem Minimum an zusätzlichen Nährstoffen in einer Gelatinösen Flüssigkeit, welche nach dem Ablegen von frei schwimmenden Spermien befruchtet wird, zu abgeschlossenen Eiern mit nachträglicher Befruchtung bei Fischen, zu intern befruchteten Eiern mit weicher Schale der Echten bis hin zum festen Ei der Vögel. Die Übergangsformen sind in archaischen Lebewesen noch immer erkennbar. Die Evolutionstheorie ein weiteres Mal bestätigend, deckt sich die Entwicklung des Eis mit der Entwicklung anderer Körperlicher Merkmale der Vögel, welche sich in der gleichen Richtung und in gleichen Abständen vom Seeigel bis zum Vogel aufzeigen lassen.

**Die Unfähigkeit des Menschen, so geniale Dinge wie die Natur zu erschaffen:** Der Mensch ist trotz allen technischen Hilfsmittel und aller Computer nicht im Stande, die Natur neu zu erschaffen. Er kann sie weder simulieren noch unter Laborbedingungen neu erzeugen. Er kann also die in der Evolutionstheorie propagierte Entwicklung von toter zu lebender, in Ökosystemen organisierter Materie nicht nachvollziehen. Wären wirklich nur Mutation und Selektion dazu notwendig, müsste man dies aber mit Mutagenen leicht schaffen.

Was diese Kritik ausser Acht lässt, ist jedoch, dass die Natur selbst über 3.5 Milliarden Jahre gebraucht hat, um die heutigen Lebensformen zu erschaffen. Und das trotz starker Ultravioletter Bestrahlung von der Sonne und trotz einem absolut keimfreien und (bis auf die Strahlung und einschlagende Meteoriten) abgeschlossenen System. Diese Bedingungen kann der Mensch auf keinen Fall nachbauen. Zum einen hat der Mensch nicht 3.5 Milliarden Jahre Zeit für ein einziges Experiment, zum anderen werden wir nie die primitiven Organismen des Präkambriums wiederfinden. Jedes heute lebende Lebewesen ist schon zu komplex, als dass es sich schon nur in einigen 100 Jahren erheblich weiterentwickeln würde. Geschweige dann dass ein funktionierendes System zufällig entstehen könnte.

Die Entwicklung des Lebens auf der Erde war ein einmaliges Phänomen, welches wir nur beschreiben, jedoch niemals nachvollziehen können. Und zur Beschreibung dient die Evolutionstheorie unter anderen. Es kann nicht das Ziel sein, eine neue Schöpfung des Lebens zu bewirken oder auch nur einen Schritt der Evolution des Lebens nachzustellen. Dazu fehlen nicht nur die Mittel, es sind auch so viele Zufallsvariablen in der Evolution vorhanden, dass kein Schritt absichtlich wiederholbar ist. Ebenso wenig wie man das Universum ein zweites Mal erschaffen könnte. Dennoch liefert die Astrophysik sinnvolle Resultate.

**Koexistenz von zahlreichen konkurrierenden Lebewesen:** Die Evolutionstheorie geht davon aus, dass sich konkurrierende Lebewesen gegenseitig bekämpfen und nur das bestangepasste Lebewesen siegreich aus diesem Kampf hervorgehen kann. Dieses entwickelt sich dann weiter und die aus ihm entwickelten Arten werden sich wieder gegenseitig bekämpfen, damit der bessere überlebt. Es herrscht also zwischen konkurrierenden Lebewesen ein ständiger Kampf um das Überleben, aus welchem nur einer siegreich hervorgehen kann. Sei dies auf der Ebene von Individuen, Populationen oder Arten.

Dieses Modell widerspricht aber den Fakten. Man kann heute an vielen Orten Lebewesen beobachten, welche sich den gleichen Lebensraum teilen, ohne dass eines von beiden ausstirbt. Sie leben friedlich nebeneinander und konkurrieren nicht. Auf einer Wiese findet man eine Vielzahl von Gräsern und Blumen, welche alle auf dem gleichen Boden leben. Alle leben jedoch nebeneinander, ohne einander auszurotten. Würde das Modell der Evolutionstheorie stimmen, gäbe es nur eine Grassorte auf jeder Wiese und nur ein Raubtier in jedem Ökosystem.

Diese Kritik lässt außer Acht, dass die Evolutionstheorie nicht von einem ständigen Kampf, sondern von sporadisch auftretenden Kämpfen ausgeht. In einem Umfeld ständigen Kampfes (ständiger Selektion) wäre keine Entwicklung möglich. Zur Entwicklung braucht es nebst der Selektion auch Mutation. Diese beiden Mechanismen wechseln sich dabei ab. In Zeiten des Überflusses leben mehrere Arten und Individuen nebeneinander und profitieren von den reichlich vorhandenen Ressourcen. Durch den Überfluss kommen alle Lebewesen zu ihrer Nahrung und ihrer Fortpflanzungschance, wodurch sich der Gen-Pool jeder Population vergrößert. Nur in Zeiten der Knappheit setzt sich jeweils nur eine Lebensform pro Nische durch. Diese Lebensform ist am besten an diese Nische angepasst und kann daher vor allen anderen überleben. Pro geographischem Ort können aber mehrere Nischen sein, was für den Beobachter oft nicht ersichtlich ist. So können auf engstem Raum Vögel nebeneinander leben, welche verschiedene Nahrung benötigen. Die einen brauchen Samen, die anderen Beeren und die dritten Insekten. Wird auch die Nahrung knapp, so greift die Selektion jeweils nur innerhalb einer Nische. Es können alle drei Vogelarten überleben. Aber von jeder nur jene, die am besten an ihre Nische angepasst sind. So können auf einem Baum verschiedene Vogelarten, in einer Koralle verschiedene Fische und auf einer Wiese verschiedene Pflanzen auch in Zeiten der Knappheit überleben, ohne sich gegenseitig zu konkurrieren.

Gerade auf Wiesen oder bei Vögeln sieht man jedoch oft mehrere Arten der selben Nische, welche gleichzeitig leben. Dies ist aber darauf zurückzuführen, dass ein Überfluss an Nahrung herrscht, welcher auch das Überleben weniger gut angepasster Organismen ermöglicht. Sei dies durch Düngung der Wiese oder durch nette Menschen, welche Meisenknödel aufhängen.

**Fehlende lebende Übergangsarten:** Die Evolutionstheorie spricht davon, dass sich alle Tiere langsam aus einem Tier entwickelt haben und dass sich immer wieder Zweige von der Entwicklung abgespalten haben und sich in eine andere Richtung entwickelten. Wenn dies so wäre, müsste es heute zwischen Arten eine Vielzahl von Übergangsarten geben, welche sich jeweils nur geringfügig voneinander unterscheiden. Der gemeinsame Vorfahr von Hund und Katze müsste mehr als nur zwei verschiedene Arten gegründet haben, welche zwischen Hund und Katze liegen. Der Vorfahr von Mensch und Schimpanse müsste ebenfalls mehrere Nachfahren gehabt haben, welche heute in kleinen Abständen den Abstand zwischen Mensch und Schimpanse ausfüllen würden. Das Fehlen dieser Übergangsformen lässt sich auch nicht durch die Unauffindbarkeit dieser Zwischenformen erklären, da diese ja nicht als Fossilien unter Metern von Gestein und Sand begraben liegen.

Lebende Übergangsformen fehlen tatsächlich. Dies lässt sich jedoch innerhalb der Evolutionstheorie gut erklären. Offenbar haben sich aus den mehreren möglichen Übergangsformen jeweils nur eine oder zwei durchgesetzt. Die anderen sind schnell wegselektiert worden, so dass heute keine Überlebenden dieser Übergangsformen existieren. Gabelt sich die Entwicklung einer Art in zwei Unterarten, so entwickeln diese sich schnell voneinander weg. Sie passen sich ihrer jeweiligen Nische an und jede Zwischenform, welche weder an die eine noch an die andere Nische optimal angepasst ist, stirbt schnell aus. Aus diesem Grund ist es plausibel, dass keine Übergangsformen gefunden werden. Sie sind durch ihre mangelnde Spezialisierung auf eine bestimmte Nische den jeweils besser angepassten Arten unterlegen.

Man findet jedoch fossile Zwischenformen. Eine solche Form repräsentiert der Neandertaler. Er war ein vernunftbegabter Primat, welcher sich in Pelze kleidete. Er jagte Tiere, war jedoch von seinem Gang, seiner Gehirngröße und seiner Schädelform her eine Übergangsform zwischen Schimpanse und Homo Sapiens. Im Kampf um Ressourcen mit dem Homo Sapiens unterlag er aber durch seine mangelnde Intelligenz. Die Eiszeit bot nur Ressourcen für einen Primaten in Europa. Also starb der Neandertaler aus. Der siegreiche Homo Sapiens entwickelte sich indes weiter und wurde stets kultivierter und intelligenter, weil dies die Nische war, an die er sich anpasste. Die der Lebewesen, welche durch Waffen, List und Intelligenz zu Nahrung kommen in einer Umgebung äusserst knapper Ressourcen.

### 10) Mögliche Falsifikation der Evolutionstheorie:

Wie jede wissenschaftliche Theorie kann auch die Evolutionstheorie durch widersprüchliche Fakten falsifiziert werden. Sollte eine Beobachtung gemacht werden, welche der Evolutionstheorie oder Teilen dieser Theorie widerspricht muss die Theorie angepasst werden oder verliert für einzelne Bereiche ihre Gültigkeit. Im schwerwiegendsten Fall müsste sie als Ganzes als falsifiziert und damit als ungültig angesehen werden. Welche Beobachtungen dazu im Stande wären, soll hier aufgezeigt werden:

- **Falsifikation der Grundmechanismen:** Sollte beobachtet werden, dass nicht Mutation oder Selektion die Mechanismen der Evolution sind, wäre die Evolutionstheorie damit widerlegt. Dies kann zum einen dadurch geschehen, dass weitere Mechanismen von Bedeutung sind, die nicht bedacht wurden (in diesem Fall müsste die Evolutionstheorie lediglich angepasst werden), zum anderen durch die Beobachtung, dass in der Natur keine spontanen Mutationen vorkommen, sondern dies nur unter Laborbedingungen erreicht wurde. Auch die Beobachtung, dass keine Selektion im Sinne der Evolutionstheorie stattfindet, sondern die Merkmale bewusst von einer Intelligenz ausgewählt werden, würde die Evolutionstheorie falsifizieren. Hier dürfte es aber schwer sein, dies intersubjektiv zu beobachten oder zu messen.
- **Falsifikation der Abstammungslinie:** Sollte beobachtet werden, dass die Tiere sich nicht nach und nach aus vorhandenen Arten entwickelt haben, sondern ohne vorangehende Art ex nihilo entstanden sind, wäre die Evolutionstheorie ebenfalls widerlegt. Dazu müsste lediglich beobachtet werden, dass eine Art ohne Vorfahren und ohne Verwandtschaft zu anderen Arten entstanden ist. Sollte also die Untersuchung eines Organismus ergeben, dass er mit keiner auf der Erde lebenden Art verwandt ist, muss entweder die Evolutionstheorie fallen gelassen werden, oder man anerkennt ausserirdische Einflüsse.
- **Falsifikation des Alters einer Familie:** Durch Fossilienfunde und phylogenetische Untersuchungen sind die Entstehungszeiträume von Arten gut eingegrenzt worden. Es existiert eine Abfolge von auf der Erde lebenden Lebewesen, welche durch Fossilfunde belegt und durch Genetische Verwandtschaften begründet ist. Sollte nun ein Tier in einer Schicht gefunden werden, das zu dieser Zeit noch nicht hätte leben dürfen, ist die Evolutionstheorie in starke Zweifel gezogen. Findet sich gar etwas so widersprüchliches zur Evolutionstheorie wie eine Ente im Magen eines Tyrannosaurus oder eine Ratte in Präkambrischen Ablagerungen, dann muss die Evolutionstheorie verworfen werden. Generell gilt jedes Fossil einer Art, welches auf eine Zeit datiert wird, zu der es gemäss der Evolutionstheorie nicht existiert hat, als Fakt, der gegen die Evolutionstheorie spricht. Bis jetzt war allerdings unter all den gefundenen Fossilien kein derartiges Beispiel.
- **Kreation ex nihilo:** Die Evolutionstheorie geht von einer graduellen Entwicklung jedes Merkmals aus. Jedes Organ, jeder Knochen und jede Eigenschaft einer Art hat sich aus Eigenschaften der Vorläuferart entwickelt. Sollte eine Eigenschaft gefunden werden, welche ohne Vorläufer in einer oder mehreren Arten vorkommt, wäre die Evolutionstheorie ebenfalls widerlegt.

Die Tatsache, dass bis heute kein derartiger Fakt gefunden wurde, heisst nicht, dass die Evolutionstheorie gesichert ist. Sie ist lediglich noch nicht falsifiziert und gilt daher als wahr. Sollte sich aber dennoch ein widersprüchlicher Fakt finden, muss die Evolutionstheorie fallen gelassen werden. So muss bei jeder neu gefundenen Eigenschaft, bei jedem neuen Fossil und bei jeder beobachteten Entwicklung neuer

Eigenschaften stets die Verträglichkeit mit der Evolutionstheorie geprüft werden. Auf diese Weise ist sichergestellt, dass man sich kein Jahr länger mit einer falschen Theorie beschäftigt. Würden widersprüchliche Fakten ignoriert oder nicht erkannt, würde man sich unnötig mit einer Theorie befassen, welche nicht stimmen kann.

In diesem Sinne heisst es, die Augen stets offen zu halten und nach Widersprüchen innerhalb der Theorie oder zwischen der Theorie und den Fakten zu suchen. Nur auf diese Weise ist die Wissenschaftlichkeit gewährleistet.

## 11) Referenzen

- Alberts B. et al., *Molecular Biology of the Cell – Third Edition*, Garland Publishing, New York, 2001.
- Benton M.J., Finding the tree of life: matching phylogenetic trees to the fossil record through the 20<sup>th</sup> century, *Proc. Biol. Sci.* 268: 2123-2130, 2001.
- Campbell Neill et al. *Biology – 5th edition*, Benjamin-Cummings Pub Co, San Francisco, 1999.
- Darwin Charles, *The origin of species by means of natural selection*, 6<sup>th</sup> ed., John Murray, London, 1882.
- Delsuc Frédéric, Brinkmann Henner, Hervé Philippe, Phylogenomics and the reconstruction of the Tree of Life, *Nature Reviews* 6: 361-375, 2005.
- Douzery E.J. et al, Local Molecular Clocks in Three Nuclear Genes: Divergence Times for Rodents and Other Mammals and Incompatibility Among Fossil Calibrations, *J.Mol.Evol.* 57, Suppl 1: 201-213, 2003.
- Gaunt M.W., Miles M.A., An Insect Molecular Clock Dates the Origin of the Insects and Accords with Palaeontological and Biogeographic Landmarks, *Mol. Biol. Evol.* 19(5): 748-761, 2002.
- Gehring Walter J., New Perspectives on Eye Development and the Evolution of Eyes and Photoreceptors, *Journal of Heredity* 96(3): 171-184, 2005.
- Kumar S., Hedges S.B., A Molecular timescale for vertebrate evolution, *Nature* 392: 917-920, 1998.
- Kutschera U., Niklas K.J., *The modern theory of biological evolution: an expanded synthesis*, *Naturwissenschaften* 91: 255-276, 2004.
- Lenski R.E., Traviano M., Dynamics of adaptation and diversification: A 10'000-generation experiment with bacterial populations, *Proc. Natl. Acad. Sci.* 91: 6808-6814, 1994.
- Lodish Harvey et al., *Molecular Cell Biology – Fourth Edition*, W.H.Freeman and company, 2000.
- Margulies Elliott H. et al, Comparative sequencing provides insights about the structure and conservation of marsupial and monotreme genomes, *Proc. Natl. Acad. Sci.* 1002(9): 3354-3359, 2005.
- Masuda R., Yoshida MC., Two Japanese wildcats, the Tsushima cat and the Iriomote cat, show the same mitochondrial DNA lineage as the leopard cat *Felis bengalensis*, *Zoolog. Sci.* 12(5): 655-659, 1995.
- Woodburne M.O., Rich T.H., Springer M.S, The evolution of tribospheny and the antiquity of mammalian clades, *Mol. Phyl. Evol.* 28: 360-385, 2003.

## Anhang A: Handhabung von ClustalW

Wie in der Box zum Thema Phylogenomik angedeutet, gibt es heute mehrere Programme, welche aus genetischen Daten oder aus Proteinsequenzen die Verwandtschaft von Organismen oder Genen ermitteln können. Einige solche Programme sind Online verfügbar und für die Allgemeinheit zugänglich. In diesem Abschnitt soll die Anwendung des Programmes ClustalW erläutert werden.

### 1) Proteinsequenzen gewinnen:

Das Programm ClustalW kann mehrere Proteinsequenzen untereinander vergleichen und einen Stammbaum der Proteine errechnen. Nimmt man homologe Proteine aus verschiedenen Organismen für den Vergleich, wird dadurch gleichzeitig ein Stammbaum für diese Organismen erstellt. Protein-Sequenzen können online gefunden werden. Die grösste Datenbank findet man unter:

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?CMD=search&DB=protein>

Diese Suchmaschine durchsucht die immer grösser werdende Datenbank von Protein-Sequenzen im Internet. Man kann die Proteine nach ihrem Trivialnamen (z.B. Insulin, Haemoglobin, Cytochrome) suchen oder nach ihrem Access-Code, welcher von Protein-Datenbanken vergeben wird.

Sucht man zum Beispiel den bereits erwähnten Transkriptionsfaktor Pax-6, so gibt man im Suchfenster Pax-6 oder Paired Box ein und startet den Suchlauf. Durch Klick auf die angezeigten Proteine erhält man Informationen über das Protein. Dazu gehören die Art, bei der es isoliert wurde, die Publikationen und die Namen der Forscher, welche für diese Sequenz als Referenz dienen, das Gen, welches das Protein kodiert und natürlich die Sequenz an sich.

Für den Vergleich wird nur das FASTA-Format der Sequenz benötigt. Diese erhält man, wenn man in der Auswahl 'Display' von 'GenPept' auf 'FASTA' umstellt. Nach Druck auf den Button 'Display' wird im gleichen Fenster die Sequenz in dieser Form angezeigt:

```
>gi|51704214|sp|P63016|PAX6_RAT Paired box protein Pax-6 (Oculorhombin)
MQNSHSGVNQLGGVFNVRPLPDSTRQKIVELAHSGARPCDISRILQVSNCGVSKILGRYYETGSIRPRA
IGGSKPRVATPEVVSKIAQYKRECPSIFAWIIRDRLLESEGVCTNDNIPSVSSINRVLRLNLASEKQQMGAD
GMYDKLRMLNGQTGSWGTRPGWYPGTSVPGQPTQDGCQQQEGQGENTNSISSNGEDSDEAQMRLQLKRKL
QRNRTSFTQEIEALEKEFERHTYPDVFAERLAAKIDLPEARIQVWFSNRRAKWRREEKLRNQRQASN
TPSHIPPISSSFSTSVYQPIQPTTPVSSFTSGSMLGRTDTALTNTYSALPPMPSTMANLPMQPPVPSQ
TSSYSCLMPTSPSVNGRSYDITYTPPHMQTHMNSQPMGTSGTTSTGLISPGVSVFVQVPGSEPDMSQYWR
LQ
```

Diese Sequenz kann man nun inklusive der ersten Zeile (>gi...) in ein Textfile kopieren. Für jedes Protein, welches man vergleichen möchte, kann nun dieser Vorgang wiederholt werden. Alle Sequenzen können nacheinander in das Textfile kopiert werden. Als Trennzeichen zwischen den Sequenzen gilt jeweils die Zeile, welche mit einem > beginnt.

### 2) ClustalW öffnen

Als nächstes muss das Programm geöffnet werden. Man kann es unter <http://clustalw.genome.jp/> finden. Es erscheint ein Textfeld und einige Buttons. In das Textfeld kann man nun alle Sequenzen gleichzeitig einfügen. Als Trennzeichen gilt jeweils die Zeile, welche mit einem > beginnt. Nach dem > folgt die Bezeichnung für die Sequenz (label). Diese kann man beliebig ändern. Vergleicht man das gleiche Protein in verschiedenen Tieren, kann man den Tiernamen als Bezeichnung einfügen. Die Sequenzen beginnen dann mit '>Hund' oder '>Mensch'.

Es sollten mehr als 2 Sequenzen sein, damit ein Stammbaum generiert werden kann.

### 3) Vergleich ausführen

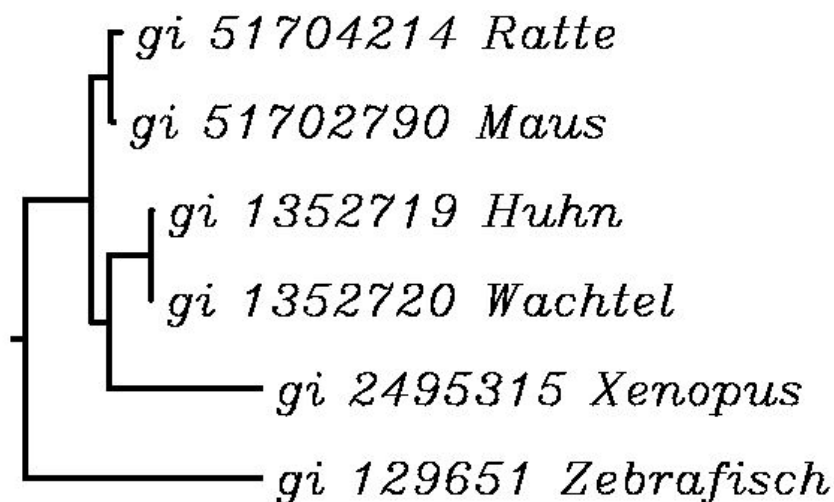
Der Vergleich der Sequenzen wird damit gestartet, dass man den Button 'Execute multiple alignment' drückt. Das Programm rechnet nun die Ähnlichkeitsmatrix und den Stammbaum intern aus und gibt mehrere Möglichkeiten an, wie das Ergebnis angezeigt werden kann. Ganz am Ende der Ergebnis-Seite befindet sich ein Menu, mit welchem zwischen verschiedenen Modellen gewählt werden kann. Um einen Abstammungs-Stammbaum zu zeichnen wählt man im Menu 'Select tree Menu' die Option 'Dendrogram (with branch length)' und drückt anschliessend auf den Button 'Exec'.

Nun entsteht ein Stammbaum mit den verschiedenen Proteinen. Die Labels auf dem Stammbaum sind die Zeile, welche mit > beginnt, von > bis zum ersten Leerschlag (Label der Sequenz '>Protein von einem Hund' wäre also 'Protein')

Die Astlängen horizontal zeigen den Abstand des gemeinsamen Vorfahren an. Die Vertikalen Abstände sind nur der Übersichtlichkeit halber eingebaut.

Es wird auffallen, dass nicht alle Organismen auf der gleichen Höhe sind. Einige Äste sind kürzer als andere. Dies lässt darauf schliessen, dass sich dieses bestimmte Protein in einer Linie nicht so stark verändert hat wie in anderen Linien.

Als Beispiel habe ich den Stammbaum der PAX-6 Proteine von Ratte, Maus, Huhn, Wachtel, Xenopus Laevis (Kröte) und einem Zebrafisch verglichen (Fig.1)



**Fig1: Dendrogramm des Proteins PAX-6 in Ratte, Maus, Huhn, Wachtel, Kröte und Zebrafisch.**  
Deutlich erkennbar ist, dass Maus und Ratte, sowie Huhn und Wachtel eng miteinander verwandt sind. Die Vögel sind gleichzeitig näher mit der Kröte verwandt als die Säugetiere.

**Tipp:** Hat man ein Protein gefunden, welches man gerne mit homologen Proteinen in anderen Arten vergleichen möchte, kann man diese direkt suchen. Dazu muss das Programm Blast! (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/Blast.cgi?&PAGE=Proteins&PROGRAM=blastp>) gestartet werden. In das Textfeld ganz oben kann man die Sequenz einfügen und anschliessend den BLAST! Button drücken (die zusätzlichen Optionen können vernachlässigt werden). Nach ungefähr 1 Minute kann man den Button 'Format!' im neu erschienenen Fenster anklicken und es erscheint eine Liste mit allen Proteinen, welche dem eingegebenen ähnlich sind (Sollte die neue Seite keine Proteininformationen enthalten, ist die Suche noch nicht abgeschlossen. Das neue Fenster kann geschlossen werden und nach einer weiteren Minute durch nochmaliges Klicken auf 'Format!' neu aufgerufen werden.) Die Art, von welcher die Proteine stammen, wird jeweils in der Bezeichnung der Sequenz angegeben (PAX6 protein [Gallus gallus] >dbj|BAA23004.1... wäre also das PAX-6 Protein im Huhn).