

Beweise für Evolution?

Eine Studie anhand ausgewählter Fachliteratur

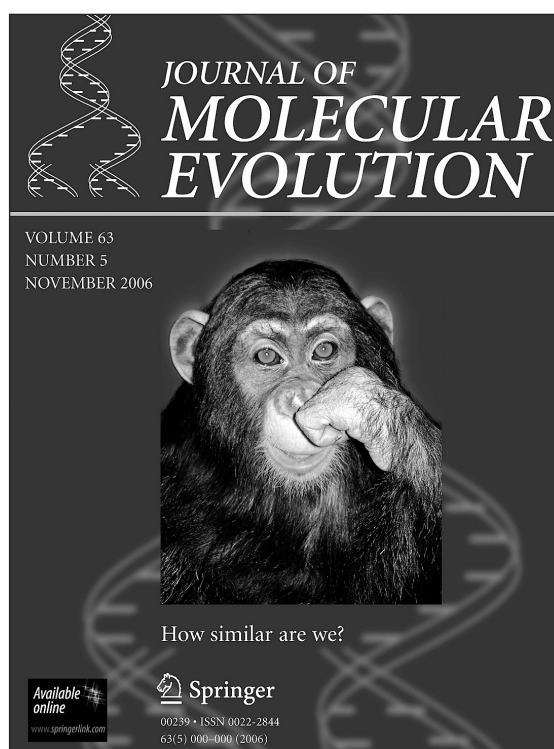
Theresia Korb, Rosenbergweg 29, 72270 Baisersbronn

Zusammenfassung: Aus dem *Journal of Molecular Evolution* wurden die Publikationen der letzten 25 Jahre unter dem Gesichtspunkt analysiert, ob die postulierte evolutive Entstehung von Neuheiten durch die aktuelle Forschungsarbeit erhärtet werden konnte. Die Artikel wurden dazu verschiedenen Themenschwerpunkten zugeordnet. Die Jahrgänge 1985 bis 1995 wurden von Michael BEHE untersucht mit dem Ergebnis, dass der Hauptteil der Veröffentlichungen sich mit vergleichender Biologie beschäftigte, aus der keine Erkenntnisse für die Mechanismen der Evolution gewonnen werden können. Die ca. 1000 Artikel enthielten keine Erklärungen zu der geforderten stufenweisen Entstehung komplexer biochemischer Systeme. Die Fachliteratur der letzten 13 Jahre zeigte in etwa das gleiche Schwerpunktumfeld. Auch hier lag der Fokus auf vergleichender Biologie und nicht auf Mechanismenfragen. Auch Überblicksartikel stellen keine plausiblen Mechanismen dar, die das ganze Szenario für abiotische Evolution, beginnend mit der Entstehung erster für das Leben notwendiger Moleküle bis hin zur Urzelle abdecken. Vielmehr behandeln die Artikel nur einige kleine Teilaspekte wie die Entstehung des genetischen Codes oder der RNA-Welt. Der Tatbestand fehlender Erklärungen wird von einigen Vertretern der Evolutionsbiologie dahingehend gewertet, dass sie eine Erweiterung der gängigen Evolutionstheorien fordern. Neue Erkenntnisse erhofft man sich mit dem Ansatz, Erkenntnisse aus der Entwicklungsbiologie einzubeziehen (Evo-Devo-Ansatz).

Der Durchbruch der Evolutionsanschauung mit dem Erscheinen von DARWINs „On the origin of species“ hat viele bis dahin geltenden Ansichten in der Biologie grundlegend verändert. Inzwischen wird die Entstehung aller Lebewesen allein durch ungerichtete Evolution als bewiesene Tatsache hingestellt. Die Frage nach den Mechanismen dieses Vielfalt erschaffenden Prozesses wird jedoch wieder verstärkt kritisch diskutiert. Die vorliegende Arbeit analysiert ausgewählte Fachliteratur der letzten knapp 25 Jahre mit der Fragestellung, ob es tatsächlich gelungen ist, die Mechanismen der Entstehung evolutiver Neuheiten (Makroevolution) anhand von Beobachtung und Experiment zu belegen. Die Arbeit lehnt sich methodisch an eine Analyse von Fachliteratur von Michael BEHE an und setzt seine Studie, die die Jahre 1985-1995 abdeckte, für die letzten 13 Jahre fort.

Frühere Analysen zur Schwerpunktsetzung in der Evolutionsforschung

Der Biochemiker Michael J. BEHE führte eine vergleichende Untersuchung der Jahrgänge 1985 bis 1995 des *Journal of Molecular Evolution* (JME) durch und veröffentlichte sie in seinem Buch „Darwins Black Box“ (S. 259-282). Das JME wurde 1971 gegründet und ist eine biowissenschaftliche Fachzeitschrift, die hauptsächlich Arbeiten über die molekulare Evolution und die Entstehung des Lebens oder komplexer biologischer Strukturen veröffentlicht. Von 1985 bis 1995 erschienen pro Jahr mehr als 100 Abhandlungen. In diesen 10 Jahren wurden demnach insgesamt ca. 1000 Artikel veröffentlicht. Motivation der Analyse BEHEs war es, aktuelle Forschungserkenntnisse zur ursprünglichen Entstehung komplexer biochemisch-biologischer Systeme zu betrachten. Inwieweit liegen in der Fachliteratur schlüssige experimentelle Ergebnisse zu den Mechanismen der Evolution vor? Thematisch ordnete BEHE die ca. 1000 Artikel des JME drei Kategorien zu: (1) Artikel über die chemische



Synthese von Molekülen, die beim Ursprung des Lebens benötigt wurden; (2) Arbeiten, die sich ausschließlich mit Vergleichen von DNA- oder Protein-Sequenzen von Organismen befassen; (3) Artikel, die ausschließlich abstrakte mathematische Modelle präsentieren. In die erste Kategorie – Chemische Synthese – fielen etwa 10% aller Beiträge. Sie behandelten hauptsächlich Simulations-Experimente (wie von MILLER und FOX) sowie die Diskussion um die RNA-Welt. In die zweite Kategorie – Sequenzvergleiche – wurden über 80% der Beiträge eingeteilt. Hier wurden die Aminosäuresequenzen bestimmter Proteine oder die Nukleotidsequenzen von DNA-Fragmenten mit dem Ziel untersucht, den historischen Evolutionsverlauf zu rekonstruieren. Der Anteil der Publikationen zu mathematischen Modellen (Kategorie 3) belief sich auf 5%. Hier ging es um die Problematik mathematischer Evolutionsmodelle sowie die Erarbeitung neuer Methoden für die Auswertung von Sequenzvergleichen.

BEHEs Untersuchung zeigte überdeutlich das Fehlen von experimentellen Arbeiten zur Selbstorganisation unbelebter Materie. Keine einzige Abhandlung, so BEHE, habe auch nur ansatzweise dazu beigetragen, den von der Darwinschen Theorie geforderten Mechanismus einer stufenweisen Entstehung eines komplexen biochemischen Systems zu erklären. Vergleichende Studien (Kategorie 2), die den Großteil der Artikel ausmachten, könnten grundsätzlich keine Informationen zu den gesuchten Mechanismen beitragen.

BEHE weitete seine Literaturrecherche auf andere Fachzeitschriften aus, um auszuschließen, dass er wichtige Arbeiten zu dieser grundsätzlichen Fragestellung besonders in höherrangigen Journalen übersah. Anhand des Inhaltsverzeichnisses der *Proceedings of the National Academy of Sciences* (PNAS) identifizierte BEHE von den 20 000 Artikeln im Zeitraum von 1984 bis 1994 etwa 400 Beiträge, die molekulare Evolution thematisierten. Wie im JME behandelte der Hauptteil (ca. 85%) Sequenzanalysen. Etwa 10% beinhalteten mathematische Analysen, also etwa doppelt so viele wie im JME. Auffälligerweise fehlten völlig Beiträge zu dem Thema, wie sich komplexe biochemische Strukturen möglicherweise entwickeln könnten. BEHE fand auch keine Tagungsberichte, Bücher oder sonstige Beiträge über Details zur biochemischen Entwicklung komplexer Systeme. Seine gewissenhaft und sorgfältig durchgeführte Literaturrecherche konnte keine Veröffentlichungen in der wissenschaftlichen Fachwelt identifizieren, die biochemisch-experimentelle reproduzierbare Mechanismen präsentierten bzw. auf die Frage eingingen, wie die molekulare Evolution irgendeines realen biochemischen Systems durch einen Mechanismus erklärt werden kann oder wie sie zumindest vonstatten gegangen sein könnte. Auch manche grundsätzlich evolutionstheoretisch orientierte Wissenschaftler

weisen dezidiert darauf hin, dass die Diskussionen auf diesem Gebiet bislang in einer Sackgasse endeten oder ein Eingeständnis der Unwissenheit darstellen (z.B. TREVORS & ABEL 2004).

Analyse zur Schwerpunktsetzung in der aktuellen Fachliteratur

Die Ergebnisse von BEHEs Literaturanalyse sind mittlerweile etwa 13 Jahre alt. In dieser Zeitspanne ist ein erheblicher Zuwachs an neuem Datenmaterial und Forschungsergebnissen zu erwarten. Möglicherweise konnten in den letzten Jahren die von BEHE geforderten Beiträge zur Entwicklung komplexer biochemischer Strukturen erarbeitet und damit schlagkräftigere Erklärungen für die Evolutionsmechanismen gewonnen werden. Inwieweit haben sich die Ergebnisse von BEHEs Recherche nach 1995 im JME verändert? Um dieser Frage nachzugehen, wurden die von Januar 1996 bis Oktober 2008 im JME veröffentlichten 1947 Artikel analog zu BEHEs Vorgehensweise untersucht. Die von BEHE gewählten drei Kategorien wurden weiter untergliedert. Statt in drei Kategorien wurden die Artikel in neun Kategorien unterteilt. Zu den drei schon von BEHE verwendeten Kategorien wurden noch folgende sechs hinzugenommen: (4) Mikroevolution, (5) Populationsdynamik, (6) Makroevolution, (7) Übersichtsartikel, (8) Andere Themen und (9) Unsichere Zuordnung. Die Kategorien wurden folgendermaßen definiert:

(1) Chemische Synthese: Arbeiten zur im Labor nachgestellten chemischen Synthese der für Leben notwendigen Moleküle aus anorganischer Materie oder die künstliche Optimierung von organischen Molekülen wie RNA, DNA oder verschiedener Enzyme.

(2) Ähnlichkeiten: Vergleiche zwischen DNA-Sequenzen, Stoffwechselwegen sowie Molekülen verschiedener Organismen, Gen- oder Proteinfamilien bzw. ihre Ähnlichkeiten. Es handelt sich bei den Vergleichen um Organismen, die nicht zum gleichen Grundtyp zählen (zum Grundtypbegriff s. JUNKER & SCHERER 2006, Kap. II.3). Weiterhin wurden phylogenetische Analysen und Vergleiche bei taxonomischen Gruppierungen, bei denen die Zugehörigkeit zu einem Grundtyp nicht eindeutig war, hier eingeordnet.

(3) Mathematische Modelle: Computersimulationen, Verbesserungsvorschläge für bereits bestehende oder Entwurf neuer mathematischer Modelle sowie neue statistische Methoden zur Datenauswertung für phylogenetische Zwecke.

(4) Mikroevolution: Die Definition entspricht derjenigen für die zweite Kategorie (Ähnlichkeiten). Die Vergleiche bewegen sich jedoch nur innerhalb eines Grundtyps (z.B. der Vergleich verschiedener Populationen von *Drosophila*, *Daphnia*,

HI-Viren etc.). Untersuchungen von speziellen Genen oder Proteinen, die sich auf nur eine Art beziehen, wurden dieser Kategorie zugeordnet. Die Identifikation der Zugehörigkeit zu einem Grundtyp war aufgrund der bisher sehr begrenzten Anzahl beschriebener Grundtypen nicht immer sicher durchführbar. Anhaltspunkt bei der Einteilung war, dass Grundtypen meist zwischen Gattungs- und Familienniveau liegen und diese bei Pflanzen etwa 10-mal artenreicher sind als bei Tieren. Außerdem konnten phänotypische und andere Eigenschaften der jeweiligen Taxa bis hin zur Anzahl der in einer Gattung oder Familie lebenden Arten (je mehr, umso wahrscheinlicher ist es, dass es sich um mehrere Grundtypen handelt) herangezogen werden. Ein räumlich eng begrenztes Vorkommen mehrerer Arten aufgrund mikroevolutiver Radiation, wie z.B. die über hundert Buntbarscharten in den großen ostafrikanischen Seen, deutete ebenfalls auf Zugehörigkeit zu einem Grundtyp hin. Spätestens ab dem Niveau oberhalb der Unterordnung muss mit dem Vorliegen mehrerer Grundtypen gerechnet werden. Die wenigen Artikel, bei denen eine sichere Entscheidung nicht möglich war, wurden zu Mikroevolution gestellt; z.B. „Evolutionary Analysis of the Small Heat Shock Proteins in Five Complete Algal Genomes“, „Complete Mitochondrial DNA Sequences of Six Snakes: Phylogenetic Relationships and Molecular Evolution of Genomic Features“ oder „Synonymous and Nonsynonymous Substitution Distances Are Correlated in Mouse and Rat Genes“. Alle in diese Kategorie gestellten Artikel beschränken sich auf das Niveau der Mikroevolution (Evolution innerhalb vorgegebener Merkmale, quantitative Veränderung bereits vorhandener Organe, Strukturen oder Baupläne, JUNKER & SCHERER 2006; Kap. II.4).

(5) Populationsdynamik: Wirkung von Selektion, Mutationen sowie Evolutionsfaktoren und -raten im Allgemeinen, wobei die Beispiele innerhalb von Grundtypen bleiben.

(6) Makroevolution: Artikel, die auf einen Neuerwerb von genetischer Information hinweisen. Makroevolution wird nach JUNKER & SCHERER (2006) als Entstehung neuer, bisher nicht vorhandener Organe, Strukturen und Bauplantypen definiert. Damit ist die Entstehung von qualitativ neuem genetischen Material verbunden, man spricht hier von der Höherentwicklung im eigentlichen Sinn.

(7) Übersichtsartikel: Mögliche Evolutions-szenarien zum Ursprung des Lebens sowie Theorien zur Entstehung des genetischen Codes.

(8) Andere Themen: Artikel, die sich nicht direkt mit Evolution befassen, z. B. Artikel, die neue Genmuster oder andere Merkmale einer Art nur beschreiben.

(9) Unsichere Zuordnung: Artikel, die entweder thematisch nicht in eine der vorhergehenden Kategorien eingeordnet werden konnten, Artikel ohne Zusammenfassung (Abstract) oder für eine Kategorisierung unzureichende Beiträge wie Leserbriefe oder Errata.

Ergebnisse der Literaturrecherche im JME

Eine zusammenfassende Darstellung der Ergebnisse ist in Abb. 1 dargestellt. Pro Jahrgang ist die prozentuale Verteilung der neun Kategorien abgebildet. Die letzte Säule stellt den Mittelwert über den Zeitraum der letzten 13 Jahre dar. Fasst man die Ergebnisse der Jahrgänge zusammen, ist festzustellen, dass nur zwei Gebiete den Hauptteil der

	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	Gesamt
(1) Chemische Synthese	6	11	8	4	1	2	5	3	3	8	2	6	2	61
(2) Ähnlichkeiten	94	95	97	82	73	42	88	75	83	48	61	43	43	924
(3) Mathematische Modelle	7	14	6	16	11	8	7	9	4	11	11	17	8	129
(4) Mikroevolution	41	45	40	47	24	48	41	52	35	34	36	45	30	518
(5) Populationsdynamik	3	6	4	5	11	5	10	12	10	22	28	14	13	143
(6) Makroevolution	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
(7) Übersichtsartikel	2	4	4	6	1	6	2	4	7	3	2	0	2	43
(8) Andere Themen	3	5	4	7	2	15	3	17	8	15	10	6	2	97
(9) Unsichere Zuordnung	0	1	0	4	0	3	0	2	6	6	3	4	3	32
Artikelzahl pro Jahrgang	156	181	163	171	123	129	156	174	156	147	153	135	103	1947

	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	Gesamt
(1) Chem. Synthese (61)	4	6	5	2	1	2	3	2	2	5	1	4	2	3
(2) Ähnlichkeiten (924)	60	52	60	48	59	33	56	43	53	33	40	32	42	47
(3) Mathem. Modelle (129)	4	8	4	9	9	6	4	5	3	7	7	13	8	7
(4) Mikroevolution (518)	26	25	25	27	20	37	26	30	22	23	24	33	29	27
(5) Populat.dynamik (143)	2	3	2	3	9	4	6	7	6	15	18	10	13	7
(6) Makroevolution (0)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
(7) Übersichtsartikel (43)	1	2	2	4	1	5	1	2	4	2	1	0	2	2
(8) Andere Themen (97)	2	3	2	4	2	12	2	10	5	10	7	4	2	5
(9) Unsich. Zuordnung (32)	0	1	0	2	0	2	0	1	4	4	2	3	3	2

Tab. 1: Überblick über die Anzahl der Artikel der neun Rubriken pro Jahr, unten die Zahlen in Prozentangaben

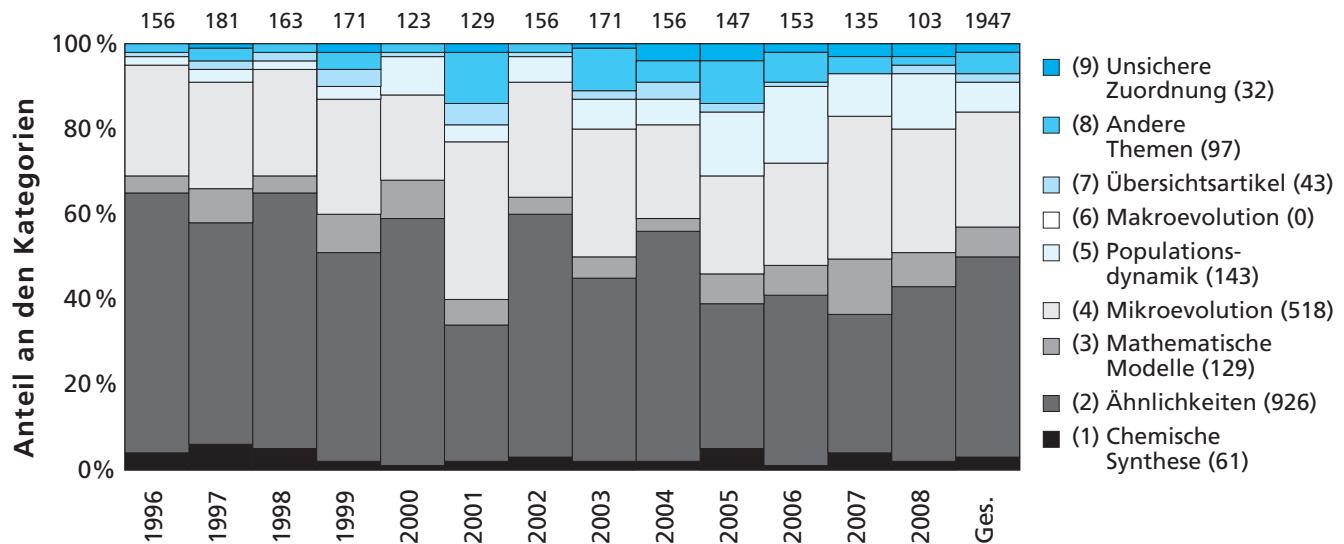


Abb. 1: Prozentuale Anzahl der Artikel der neun Rubriken pro Jahr in Diagramm-Darstellung.

Arbeiten stellen: 47% der Veröffentlichungen thematisieren Kategorie 2 – Ähnlichkeiten oberhalb des Grundtypniveaus – und 27% beschreiben mikroevolutionäre Vorgänge (Kategorie 4). Die Kategorie 5 – Populationsdynamik – mit 7% kann inhaltlich mit den beiden bereits genannten Kategorien zum großen Thema „Vergleichs- und Verwandtschaftsanalysen“ zusammengefasst werden. In der Kategorie „Populationsdynamik“ geht es um Veränderungen von vorhandenem Erbmateriale im Rahmen der Mikroevolution durch die Prozesse von Mutation und Selektion mit Titeln wie „Neutral and Non-neutral Mutations: The Creative Mix – Evolution of Complexity in Gene Interaction Systems“ oder „Role of Random Genetic Drift in the Evolution of Interactive Systems“, „Synonymous and Nonsynonymous Substitutions in Mammalian Genes: Intra-genic Correlations“.

Die Analyse zeigt erstaunliche Übereinstimmung mit den Ergebnissen von BEHE. Der Schwerpunkt der JME-Publikationen liegt nach wie vor bei Untersuchungen zu Verwandtschaftsverhältnissen (insgesamt 81%), die aus Vergleichen von „Ist-Zuständen“ abgeleitet werden, nicht jedoch aus Beobachtungen von Veränderungen, während sie stattfinden. Ähnlichkeiten auf molekularer, anatomischer oder morphologischer Ebene sind kein Beweis für Evolution. Ihre Interpretation als Indiz

Die Analyse zeigt erstaunliche Übereinstimmung mit den Ergebnissen von Michael Behe.

für Verwandtschaft setzt bereits die Hypothese voraus, dass ein Evolutionsablauf tatsächlich stattgefunden hat (JUNKER 2002, CARROLL 2003). Als Belege für eine Evolution können sie jedoch nicht

dienen, da andere Interpretationsmöglichkeiten z.B. im Rahmen der Schöpfungslehre genauso möglich sind. Außerdem beinhalten sie keine Aussage zum Wie, also zu den Evolutionsmechanismen, die für diese Verwandtschaften verantwortlich sein könnten.

Die übrigen knapp 20% der Artikel sind hauptsächlich Beiträge zur Kategorie 3 „Mathematische Modelle“ (7%) und zur Kategorie 1 „Chemische Synthesen“ (5%). Die Kategorien 7 („Übersichtsartikel“), 8 („Andere Themen“) und 9 („Unsichere Zuordnung“) spielten eine untergeordnete Rolle. Interessanterweise gab es in der Kategorie 7 keinen Artikel, der ein umfassendes Szenario für abiotische Evolution beginnend mit der Entstehung erster für das Leben notwendiger Moleküle bis hin zur Urzelle behandelte. Vielmehr fokussierten die Artikel nur einige kleine Teilaspekte wie die Entstehung des genetischen Codes oder der RNA-Welt. Hier ein kleiner Auszug aus den Titeln der Beiträge: „RNA Folding Argues Against a Hot-Start Origin of Life, A Novel Theory on the Origin of the Genetic Code: A GNC-SNS Hypothesis“ oder „The Path from the RNA World“. Der Artikel „A New Aspect to the Origin and Evolution of Eukaryotes“ stellt die gängige Meinung, dass die erste Zelle einen Kern, ein Endomembransystem, ein Cytoskelett und einen prokaryotenähnlichen ineffizienten Stoffwechsel besessen habe, in Frage. Er postuliert dagegen, dass aufgrund energetischer Aspekte das Auftreten von Eukaryonten durch die Etablierung eines effizienten energieumwandelnden Organells, z.B. der Mitochondrien, herbeigeführt wurde. Der verheißungsvoll klingende Titel „On the Crucial Stages in the Origin of Animate Matter“ handelt von den generellen Charakteristika der wichtigsten Moleküle beim Übergang von anorganischer zu organischer Materie. Es wird nur beschrieben, wie die Fitness der Moleküle und deren Fähigkeit zur Anpassung an die Umwelt bei

der natürlichen chemischen Selektion gewesen sein müsste, um eine hohe Überlebensfähigkeit zu garantieren. Die eigentliche Frage, nach welchen konkreten chemischen Mechanismen und auf welchen Wegen das, was als notwendig erkannt wird, entstanden sein könnte, wird aber nicht beantwortet.

Bis heute sind also nach wie vor die zentralen Fragen zur postulierten abiotischen Lebensentstehung ungeklärt, wenn man das in JME Publiizierte zugrundelegt. Man ist von der Beantwortung dieser Frage noch ähnlich weit entfernt wie vor über einem halben Jahrhundert. Einige evolutionstheoretisch orientierte Wissenschaftler heben das ausdrücklich hervor (TREVORS & ABEL 2004). Der Fortschritt der letzten Jahrzehnte besteht vor allem darin, die enorme Komplexität des Lebens immer deutlicher zu erkennen. Man weiß jetzt sehr viel mehr über detaillierte Abläufe in den Zellen wie Einzelheiten über Anzahl, Aufbau und genetischer Codierung der Proteine sowie ihre sehr genau aufeinander abgestimmten Wechselwirkungen. Die Schwierigkeiten, abiotische Lebensentstehung inklusive der postulierten un gelenkten und un gesteuerten Höherentwicklung zu erklären, sind durch die Forschung nicht kleiner, sondern bedeutend größer geworden. Zum Thema „Makroevolution“ (Kategorie 6) kann Ähnliches gesagt werden. Nicht ein einziger Artikel beinhaltete eine experimentell belegte Erklärung für eine Höherentwicklung der Organismen oder für konkrete Mechanismen, die dies bewirken könnten. Makroevolution kann also bis heute nicht durch Beobachtung und Experiment belegt werden.

Ergebnisse der Literaturrecherche in anderen Fachzeitschriften

Aus der Vielzahl der Fachzeitschriften mit vergleichbarer Zielsetzung und Thematik wie das JME wurden zwei weitere ausgewählt, um einen Vergleich zum JME zu gewinnen. Einige Jahrgänge und Artikel wurden dazu stichprobenartig eingesehen. Es handelte sich um *Origins of Life and Evolution of Biospheres* (im März 1968 gegründet) sowie um *Molecular Biology and Evolution* (im Dezember 1981 erstmals erschienen). Insgesamt konnten auch hier die Ergebnisse aus dem JME bestätigt werden. Weiterhin wurden anhand einschlägiger Suchbegriffe in den Jahrgängen 2000-2008 der Zeitschrift *Science* Artikel zur abiotischen Entstehung des Lebens gesucht. Nur zwölf Artikel wurden gefunden; diese beziehen sich genau wie im JME, Kategorie 7 („Übersichtsartikel“), nur auf kleine Teilaspekte der postulierten Szenarien, gehen aber nicht auf komplexere oder gar umfassende Prozesse ein, die aber für eine Bestätigung der gängigen Evolutionsvorstellungen nötig wären.

Anregungen zur Erweiterung der Modernen Evolutionstheorie

Auch Evolutionstheoretiker äußern sich neuerdings mit kritischen Kommentaren zu dieser Problematik der Mechanismen der Entstehung evolutionärer Neuheiten. PIGLIUCCI (2007) fordert zum Beispiel eine signifikante Erweiterung der Modernen Synthese (MS). Die MS ist die heute überwiegend anerkannte und gelehrte Variante unter den Evolutionstheorien, wie sich das Leben auf der Erde zu seiner heutigen Vielfalt entwickelte. Während man sich zu DARWINs Zeiten ausschließlich mit der Evolution der äußeren Formen befasste, wandte man sich mit dem wissenschaftlichen Fortschritt zunehmend molekularen Aspekten zu. Die MS ist nach POPPER eine „Theorie der Gene“ (zitiert bei PIGLIUCCI 2007). Die meisten Evolutionsgenetiker gehen heute davon aus, dass die wichtigsten Probleme auf diesem Gebiet gelöst seien und es nie mehr solche fundamentalen Veränderungen in der Evolutionslehre geben wird wie zu Zeiten ihrer Gründungsväter DARWIN, HAECKEL und anderer (PIGLIUCCI 2007). Demgegenüber weist PIGLIUCCI auf die Unzulänglichkeit der MS hin und fordert eine Erweiterung derselben, mit dem Ziel, die Theorien zur Evolution der äußeren Formen der Organismen mit den Ergebnissen der molekularen Forschung in Einklang zu bringen. Die neue Form der Evolutionstheorie, wie PIGLIUCCI es ausdrückt, würde dann Erweiterte Evolutionssynthese (EES) heißen. In seinem Artikel weist er auf die folgend genannten zentralen Aspekte einer Evolution der äußeren Formen hin, die von der MS nur ganz unzulänglich behandelt werden. Von der Klärung seiner Kritikpunkte erhofft er sich neue Erkenntnisse zum Zusammenhang zwischen molekularer Evolution, wie sie derzeit postuliert wird, und der Evolution der äußeren Gestalten der Organismen.

(1) Seit HAECKEL hätten die Entwicklungsbiologie und Embryologie nichts zur MS beigetragen. Sie wurden in der Forschung vernachlässigt.

(2) Die großen Diskrepanzen zwischen Evolutionsbiologie und Ökologie müssten überwunden werden. Studien zur natürlichen Selektion sollten verstärkt unter dem Aspekt der Ökologie betrachtet werden. Viele bisherige Studien zur Selektion beschränkten sich auf vorläufige statistische Abschätzungen.

(3) Zur klassischen Lehrbuchdefinition der Evolution als Änderung der Genfrequenzen sollten die „-omik“ Disziplinen (Genomik, Proteomik etc.) hinzukommen. Es überzeugt nicht, nur auf die Gene zu schauen und dabei die große Anzahl von Befunden, die auf die Bedeutung neutraler Mutationen oder epigenetischer Faktoren bei der Evolution der Genome hinweist, unbeachtet zu lassen.

(4) Bei der Beschreibung der molekularen Evolutionsvorgänge sollten Wechselwirkungen zwi-

schen Genotyp und Umwelt, die phänotypische Plastizität, die Entwicklungsfähigkeit sowie vererbte epigenetische Faktoren (z.B. Methylierungen des DNA-Stranges) stärker berücksichtigt werden.

Weitere Kritikpunkte werden von HUGHES (2007) aufgelistet, so z.B.:

(5) Die Überbetonung einer angeblich positiven (kreativen) Rolle der positiven darwinistischen Selektion, die ihm für eine Evolution einschneidender Anpassungen in Morphologie und Entwicklung ungeeignet erscheint.

(6) Ferner ist für HUGHES die Annahme, dass natürliche Populationen mit unbegrenzter Variationsfähigkeit ausgestattet seien, angesichts des sich mit der Zeit erschöpfenden genetischen Potentials unplausibel, weil neue Varianten von außen zugeführt werden müssen. Ergebnisse der künstlichen Auslese (z.B. in der Tierzucht) könnten nicht einfach aufs Freiland übertragen werden.

(7) Das Festhalten am Gradualismus (stufenweiser Übergang in evolutionärer Zeitskala) bei einem phänotypischen Wechsel übersehe die auch saltatorische (sprunghafte) Wirkung von Mutationen.

(8) Phänotypische Anpassungen beruhen in vielen Fällen nur auf Genverlusten ohne das zusätzliche Auftreten von Mutationen oder Einzelaminosäuresubstitutionen.

„Dieses nagende Gefühl von
Unsicherheit bleibt, dass wir
die großen Fragestellungen
noch gar nicht angegangen sind.“

(9) Statistische Nachweise positiver Selektion und ein dazu gehöriger plausibler biologischer Mechanismus können nicht, wie es oft geschieht, voneinander getrennt werden. PIGLIUCCI geht auf diese Problematik mit seinem zweiten Kritikpunkt ebenfalls ein.

(10) Physikalische Prozesse, die die Organisation der Zellen in Lymphknoten, Leber, Herz und anderen Organen steuern, sollen neben natürlicher Selektion die immense Komplexität der Körperbaupläne, ihrer inneren Hohlräume, Segmente, Anhangs und vielfältigen Gewebsschichten besser erklären helfen. PIGLIUCCI deutete dies in Punkt eins bereits an.

(11) Änderungen der regulatorischen Kontrolle von Genaktivität, RNAs und Proteinen bewirkten genauso evolutionäre Schritte wie die bisherige traditionelle Sicht von Mutationen und dürften nicht mehr unbeachtet bleiben. Auch PIGLIUCCI kritisierte dies in Punkt drei.

(12) HUGHES stellt weiterhin den generellen Wert mathematischer Modelle für das Auffinden

positiver Selektion aufgrund inhärenter methodischer Fehler in Frage.

Viele dieser genannten Kritikpunkte werden auch von anderen evolutionskritischen Wissenschaftlern angesprochen. Indirekt gibt PIGLIUCCI (2007) zu, dass die bisherigen Erklärungsversuche der MS zur *de novo*-Entstehung komplexer Systeme fehlgeschlagen sind: „... dieses nagende Gefühl von Unsicherheit bleibt, dass wir die großen Fragestellungen noch gar nicht angegangen sind.“ („The uneasy feeling that we are not yet tackling directly the big questions remains“). Die beiden zitierten Autoren halten jedoch grundsätzlich am Evolutionsparadigma als solchem fest, da dieses an sich nicht falsch sei. Seit DARWIN sei die Evolutionsbiologie noch nie durch einen Paradigmenwechsel gegangen und werde es nach Ansicht von PIGLIUCCI und HUGHES auch in Zukunft nicht tun. Es müssten nur die Ergebnisse der modernen Wissenschaften mit ihren Daten besser integriert werden, wie es unter dem Stichwort „Evo-Devo“ teilweise bereits geschehe (zu „Evo-Devo“ vgl. JUNKER 2008; 2009). Eine neue Moderne Evolutionssynthese sei nach PIGLIUCCI längst überfällig: die Erweiterte Moderne Evolutionssynthese EES.

Ausblick

Welche weiteren Erkenntnisse die von manchen Forschern angemahte neue Ausrichtung bringen wird und inwieweit sie sich durchsetzen kann, lässt sich derzeit noch nicht abschätzen. Es bleibt demnach abzuwarten, ob die vorgeschlagenen Wege neue Mechanismen für die *de-novo*-Entstehung komplexer Systeme finden werden. Vorerst ist BEHES Schlussfolgerung in seinem aktuellen Buch „The Edge of Evolution: The Search for the Limits of Darwinism“ (2007), das elf Jahre nach „Darwins Black Box“ (1996) erschien, noch zutreffend. Er schreibt (S. 94f): „1996 untersuchte ich in ‚Darwins

¹ „In 1996 in Darwin's Black Box I surveyed the scientific journals and showed that very few attempts had been made to explain how a cilium might have evolved in a Darwinian fashion – there were only a few attempts. Although Brown University biologist Kenneth Miller argued in response that the two-hundred component cilium is not irreducible complex, he offered no step-by-step origin of the cilium. Miller's professional field, however, is the study of structure and function of biological membranes, and his rejoinder appeared in a trade book, not in the scientific literature. An updated search of the science journals, where experts in the field publish their work, again shows no serious progress on a Darwinian explanation for the ultra complex cilium. Despite the amazing advance of molecular biology as a whole, despite the sequencing of hundreds of entire genomes, and other leaps in knowledge, despite the provocation of Darwin's Black Box itself, in the more than ten years since I pointed out the situation concerning missing Darwinian explanations for the evolution of the cilium is utterly unchanged.“

Black Box' verschiedene Fachzeitschriften. Ich zeigte, dass nur wenige Versuche zur Erklärung unternommen wurden, wie sich nach Darwins Evolutionstheorie ein Cilium entwickelt haben könnte, es gab nur wenige Ansätze. Obwohl der Biologe Kenneth Miller (Brown Universität) damit argumentierte, dass das aus 200 Komponenten bestehende Cilium nicht irreduzibel komplex sei, gab er keinen Schritt für Schritt-Entwicklungsmechanismus für die Entstehung des Ciliums an. ... Eine aktualisierte Untersuchung der Fachliteratur zeigte erneut keinen beträchtlichen Fortschritt in der Darwinistischen Erklärung für das ultrakomplexe Cilium. Trotz des gewaltigen Fortschreitens der Molekularbiologie, trotz der Sequenzierung von hunderten von Genomen und anderen Zuwächsen an Wissen, trotz der Provokation von ‚Darwins Black Box‘ an sich, sieht die Erklärungslage für eine Evolution des Ciliums genauso unverändert aus wie vor 10 Jahren.“¹ Nach knapp 200 Jahren Evolutionsforschung konnte bis heute noch keine in sich geschlossene Hypothese zum tatsächlichen Ablauf und Mechanismus der Höherentwicklung vorgelegt werden. Trotz dieses langen Zeitraums mit einer gewaltigen Explosion an Wissen innerhalb der letzten 150 Jahre wird eine Änderung des grundlegenden Evolutionsparadigmas nicht in Betracht gezogen. Der Einfluss weltanschaulicher Vorgaben ist in diesem Zweig der Naturwissenschaft zu stark vertreten, wenn dies auch gewöhnlich nicht zugegeben wird. Ein Zitat von RIEPPEL (1989) dokumentiert die weltanschauliche Festlegung: „Wird die Idee der Evolution, oder einer speziellen Evolutionstheorie wie jener Darwins, der Beobachtung vorausgestellt, so wird die Welt im Licht jener Theorie erscheinen. Die Theorie wird sich nie als falsch erweisen können, sondern stets mit der Beobachtung in Einklang stehen“.

Literatur

- Anonymus (2008) Science and the 2008 campaign. In Brief: Where They Stand on Science Policy. *Science* 322, 518-519.
- BEHE M (2007) Darwins Black Box. Biochemische Einwände gegen die Evolutionstheorie. Gräffelfing. Originalausgabe: BEHE M (1996) Darwin's Black Box – The Biochemical Challenge to Evolution. Free Press.
- BEHE M (2007) The Edge of Evolution: The Search for the Limits of Darwinism. Free Press.
- CARROLL S (2003) Genetics and the making of *Homo sapiens*. *Nature* 422, 849-857.
- HUGHES AL (2007) Looking for Darwin in all the wrong places: the misguided quest for positive selection at the nucleotide sequence level. *Nature* 449, 364-373.
- JUNKER R (2002) Ähnlichkeiten, Rudimente, Atavismen. Design-Fehler oder Design-Signale? Holzgerlingen.
- JUNKER R (2008) Evo-Devo: Schlüssel für Makroevolution? Teil 1: Ausgangspunkt und Anerkennung eines ungelösten Evolutionsproblems. *Stud. Int. J.* 15, 17-21.
- JUNKER R (2009) Evo-Devo: Schlüssel für Makroevolution? Teil 2: Wiederverwendung, Umfunktionierung und Neuprogrammierung. *Stud. Int. J.* 16, 17-21.
- JUNKER R & SCHERER S (2006) Evolution – ein kritisches Lehrbuch. Gießen.
- PIGLIUCCI M (2007) Do we need an extended Evolutionary Synthesis? *Evolution* 61, 2743-2749.
- RIEPEL O (1989) Unterwegs zum Anfang. Zürich, München.
- TREVORS JT & ABEL DL (2004) Change and necessity do not explain the origin of life. *Cell Biol. Int.* 28, 729-739.

Internetquellen

www.springerlink.com/content/0022-2844 (Über die online-Suchfunktion des JME sind Autoren und Abstracts anhand des Titels auffindbar)

„Origins of Life and Evolution of Biospheres“: www.springerlink.com/content/102974/ Springer Verlag Niederlande ISSN 0169-6149 (Print) 1573-0875

„Molecular Biology and Evolution“: <http://mbe.oxfordjournals.org/>, herausgegeben von der „Society for Molecular Biology and Evolution“ www.smbe.org ISSN 0737-4038 (Print) ISSN 1537-1719 (Online)

Science: <http://www.sciencemag.org/>