

TATTERSALL I & SCHWARTZ JH (1999) Hominids and hybrids: the place of Neanderthals in human evolution. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96, 7117-7119.

WOOD BA & COLLARD M (1999) The genus *Homo*. Science 284, 65-71.

Wächst der „Stammbaum der Evolution“ jetzt im Vorgarten der Schöpfungslehre?

„Je mehr Daten, desto mehr Widersprüche“ war eine Voraussage von FEHRER (2000), wenn es darum geht, eine Evolutionsgeschichte der Lebewesen zu rekonstruieren. Fast zeitgleich erschien ein Artikel von DOOLITTLE (2000) im Aprilheft von *Spektrum der Wissenschaft*, der sich genau mit diesem Problem auseinandersetzt: „Die Vorstellung eines einzigen universellen Stammbaums – mit fast überall säuberlich getrennten Ästen – hat nach neuesten genetischen Erkenntnissen teilweise ausgedient. Damit wird auch der postulierte erste gemeinsame Vorfahre allen Lebens hinfällig.“ Wie kommt DOOLITTLE zu dieser Einschätzung?

Vor dem Zeitalter der Molekularbiologie wurden Stammbäume ausschließlich aus physiologischen und anatomischen Ähnlichkeiten konstruiert. Dies funktionierte für die „höheren“ Lebewesen (z.B. Wirbeltiere) relativ gut, war aber auf Mikroben nicht anwendbar. Dies war umso unerfreulicher, weil Einzeller wie Bakterien als die ursprünglichsten Lebewesen galten. ZUCKERKANDL & PAULING schlugen schon 1965 vor, Gene und Proteine zu untersuchen, um aus deren Ähnlichkeiten einen universellen Stammbaum inklusive der Mikroorganismen abzuleiten. Erste Untersuchungen an den Proteinen Ferredoxin und Cytochrom stützten zunächst zu einem großen Teil die bereits vorhandenen Stammbäume und erweiterten sie schließlich im Bereich der Mikroorganismen. Die sogenannte Endosymbiontentheorie erfuhr hier schon eine frühe Stütze. Diese Theorie besagt, daß

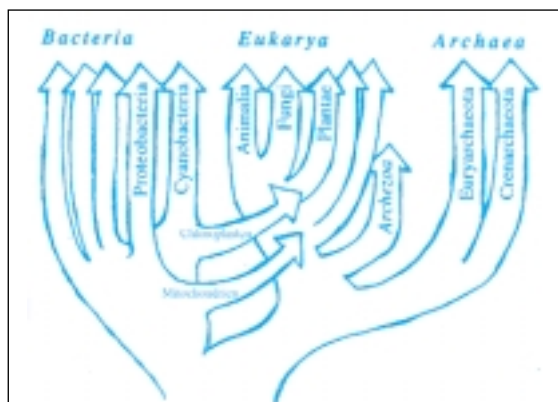
Mitochondrien (die Kraftwerke der Zellen) und Chloroplasten (die Orte der Photosynthese in Pflanzenzellen) ursprünglich selbständige Mikroorganismen waren, die von anderen Zellen verschluckt und als Symbionten rekrutiert wurden statt verdaut zu werden.

Mitte der 70er Jahre richtete Carl WOESE das Blickfeld der Systematiker auf die Ribosomen, welche die Proteinfabriken aller Zellen darstellen. WOESE erstellte Datenbanken möglichst vieler Lebewesen mit der kleinen Untereinheit der ribosomalen RNA. Der heutzutage akzeptierte universelle Stammbaum beruht letztlich auf diesen Sequenzdaten. Nach diesem Standardmodell zergliedert sich das Reich der Organismen in drei Domänen: Bakterien, Eukarya und Archaea, die alle aus einer gemeinsamen Urzelle abstammen (Abb. 1). Bakterien sind Einzeller ohne echten Kern (z.B. *Salmonella*), Eukarya sind Ein- oder Mehrzeller mit echtem Kern (z. B. Pilze, Pflanzen und Tiere). Archaea sind Einzeller mit einer Mischung aus bakteriellen und eukaryontischen Eigenschaften (z.B. *Pyrococcus*).

Diese bislang etablierte Sichtweise geriet aber zunehmend in Bedrängnis, denn je mehr Daten man anhäufte, um so mehr Widersprüche ergaben sich. Im Zeitalter der modernen Molekularbiologie ist man mittlerweile in der Lage, komplette Genome von Organismen zu vergleichen. Es zeigte sich immer deutlicher, daß sehr viele Ausnahmen von der bisher etablierten Sicht des Evolutionsstammbaumes vorkommen. Es gibt eine erhebliche, nicht zu vernachlässigende Anzahl von Genen, mit denen sich jeweils ein komplett anderer Stammbaum erstellen ließe.

Kurz gesagt findet man ein buntes Flickmuster von Genen verschiedenster Herkunft in den einzelnen Organismen. Dieser Befund ist zwar nicht unbedingt neu (vgl. HILARIO & GOGARTEN 1993), wurde aber in seiner Bedeutung bislang unterschätzt. So finden sich z.B. in Archaea Proteine bakterieller Herkunft und eukaryontischer Herkunft. Als Beispiel mag hier das Archaea *Methanococcus jannaschii* stehen. Etwa 13% der Gene sind ähnlich zu Genen aus Eukaryonten und etwa 44% der Gene ähnlich zu solchen aus Bakterien (KOONIN et al.

Abb. 1: Der bisher akzeptierte Stammbaum der Lebewesen. Er hat einen gemeinsamen Ursprung (Urzelle) und spaltet sich schon bald in die drei Domänen des Lebens (Bakterien, Eukarya und Archaea) auf. Bei Mitochondrien und Chloroplasten soll es sich um verschluckte Bakterien handeln, die aber nicht verdaut, sondern als Symbionten übernommen wurden. (Modifiziert aus DOOLITTLE 1999)



1997), wie beispielsweise die CoA-Reduktase, Glutamin-Synthetase, das Hitzeschockprotein Hsp⁷⁰, ATPasen und tRNA-Synthetasen. Diese Enzyme sind nun keineswegs nur in sekundäre Stoffwechselreaktionen eingebunden und somit entbehrlich, sondern erfüllen in diesen Organismen lebensnotwendige, ja zum Teil ganz zentrale Aufgaben.

Unter dem Paradigma einer Schöpfung sind die entstandenen Widersprüche in der Evolutionsgeschichte der Lebewesen erwartet worden (s.o.). Denn ein Designer ist frei in der Verwendung und Anordnung einzelner Komponenten, so lange diese ihre Aufgabe im zellulären Kontext erfüllen können. Dabei ist es unerheblich, ob z.B. eine CoA-Reduktase ein Enzym bakterieller oder eukaryontischer Bauart ist. Diese Sichtweise wurde bereits von ReMine (1993) dargelegt und von diesem als „Design-Signal“ gewertet. Man könnte fast meinen, ein Designer sei wie mit einem Salzstreuer über das Organismenreich gegangen.

Der bisher gültige „Stammbaum“ verwandelte sich in einen „Stammbusch“ mit zahlreichen Überkreuzungen und Vernetzungen

Gespannt durfte man auf die Einordnung der Befunde unter dem Paradigma der Evolutionslehre sein. In einem Übersichtsartikel, erschienen im Juni 1999 im Wissenschaftsmagazin *Science*, schlägt Doolittle zur Lösung dieses Problems vor, die Annahme eines universellen gemeinsamen Vorfahren in Form einer primitiven Zelle fallen zu lassen. Er meint statt dessen, daß sich das Leben aus einer komplexen „Urgemeinschaft primitiver Zellen“ entwickelt habe, zwischen denen über längere Zeit ein massiver Gentransfer bestand. Der bisher gültige „Stammbaum“ verwandelt sich in einem „Stammbusch“ mit zahlreichen Überkreuzungen und Vernetzungen (Abb. 2). Dabei treten jedoch zwei schwerwiegende Probleme auf: Wie ereignete sich der Gentransfer und woher kommen die verschiedenen Vorfahren? Massiver Gentransfer zwischen verschiedenen Organismen kann nicht einfach so „passieren“. Trotz einer Funktionsverwandtschaft der Enzyme können die Komponenten von komplexen Systemen nicht einfach übertragen werden, sie sind „eingepaßt“. Ein Vergleich mag dies illustrieren: Die Kolben einer VW-Käfer-Motors und eines BMW-Motors haben zwar dieselbe Funktion und eine ähnliche Form, aber es dürfte selbst einem geschickten Autobauer schwer fallen, einen VW-Motor mit den Kolben eines BMW-Motors und umgekehrt zu betreiben. Die Ähnlichkeit der Kolben an sich erklärt sich zwang-

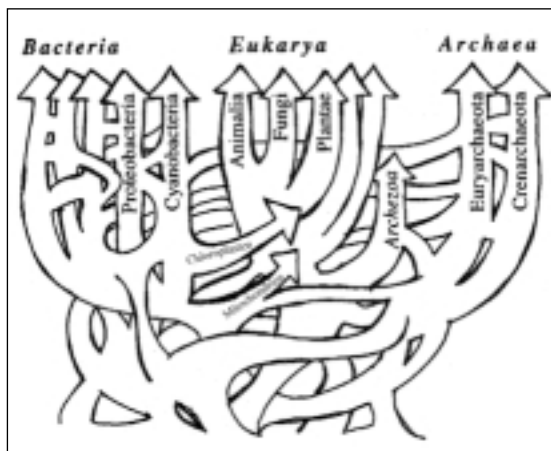


Abb. 2: Ein Stammbusch oder Evolutionsnetz wie es von Doolittle (1999) vorgeschlagen wurde. Es gibt hier keine einzelne „Urzelle“, sondern eine Gemeinschaft vieler verschiedener Organismen, die ihre Gene in starkem Ausmaß miteinander teilten. Erst später habe sich das Leben dann in die drei heutigen Domänen aufgespalten. Der damalige massive horizontale Gentransfer erkläre, warum die drei Domänen so viele Gene gemeinsam haben. (Modifiziert aus Doolittle 1999)

los durch die Erfindung („Design“) eines ersten Kolbenmotors. Späteren Konstrukteuren stand es dann frei, dieses „Kolbenprinzip“ abzuwandeln und ihrem System anzupassen.

Das zweite Problem liegt in der „Urgemeinschaft primitiver Zellen“. Prokaryonten, Archaea und Eukaryonten sind durchaus verschieden und repräsentieren trotz aller gefundenen Gemeinsamkeiten verschiedene Organismenreiche. Es müßte angenommen werden, daß im Laufe einer ersten Evolution Zellen völlig verschiedener Bauart entstanden sind, die dann trotz ihrer enormen Verschiedenheit noch in regem Austausch ihres Erbgutes standen – ein evolutionär völlig ungelöstes Problem (vgl. Binder 1999). Doolittle (2000) befaßt sich nicht mit diesen Details, er schreibt lediglich: „Frühe, mit erst relativ wenigen Genen ausgestattete Zellen unterschieden sich in vielerlei Weise. Durch freizügigen Genaustausch teilten sie etliche ihrer Anlagen mit ihren damaligen Zeitgenossen. Schließlich verschmolz diese bunt schillernde Sammlung von Zellen zu den drei heute bekannten Urreichen.“ Erklärungen werden durch solche Schilderungen freilich nicht geliefert.

Klaus Neuhaus

Literatur

- BINDER H (1999) Entstehung des Lebens – es muß anders gewesen sein! Stud. Int. J. 6, 92-93.
 DOOLITTLE WF (1999) Phylogenetic classification and the universal tree. *Science* 284, 2124-2128.
 DOOLITTLE WF (2000) Stammbaum des Lebens. *Spektr. Wiss.* 4/2000, 52-57.
 FEHRER J (2000) Von der Schwierigkeit, Evolution zu rekonstruieren. Stud. Int. J. 7, 30-31.
 HILARIO E & GOGARTEN JP (1993) Horizontal transfer of ATPase genes – the tree of life becomes a net of life. *Bio-systems* 31, 111-119.
 ReMine WJ (1993) The biotic message: Evolution versus message theory. St. Paul, Minnesota.
 WOESE CR (1987) Bacterial evolution. *Microbio. Rev.* 51, 221-271.
 ZUCKERKANDL E & PAULING L (1965) in: BRYSON V & VOGEL HJ (eds) *Evolving Genes and Proteins*. New York, pp 97-166.