

„Megaevolution“ – Makroevolution – Mikroevolution

Laurence Loewe, Döbelestr. 34, D-78462 Konstanz

Zusammenfassung: Mikroevolutive Prozesse konnten schon vielfach nachgewiesen werden, während makroevolutive Vorgänge sich bisher stets der Beobachtung entzogen. Dennoch können diese teilweise theoretisch analysiert werden. Dabei fällt auf, daß nicht alle postulierten makroevolutiven Übergänge gleich geartet sind: Manche waren von besonders fundamentaler Natur („Megaevolution“), weil sie nicht nur zur Entstehung von neuartigen, sondern auch zur Entstehung von übergeordneten Strukturen führen würden, an denen nun ebenfalls Selektion angreifen könnte. Daraus ergeben sich verschiedene Probleme.

Mitte März letzten Jahres erschien in *Nature*, der berühmten britischen Wissenschaftszeitung, ein Übersichtsartikel mit dem Titel „The major evolutionary transitions“. Eörs SZATHMÁRY und John MAYNARD SMITH beginnen die Zusammenfassung ihrer Arbeit mit ihrer provozierendsten Aussage:

„There is no theoretical reason to expect evolutionary lineages to increase in complexity with time, and no empirical evidence that they do so. Nevertheless, eukaryotic cells are more complex than prokaryotic ones, animals and plants are more complex than protists, and so on. This increase in complexity may have been achieved as a result of a series of major evolutionary transitions. These involved changes in the way information is stored and transmitted“ (SZATHMÁRY & MAYNARD SMITH 1995).

Die Autoren weisen also deutlich darauf hin, daß man keinen theoretischen Grund kennt, welcher eine Zunahme von Komplexität im Verlauf der Evolution einer Abstammungslinie erwarten lassen würde; auch kenne man keinen empirischen Beleg für einen solchen Vorgang. Dies liest sich fast wie das Eingeständnis, daß man über Ursachen makroevolutionärer Prozesse nichts sagen kann, was vermutlich den Tatsachen entspricht. Dies scheint für das grundsätzliche Evolutionsverständnis der Autoren aber nicht weiter bedeutsam, denn sie fahren fort: „Trotzdem sind eukaryote Zellen komplexer als prokaryote Zellen, Tiere und Pflanzen sind komplexer als Protisten, usw.“ Unterschiedliche Komplexität von Organismen wird offenbar als Argument für Makroevolution angesehen. Diese Ansicht ist weit verbreitet und wurde beispielsweise in der Diskussion nach einem evolutionskritischen Vortrag an einer deutschen Universität an folgender Bemerkung eines Zuhörers deutlich: Nachdem im Disput klargelegt war, wie gewaltig die Lücken im kausalen Verständnis evolutionärer Vorgänge sind, wurde von einem Biologen schlußendlich das Argument geäußert: „Das mag ja schon dem gegenwärtigen Stand des

Wissens entsprechen, aber wir sind doch schließlich alle da!“ (SCHERER 1996). Hier wird, wie in der Arbeit von SZATHMÁRY & MAYNARD SMITH, sehr klar, daß Evolution in weiten Kreisen derart sicher als Tatsache angenommen wird, daß die Existenz des Lebens an sich im Zuge eines unüberbietbaren Zirkelschlusses als Beweis für dessen evolutive Entstehung ins Feld geführt wird. Wie konnte es dazu kommen?

Die Effektivität mikroevolutiver Prozesse bei der Anpassung von Organismen an ihre Umgebung ist schon seit längerem bekannt (vgl. z.B. JUNKER & SCHERER 1992). Durch Variationsprozesse wie Regulatormutationen, Aktivierung kryptischer Gene und Strukturveränderungen (z.B. durch Punktmutationen) entstehen dabei Individuen, die sich unter geeigneten Umweltbedingungen besser oder in widrigen Situationen überhaupt erst vermehren können. Eine geschickte Wahl der Mutations- und Selektionsbedingungen kann dabei zu erstaunlichen Resultaten führen (GRANT 1991; BREAKER & JOYCE 1995; CUENOUD & SZOSTAK 1995; PRIJAMBADA et al. 1995; WILSON & SZOSTAK 1995). Ähnliche Beobachtungen brachten DARWIN ja auf den Gedanken, seine Evolutionstheorie zu formulieren.

Postulierte makroevolutive Übergänge sind dagegen Thema zahlreicher Diskussionen. Während viele Biologen behaupten, mikroevolutive Mechanismen würden völlig ausreichen, um auch komplexe Strukturen neu entstehen zu lassen

Mikroevolution: Unter diesem Schlagwort werden alle Evolutionsprozesse zusammengefaßt, die bisher beobachtet wurden. Sie sind (weitgehend) kausal erklärbar und setzen an vorhandenen Strukturen an. Die Populationsbiologie ist bemüht, diese Vorgänge quantitativ auszuwerten.

Makroevolution: Im Gegensatz zu Mikroevolution konnte Makroevolution noch nicht beobachtet werden. Sie hebt sich vor allem dadurch ab, daß sie zu qualitativ neuen, komplizierteren Strukturen und Funktionen führen soll – ohne daß jedoch allgemein definiert wäre, was dies bedeutet.

Manche Evolutionstheoretiker glauben, daß sich Makroevolution durch mikroevolutive Vorgänge verstehen läßt, während andere zusätzliche Prozesse postulieren. Eine fundierte, einheitliche Theorie zur Erklärung makroevolutiver Prozesse liegt nicht vor.

„**Megaevolution**“: Manche makroevolutiven Übergänge sind besonders fundamentaler Natur, da sie zur Entstehung von übergeordneten Strukturen führen sollen (siehe Text).

(z.B. FUTUYMA 1990, 498f.), meinen andere, diese seien nicht in der Lage, eine so große und qualitativ andersartige Menge an biologischer Information zu erzeugen, wie sie in der Natur beobachtet wird (DENTON 1985; SCHERER 1995). Forscher, die den ersten Standpunkt vertreten, sind meist bemüht, nachzuweisen, daß die zu erklärenden evolutiven Neuerungen einen Selektionsvorteil bieten, was aber nur eine notwendige, nicht aber hinreichende Bedingung für eine evolutive Neuheit darstellt. Dagegen argumentieren Forscher, die die andere Ansicht teilen, mit Wahrscheinlichkeiten: Eine für einen Organismus vorteilhafte Struktur muß erst entstehen, bevor sie selektiert werden kann, und bei bekannten Mutationsraten kann man berechnen, wieviele Mutationen in welchem Zeitraum bei wievielen Individuen zu erwarten sind. Solche Rechnungen ergeben für manche neue Enzyme (YOCKEY 1992) oder Stoffwechselwege (SCHERER 1995) so geringe Wahrscheinlichkeiten, daß diese Ereignisse auch in vielen Milliarden Jahren nicht zu erwarten sind.

In dem eingangs zitierten Artikel von SZATHMÁRY & MAYNARD SMITH (1995) wird auf diese Probleme der Sprünge (oder Übergänge) von einem funktionsfähigen Stadium zu einem anders gearteten nicht weiter eingegangen. Statt dessen werden besondere Probleme „mega-evolutiver“¹ Übergänge (= „major evolutionary transitions“) diskutiert. Nach EÖRS SZATHMÁRY und JOHN MAYNARD SMITH sollen in der Natur folgende „mega-evolutiven“ Übergänge stattgefunden haben:

- Von unabhängig replizierenden Molekülen zu Populationen in Kompartimenten
- Von einzelnen selbstreplizierenden Genen zu Chromosomen
- Von RNA als Gen und Enzym in einem Molekül, zu DNA + Enzymen aus Aminosäuren (Ursprung des genetischen Codes)
- Von Prokaryonten zu Eukaryonten mit Zellorganellen
- Von asexuellen Klonen zu sexuellen Populationen
- Von Protisten zu Tieren, Pflanzen und Pilzen (Ursprung der Zelldifferenzierung)
- Von einzeln lebenden Vielzellern zu Kolonien
- Von Primaten-Gesellschaften zu menschlichen durch Spracherwerb

Den meisten dieser Übergänge sind folgende Charakteristika gemeinsam:

- Nach dem Übergang ist keine unabhängige Reproduktion der jeweiligen Vorstufen mehr möglich. Die untergeordnete Einheit (z. B. Gen, Zelle) vermehrt sich nur noch als Teil der jeweils übergeordneten Einheit (z. B. Chromosom, Vielzeller)
- Arbeitsteilung: Durch eine Spezialisierung auf verschiedene Teilaufgaben wird die Effizienz

erhöht (etwa durch verschiedene Zelltypen mit unterschiedlichen Fähigkeiten).

- Die Art der Informationsspeicherung, der Informationsweitergabe und der verwendeten „Sprache“ wird verändert.

SZATHMÁRY und MAYNARD SMITH (1995) gehen wie auch DAWKINS (1976) von dem oben zitierten (FUTUYMA 1990) genzentrierten Ansatz aus. Dieser versucht auch „megaevolutive“ Übergänge mit den gleichen Mechanismen zu erklären, die für Mikroevolution verantwortlich sind. Andere kausal erklärbare Vorgänge sind ja auch nicht bekannt und werden daher vermieden.

Das bedeutet beispielsweise, daß Übergänge nicht mit dem letztendlichen Nutzen erklärt werden können, den sie nach ihrer Vollendung brachten, sondern daß der sofortige Nutzen für die einzelne, sich unabhängig vermehrende Einheit entscheidend ist. Wenn sich etwa ein Retrotransposon („springendes Gen“) unter bestimmten Bedingungen häufiger als das ganze Genom vermehrt, indem es z.B. häufig springt und sich dabei jedesmal kopiert, dann wird es das auch dann tun, wenn es für den Gesamtorganismus schädlich ist.

Probleme

Da SZATHMÁRY und MAYNARD SMITH ihren Beitrag nicht als Zusammenfassung unseres Wissens, sondern mehr als Strategiepapier für die zukünftige Forschung verstehen, werden auch einige Schwächen dieses Ansatzes angesprochen:

- Selektion auf einer tieferen Ebene kann Strukturen zerstören, die auf einer höheren Ebene vorteilhaft und daher erhaltenswert wären.

Beispielsweise befindet sich eine Zelle im Vergleich zu einem ganzen Organismus auf einer tieferen Selektionsebene, weil sie sich normalerweise nicht unabhängig von dem Organismus vermehren kann, zu dem sie gehört. Auf der Organismusebene erlaubt das Prinzip der Selektion das Überleben der Organismen, die am besten an ihre Umwelt angepaßt sind. Auf der Zellebene ermöglicht das gleiche Prinzip ein besonders effizientes Wachstum von Zellen, die auf ihre spezielle Umgebung in diesem Organismus besonders gut angepaßt sind. Solange das der Fitneß des gesamten Organismus (= der höheren Ebene) dient, ist dies kein Problem; doch wenn dies nicht mehr der Fall ist, kann es zu Krebs kommen: Zellen verlieren ihre Wachstumshemmungen und werden für den Gesamtorganismus gefährlich, falls die Tumore, die sie bilden, lebenswichtige Funktionen beeinträchtigen. (Solche Zellen können übrigens unsterblich sein.)

Ein weiteres Beispiel: Ein Gen wird nach den Mendelschen Gesetzen der Vererbung nur dann seine Häufigkeit in einer Population erhöhen können, wenn es die Zelle, die es trägt, erfolgreicher macht – es kann sich ja auch nicht unab-

hängig von der Zelle vermehren. Retrotransposons dagegen können dies. Bevorzugt die Selektion auf Gen-Niveau nun solche unabhängigen Retrotransposons, so könnten diese auf Kosten der Zelle das Genom erobern. Die weitere Evolution der Zelle würde dadurch gestört. Es gibt viele Beispiele für solche intragenomischen Konflikte.

□ Der Ursprung polynukleotidähnlicher Moleküle, die zur Vererbung beliebiger biologischer Information benötigt werden, ist mit vielen Problemen behaftet: Selbst wenn alle nötigen Bausteine in einer „Ursuppe“ vorlägen, behindern sie sich mit ihren Spiegelbildern bei der Kondensation kreuzweise, so daß zwar spiegelbildliche Blöcke gebildet werden, die kovalente Bindung an die wachsende Kette aber unterbleibt. Außerdem trennen sich der als Vorlage dienende alte Strang und der soeben gebildete Strang wegen der vielen Wasserstoffbrückenbindungen zwischen den komplementären Basen kaum. Dies kann bei sehr kurzen Oligonukleotiden vermieden werden, da sich diese durch die geringere Anzahl solcher Bindungen spontan voneinander lösen können. Doch sobald höhere Konzentrationen erreicht werden, finden zwei zusammenpassende Stränge immer leichter zueinander, so daß immer weniger Stränge einzeln vorliegen und sich daher nicht mehr vermehren können. Das resultierende subexponentielle Wachstum führt bei limitierenden Ressourcen zu einem stabilen „survival of everybody“, so daß die evolutive Kraft der Selektion praktisch aufgehoben wird (vgl. SZATHMÁRY & MAYNARD SMITH 1995, 230).

Hypothesen

Zur Lösung verschiedener Probleme werden einige Spekulationen geäußert (s. u.), ohne diese jedoch im praktischen Detail zu diskutieren. Der Artikel endet mit der Aufforderung, einige der folgenden Systeme *de novo* nachzubauen, um mehr über ihren Ursprung zu lernen:

Hypothese: RNA mit Replikasefunktion könnte die erste sich selbst vermehrende Einheit gewesen sein.

Aber: Der Ursprung auch nur eines einzigen RNA-Moleküls auf der Urerde entbehrt bisher jeder experimentellen und theoretischen Basis. O.g. Probleme sind nur die Spitze eines Eisbergs (SHAPIRO 1984; VOLLMERT 1985; SHAPIRO 1987; JOYCE 1989; BINDER 1994).

Hypothese: Der genetische Code könnte sich entwickelt haben, indem Aminosäuren als Coenzyme mit „Trinukleotid-Hanteln“ versehen, an Ribozyme durch Basenpaarung banden. Eine solche „Aminosäure-Hantel“ könnte an verschiedene Ribozyme gebunden haben. Wenn mit jeder neuen Aminosäure die enzymatische Vielfalt gestiegen wäre, hätte sich alles ohne große Gewaltakte entwickeln können.

Glossar

Retrotransposon: Transposons sind DNA-Abschnitte, die sich selbst unter bestimmten Bedingungen von einer Stelle im Genom an eine andere versetzen können („springende Gene“). Retrotransposons tun im wesentlichen das gleiche, benutzen jedoch einen anderen Mechanismus: Eine RNA-Kopie wird von ihnen angefertigt, die daraufhin von einer Reversen Transkriptase wieder in eine DNA-Sequenz umgewandelt wird. Diese wird nun an anderer Stelle in das Genom eingebaut. Mehr dazu im Streiflicht „Retrotransposons beschleunigen Mikroevolution bei Stress“ in dieser Ausgabe.

Polynukleotide: Nukleotide sind die Grundbausteine der Nucleinsäuren *DNA* und *RNA* (Nucleic Acids). Sie bestehen aus einer der vier Basen (Adenin, Thymin (bzw. Uracil in RNA), Cytosin, Guanin) verknüpft mit einem Zucker (Ribose bei *RNA*, Desoxyribose bei *DNA*) und einem Phosphatrest. Werden mehrere Nukleotide entsprechend verknüpft, so entsteht erst ein Oligonukleotid

(wenige Nukleotide), bei größeren Kettenlängen spricht man von Polynukleotiden (viele Nukleotide).

Oligonukleotide: siehe Polynukleotide

Replikasefunktion: Replikasen sind Enzyme (=Proteine), deren Spezialaufgabe es ist, Nucleinsäuren (DNA/RNA) zu kopieren oder ineinander zu überführen.

„Trinukleotid-Hanteln“: Dieses Wort wurde von SZATHMÁRY geprägt und bezeichnet eine Aminosäure, die kovalent mit einem „Griff“ aus drei Nucleotiden (siehe Polynukleotide) verknüpft ist.

Ribozyme: katalytisch wirksame Substanzen („Enzyme“; beschleunigen eine chemische Reaktion), die chemisch gesehen jedoch keine Proteine, sondern Nucleinsäuren (=Polynukleotide; „Ribonucleinsäuren“) sind.

Polymere: lange Ketten aus Monomeren (Einzelbausteinen).

Aber: Dieses Modell ist höchst spekulativ und läßt völlig unklar, wie so etwas im praktischen Detail funktionieren soll. Davon abgesehen ist es nur ein Vorschlag für die Evolution der Zuordnungen des genetischen Codes. Die eigentliche Herausforderung ist aber, zu erklären, wie die Maschinerie, die die Zuordnungen erst ermöglicht und überwacht, nämlich das Ribosom, entstanden ist. Dies hätte nicht ohne Nucleinsäuren und Proteine evolvieren können, da Ribosomen aus beidem bestehen und von Nucleinsäuren kodiert werden.² Wenn die Synthese solcher „Aminosäure-Hanteln“ nicht genetisch kodiert ist, ist sie von äußeren Umständen (der „Ursuppe“) abhängig und damit kaum zu regulieren. Da der genetische Code aber erst noch entstehen soll, wäre eine koordinierte Synthese in der Zelle kaum vorstellbar. Alles in allem ein höchst spekulatives Modell für das „Henne-Ei-Problem“ in ungewohntem Gewand.

Hypothese: Die erste Protozelle könnte ähnlich wie das Chemoton (Abb. 1) ausgesehen haben.

Aber: Dieses Modell trägt wenig zur Erklärung der Herkunft des genetischen Codes bei, wie in Abb.1 näher erläutert, obwohl dies ein Kernproblem ist.

Hypothese: Menschliche Sprache könnte schrittweise mit entsprechenden Genen evolvieren. Beispielsweise gibt es eine Erbkrankheit, die auf ein einzelnes dominantes Gen mit mendelschem

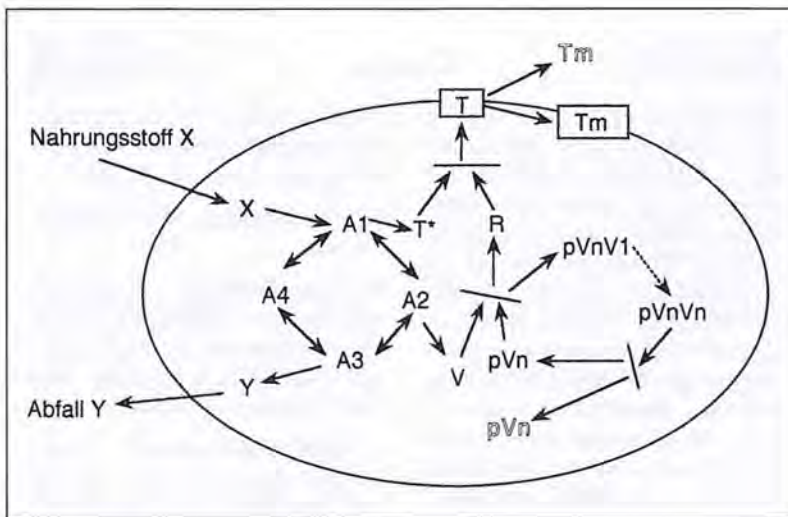


Abb. 1: Das Chemoton. Ein mögliches, spekulatives Modell für eine Protozelle (nach SZATHMÁRY & MAYNARD SMITH 1995). Das metabolische Subsystem mit den Zwischenstufen A1-A4 ist ein autokatalytischer chemischer Zyklus, der den Nahrungstoff X verbraucht und den Abfall Y produziert; pVn ist ein Polymer aus n Molekülen V, welches sich matrizen-gesteuert repliziert; R ist ein Nebenprodukt der (noch) unbekannteren Kondensationsreaktion dieser Replikation, welches gebraucht wird, um T* in T umzuwandeln. T ist das Molekül, aus dem die Membran gebaut wird, Tm repräsentiert eine Bilayer-Membran, die aus m Einheiten des Moleküls T besteht. In der Theorie kann gezeigt werden, daß ein solches System wachsen und sich sogar spontan teilen kann (siehe pVn und Tm). Für einige der durch die Pfeile angedeuteten chemischen Reaktionen bestehen konkrete Vorschläge, insgesamt muß jedoch festgehalten werden, daß niemand weiß, wie das Chemoton funktionieren, geschweige denn technisch realisiert werden soll. Kernprobleme stellen dabei die regulativen Vernetzungen sowie die sich reproduzierenden Polymere dar. Den Ursprung des genetischen Codes kann dieses System nicht erklären, da eine genetische Codierung des gesamten Systems durch das zentrale Polymer nicht gegeben ist.

Erbgang zurückgeht, welche es den Betroffenen unmöglich macht, Plural- und Vergangenheitsformen automatisch zu bilden. Obwohl diese verstanden werden, müssen sie doch alle einzeln gelernt werden. Möglicherweise gelingt es in der Zukunft einmal, die Fähigkeit zur Sprache ebenso auf bestimmte Gene zurückzuführen, wie dies momentan für bestimmte Aspekte der Ontogenese versucht wird (SZATHMÁRY & MAYNARD SMITH 1995).³

Aber: Ob die Entstehung der entsprechenden Gene durch bekannte Variationsprozesse überhaupt zu erwarten ist, liegt bis dahin ebenso völlig im Dunkeln wie die Frage, ob eine solche Entwicklung überhaupt in kleine Schritte aufgelöst werden kann. Es erscheint eher fraglich, daß ein solch hochvernetztes System wie die menschliche Fähigkeit zur Sprache durch mikroevolutive Prozesse entstanden sein kann.

Hier bleibt nur noch anzumerken, daß der Nachbau eines dieser Systeme durch menschliche Intelligenz an sich kein Argument für eine Evolution dieses Systems ist, geht es in der Evolutionslehre doch darum, die Entstehung von Strukturen ohne intelligente Eingriffe zu erklären. Erst wenn beim Nachbauen festgestellt würde, daß alles auch viel einfacher geht, als man je dachte, sogar so einfach, daß

es auch unter plausiblen natürlichen Rahmenbedingungen geschehen könnte, dann wäre dies als Hinweis auf die Möglichkeit einer spontanen Entstehung zu werten.⁴

„Eine zentrale Idee der modernen Biologie ist die der Information. Entwicklungsbiologie kann als das Studium dessen betrachtet werden, wie Information im Genom in eine erwachsene Struktur umgesetzt wird, und Evolutionsbiologie fragt, wie die Information das erste Mal dorthin gelangt ist“ (SZATHMÁRY & MAYNARD SMITH 1995). Doch können wir wissen, wie biologische Information entstehen konnte, solange wir nicht wissen, wie biologische Information quantifiziert werden kann?

Ist es sinnvoll, von „Mega-Evolution“ zu reden?

Die Autoren äußern die Hoffnung, daß die Ähnlichkeit der „mega-evolutiven“ Übergänge es ermöglichen könnte, einmal gewonnene Erklärungen für einen Übergang auch auf die anderen zu übertragen. Was für konstruktive Modelle gelten könnte, könnte jedoch auch für Kritik an diesen Modellen gelten. Jedenfalls sollte geprüft werden, ob grundsätzliche Kritik an Modellen zu einem postulierten „mega-evolutiven“ Übergang sich auch auf die Modelle zu einem anderen Übergang übertragen läßt. Die enormen qualitativen Unterschiede zwischen den einzelnen Übergängen dürften jedoch die Übertragbarkeit von Modellen und ihrer Kritik erheblich einschränken.

Zweifelsohne kommt den beschriebenen evolutiven Übergängen eine besondere qualitative Bedeutung zu. Inwiefern es sich bewährt, Makro- und „Mega-Evolution“ zu trennen, bleibt abzuwarten. „Mega-evolutive“ Übergänge sind sicher mit einigen Arten von Problemen behaftet, die bei makroevolutiven Übergängen nicht vorkommen. Eines haben Makro- und Mega-Evolution jedoch gemeinsam: Beiden fehlt bisher eine plausible Erklärung dafür, wie die neuen, zu selektierenden Strukturen überhaupt erst einmal entstanden sein sollen, bzw. woher die dafür nötige biologische Information nun im Detail gekommen sein könnte. An dem Grundpostulat von zufälligen Mutationen, die in langen Zeiträumen alles Entscheidende schaffen, ändern auch die von SZATHMÁRY und MAYNARD SMITH eingebrachten Überlegungen nichts. Obwohl ein paar Vorstellungen dazu geäußert wurden, wurden sie jedoch nirgendwo an einem konkreten Beispiel zu Ende argumentiert. Darin unterscheidet sich dieser Artikel nicht von vielen anderen bisher zum Thema erschienenen evolutionstheoretischen Arbeiten.

Literatur

- BINDER H (1994) Ribozyme und die Entstehung des Lebens. *Studium Integrale Journal 1*, 35.
- BREAKER RR & JOYCE GF (1995) Self-Incorporation of Coenzymes by Ribozymes. *Journal of Molecular Evolution 40*, 551-558.
- CUENOUD B & SZOSTAK JW (1995) A DNA metalloenzyme with DNA ligase activity. *Nature 375*, 611-614.
- DAWKINS R (1976) *The Selfish Gene*. Oxford, Oxford University Press.
- DENTON M (1985) *Evolution: A Theory in crisis*. London, Burnett Books.
- FUTUYMA DJ (1990) *Evolutionsbiologie*. Basel: Birkhäuser.
- GRANT PR (1991) Aktuelle Selektion bei Darwinfinken. *Spektrum der Wissenschaft (12)*, 64-72.
- JOYCE GF (1989) RNA evolution and the origins of life. *Nature 338*, 217-224.
- JUNKER R & SCHERER S (1992) Entstehung und Geschichte der Lebewesen. Daten und Deutungen für den Biologieunterricht. Gießen, Weyel Lehrmittelverlag.
- PRIJAMBADA ID, NEGORO S, YOMO T & URABE I (1995) Emergence of Nylon Oligomer Degradation Enzymes in *Pseudomonas aeruginosa* PAO through Experimental Evolution. *Applied and Environmental Microbiology 61*, 2020-2022.
- SCHERER S (1995) Höherentwicklung bei Bakterien: Ist ein molekularer Mechanismus bekannt? In: MEY J, SCHMIDT R & ZIBULLA S (Hg) *Streitfall Evolution*. Stuttgart, Wissenschaftliche Verlagsgesellschaft, S. 85-104.
- SCHERER S (1996) Persönliche Mitteilung.
- SHAPIRO R (1984) The Improbability of Prebiotic Nucleic Acid Synthesis. *Origins of Life 14*, 565-570.
- SHAPIRO R (1987) *Schöpfung und Zufall*. München, C. Bertelsmann Verlag.

- SZATHMÁRY E & MAYNARD SMITH J (1995) The major evolutionary transitions. *Nature 374*, 227-232.
- VOLLMERT B (1985) *Das Molekül und das Leben – Vom makromolekularen Ursprung des Lebens und der Arten: Was Darwin nicht wissen konnte und Darwinisten nicht wissen wollen*. Reinbek bei Hamburg, Rowohlt.
- WILSON C & SZOSTAK JW (1995) In vitro evolution of a self-alkylating ribozyme. *Nature 374*, 777-782.
- YOCKEY HP (1992) *Information theory and molecular biology*. Cambridge, Cambridge University Press.

Anmerkungen

- ¹ Dieses Wort wurde nicht von den Autoren gebraucht. Es wird hier nur eingeführt, um den qualitativen Unterschied zu Makroevolution hervorzuheben.
- ² Ein praktischer Vergleich aus dem Computeralltag kann hier von Nutzen sein: Um die Buchstaben dieses Textes zu speichern, wird der sogenannte ASCII-Code verwendet. „A“ ist „65“, „B“ ist „66“, „C“ ist „67“ usw. Der zufällige Ursprung des genetischen Codes bedeutet nun nicht nur, daß solche ZAHLEN und ihre Zuordnung zu einzelnen Buchstaben von selbst entstehen, sondern daß auch das PROGRAMM, das diese Übersetzung vornimmt, bitweise durch Veränderung von irgendwelchen Zahlen entsteht.
- ³ Über die ethischen Aspekte dieser wahrscheinlich nur im „Menschenversuch“ zu erforschenden Fragestellung wurde von SZATHMÁRY & MAYNARD SMITH (1995) nichts gesagt. Möglicherweise muß man hoffen, daß diese interessanten Zusammenhänge nie genau erforscht werden.
- ⁴ Damit ist jedoch immer noch nichts über eine historische Realität ausgesagt worden.