

Evolutionstheorie

Vergleich des Evolutions- mit dem Schöpfungsmodell

Bioinformatik: Proseminar (Hirschelmann)

Peter Schütt

Am Heidkamp 88

5090 Leverkusen 3

02171/81059

4. Semester

SS 1987 *

*überarbeitet (mit L^AT_EX) 3. Januar 1995

Inhaltsverzeichnis

1	Geschichte und Herkunft der Evolutions- und der Schöpfungstheorie	2
1.1	Herkunft beider Modelle	2
1.2	Kurzübersicht beider Modelle	3
2	Allgemeine Begriffe der Evolution	4
3	Kausale Evolutionsforschung	4
3.1	Synthetische Evolutionstheorie	5
3.2	Möglichkeiten und Grenzen des Mutationsgeschehens	7
3.3	Selektion	8
	Stabilisierende Selektion	8
	Transformierende Selektion	9
	Disruptive Selektion	9
3.4	Evolution in der Bakterienwelt	9
3.5	Züchtung als Evolutionsbeispiel ?	10
3.6	Beispiele	10
	Silber- und Heringsmöwe	10
	Schwarzer Schwertträger	11
3.7	Andere Evolutionsmodelle	12
4	Wahrscheinlichkeiten im molekularbiologischen Bereich	12
5	Historische Evolutionsforschung	14
5.1	Ähnlichkeiten	14
5.2	Molekülstammbäume	14
5.3	Rudimente	14
5.4	Geologie	16
	Messung des Erdalters durch Zerfallszeiten von Isotopen	16
5.5	Paläontologie	16
	Entstehung von Fossilschichten	16
	Problem der Zwischenglieder (missing links)	17
	Entwicklung des Menschen	17
6	Zusammenfassung	18

1 Geschichte und Herkunft der Evolutions- und der Schöpfungstheorie

1.1 Herkunft beider Modelle

Evolutionmodell

Die Geschichte des Evolutionsgedanken ist erheblich älter als DARWIN. Verschiedene griechische und babylonische Philosophen vertraten schon die Meinung, daß das Leben sich entwickelt habe. Einige glaubten an ein Überleben der Tüchtigsten. Diese Vorstellungen waren zum Teil von vorderasiatischen Mythen beeinflusst und waren natürlich nur rein philosophischer Natur und hatten keinen wissenschaftlichen Hintergrund. In der Renaissance, mit Aufkommen der modernen Wissenschaften, kam der Evolutionsgedanke wieder auf. Er wurde anfangs hauptsächlich von Philosophen vertreten (z.B. HEGEL, KANT, u.v.a.). Das erste umfassende Evolutionsmodell wurde von DE LAMARCK aufgestellt. Es sagt u.a. aus, daß erworbene (erlernte) Eigenschaften weitervererbt werden. Im Zeitraum bis ca. 1850 erschienen weitere Schriften zur Evolution. 1859 veröffentlichte DARWIN sein Werk: „Über die Entstehung der Arten durch natürliche Zuchtwahl“. Er hatte über zwanzig Jahre daran gearbeitet. Die wichtigsten Impulse erhielt er auf der fünfjährigen Weltreise mit der „H.M.S. BEAGLE“, wo er bekanntlich auch auf den Galapagos-Inseln war. Maßgeblich beeinflusst wurde DARWIN auch vom *Aktualismus*, der besagt, daß die heute wirksamen Kräfte und ablaufenden Erscheinungen *den alleinigen Schlüssel* zum Verständnis der Vorgänge in der Vergangenheit bilden. Dadurch entstanden die hypothetischen, langen Zeiträume zum Evolutionsmodell. Der Erfolg seiner Arbeit liegt zum einen darin, daß das evolutionäre Denken in das Fortschrittsdenken der Aufklärungszeit hineinpaßte, und zum andern, daß er Beispiele und Fakten für seine Hypothesen darlegen konnte. Allerdings folgt aus den von ihm vorgelegten Tatsachen nicht zwingend, daß sein Evolutionsmodell wirklich so stattgefunden hat.

Schöpfungsmodell

Das Schöpfungsmodell hat ganz klar biblischen Hintergrund: Ein Schöpfer hat eine Reihe von **Grundtypen** auf einmal geschaffen und diese variierten dann im Laufe der Zeit innerhalb bestimmter Bandbreiten. Ein wichtiges Element dabei ist das Alter der Erde, ca. 6000 Jahre, und eine weltweite Katastrophe, die **Sintflut**, vor ca. 4500 Jahren, welche zur Entstehung der meisten Fossilien führte (siehe Bibel, 1. Buch Mose, Kapitel 6-8).

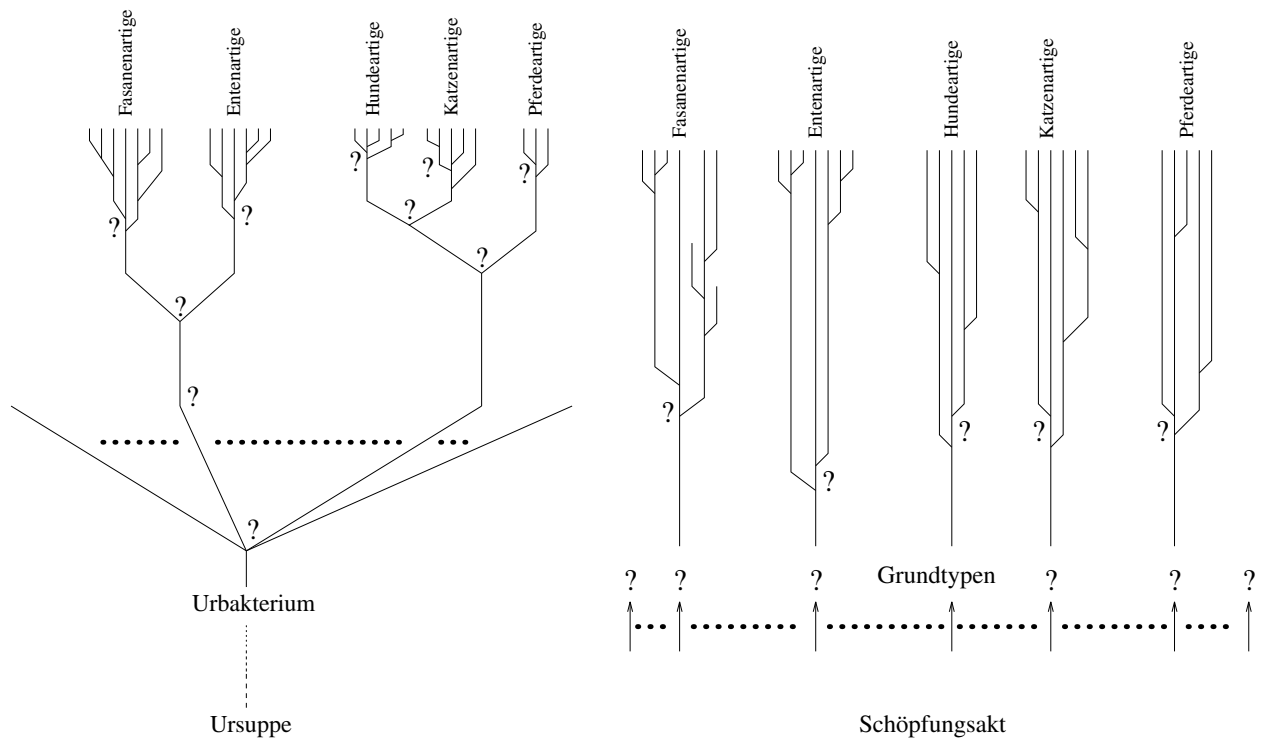


Abbildung 1: links: Evolutionsmodell rechts: Schöpfungsmodell

1.2 Kurzübersicht beider Modelle

Evolutionsmodell:

(Abb. 1, links) Aus nicht lebendem Material („Ursuppe“) entstand eine Urzelle, aus dieser Urzelle entstanden weitere Zellen, daraus durch Weiterentwicklung höhere Wesen, usw. Der Mensch ist „nur“ eine Tierart. Die Artenübergänge sind dabei eine große Lücke in diesem Modell.

Schöpfungsmodell:

(Abb. 1, rechts) Der Gott, den die Bibel beschreibt, schuf innerhalb kurzer Zeit (wenige Tage) eine Reihe von Grundtypen, von denen alle Lebewesen abstammen. Über mögliche Grundtypen weiß man noch nicht viel. Da diese Grundtypen jedoch perfekt („Ein jedes nach seiner Art“, 1. Mose 1,11.12.21.24.25) geschaffen wurden, hatte Inzucht am Anfang keine negativen Folgen. Der Mensch ist gegenüber Tierarten etwas besonderes. Durch eine weltweite Katastrophe (Sintflut) gab es einen Einschnitt in der Weltgeschichte, wobei viele Lebewesen umkamen und die meisten Fossilien entstanden.

In dieser Arbeit ist ein Vergleich beider Modelle mit naturwissenschaftlichen Methoden angestrebt.

2 Allgemeine Begriffe der Evolution

Mikroevolution:

Evolution innerhalb vorgegebener Organisationsmerkmale; *quantitative* Veränderung bereits vorhandener Organe, Strukturen, Merkmale oder Baupläne, also nur *Veränderung* genetischen Materials

Makroevolution:

Entstehung neuer, bisher nicht vorhandener Organe, Strukturen, Merkmale oder Baupläne; damit verbunden ist auch die Entstehung *qualitativ neuen* genetischen Materials. In diesem Sinne wird hier auch der Begriff **Höherentwicklung (Anagenese)** benutzt.

Homologie:

Homologie ist die Gleichwertigkeit von Strukturen im Bauplan verschiedener Arten (Der Homologie-Begriff wurde von dem Anatomen RICHARD OWEN eingeführt. Er war ein Anhänger des Schöpfungsmodells.).

Analogie:

Strukturen mit verschiedenem Grundbauplan, die dieselbe Funktion erfüllen

Konvergenz:

Vermutete, unabhängige Entwicklung ähnlicher Strukturen in verschiedenen Entwicklungslinien

Ontogenese:

Individualentwicklung vom befruchteten Ei an

Generationszeit:

Durchschnittliche Zeit von der Entstehung des Organismus' bis zum mittleren Nachkommen

3 Kausale Evolutionsforschung

Folgende Fragen sind in der Aufgabenstellung der kausalen Evolutionsforschung zu beantworten:

- Weshalb läuft Evolution ab ?
- Welche Faktoren bewirken eine Evolution, welche Mechanismen liegen zugrunde ?
- Welche Wirkungen haben die gefundenen Evolutionsfaktoren ?
- Welches Ausmaß an Veränderungen einer beliebigen Art ist durch die gefundenen Evolutionsfaktoren nachgewiesen bzw. nachweisbar ?

3.1 Synthetische Evolutionstheorie

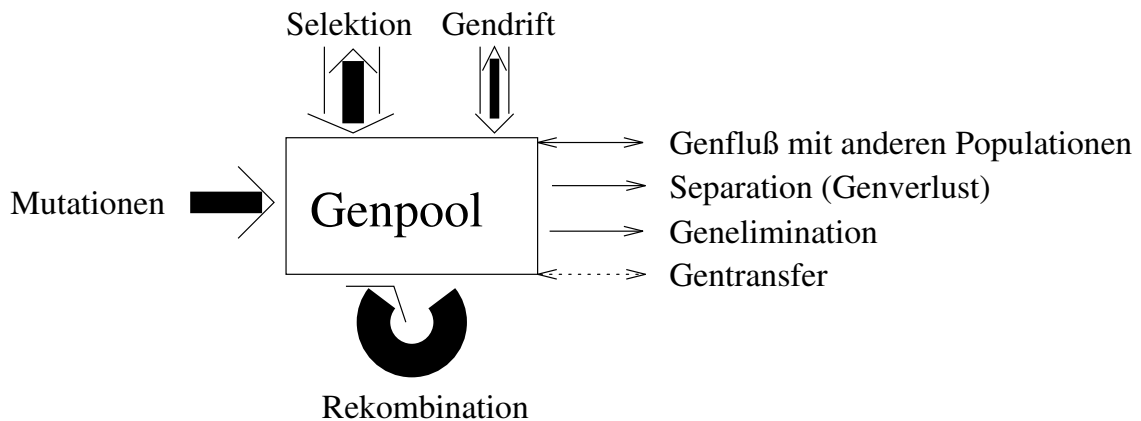


Abbildung 2: Genpool-Modell

Genpool:

Die komplette Population wird als eine Ansammlung von Genen in verschiedenen Allelen (Zustand des Gens) betrachtet.

Evolution betrifft den kompletten Genpool; also verändert sich über einen längeren Zeitraum die gesamte Population.

Mutation:

Der Genpool wird bereichert durch Mutationen. Dies sind sprunghafte Veränderungen des Erbguts, entweder geringfügig (andere Farbe bei Zuchttieren) oder größere Mutationen (Kalb mit 5 Beinen). Die meisten Mutationen sind für eine Art schädlich (z.B. Verlust der Tarnfarbe.).

Individuen mit Mutationen nennt man **Mutanten**.

Rekombination: Es gibt zwei Arten von Rekombination:

1. Bei der Befruchtung werden die Erbanlagen der Eltern bei den Nachkommen auf unterschiedliche Weise miteinander kombiniert.
2. **Crossing-Over:** Bei vielen Arten teilt sich eine produzierte Samenzelle noch ein paar-mal (beim Menschen zweimal) und dabei kann es zu Chromosomenbrüchen und Überkreuzheilungen kommen, so daß einzelne Stränge zwischen den neuen Zellen ausgetauscht werden und so bei einer Zelle ein Chromosomenabschnitt fehlt und dafür ein anderer doppelt vorkommt.

Durch Rekombination entsteht *kein* neues Erbmateriale im Genpool, sondern vorhandenes wird nur neu miteinander kombiniert.

Durch Mutationen und Rekombinationen entsteht nun in zufälliger Weise die Vielfalt in einem Genpool. Diese Veränderungen sind ungerichtet.

Selektion:

Dies ist die positive oder negative Bewertung einzelner Allelstellungen im Genpool durch die Umwelt. Diese Bewertung hat einen unterschiedlichen Fortpflanzungserfolg zur Folge und führt damit zur Elimination negativ oder nicht optimal bewerteter Allelstellungen.

Selektion muß nicht unbedingt eine Optimierung der Anpassung für eine Population zur Folge haben, da sich die Umweltverhältnisse ändern können. Ferner dürfen mögliche evolutive Zwischenformen keine selektionswirksamen Nachteile gegenüber der Urform haben, da sie sonst durch Selektion wieder eliminiert würden.

Weitere Faktoren:

Gendrift:

Zufällige, nicht durch Selektion erzeugte, Veränderungen in der Zusammensetzung des Genpools; z.B., wenn eine Kokosnuß auf eine neue Insel getrieben wird. Dort würde sich eine Population bilden, die erheblich ärmer an Allelen der Gene als die ursprüngliche ist.

Anderes Beispiel: Durch eine Katastrophe überleben nur wenige Individuen.

Gendrift führt zu einer Verarmung des Genpools.

Genfluß:

Austausch von Genmaterial zwischen Populationen. (Beispiel: Siehe Abschnitt 3.6)

Separation:

Durch räumliche Trennung wird eine Population geteilt. Die zwei Teilpopulationen entwickeln sich unterschiedlich weiter. Das kann zur **Isolation** beider Populationen führen, welche sich dann nicht mehr mischen; es findet kein Genfluß mehr statt.

Genelimination:

Manche Allele eines Gens verschwinden einfach dadurch, daß sie durch Zufall nicht weitervererbt werden.

Gentransfer:

Es gibt seltene Fälle, wo zwischen artfremden Populationen Genmaterial übertragen wird. Dies kann z.B. durch Viren geschehen, die Bruchstücke von einer Wirts-DNS durch einen Fehler beim Übergang in den virulenten Zyklus übernehmen und in einen neuen Wirt übertra-

gen. Dieser Fall tritt sehr selten auf, da normalerweise Viren nur auf bestimmte Wirtstypen spezialisiert sind.

3.2 Möglichkeiten und Grenzen des Mutationsgeschehens

Zu welchen Ergebnissen kommt man aufgrund empirischer Ergebnisse der Mutationsforschung ?

Wenn nur empirische Ergebnisse betrachtet werden, geht die Mutation *nicht* über Mikroevolution hinaus. Mit andern Worten: Makroevolutive Veränderungen an einer Art sind durch Experimente bisher nicht nachgewiesen worden.

Ein Beispiel dafür ist die seit ca. 80 Jahren intensiv erforschte **Drosophila** (eine kleine Fruchtfliege). Von Drosophila wurden im Labor unter unterschiedlichsten Bedingungen eine Unzahl von Rassen durch Mutation erzeugt. Fast alle entstandenen Mutationen waren schädlich für das Tier (z.B. Blindheit, Verlust der Flugfähigkeit). Es entstand aber immer nur Degenerierung, Duplizierung, Modifizierung oder Eliminierung von Organen (z.B. Flügeln) oder Merkmalen (z.B. Färbung). Es gab aber keine makroevolutiven Veränderungen (z.B. ein ganz neues Organ) im Vergleich zur Urform.

Weitere Beispiele sind Zuchttiere, Haustiere, Bakterien (siehe Abschnitt 3.4), usw.

Ist durch Aufsummierung von mikroevolutiver Veränderungen Makroevolution möglich ?

Notwendig sind hierzu **Differenzierungsmutationen**. Das bedeutet, daß ein Ausgangsgewebe im Laufe vieler mikroevolutiver Veränderungen sich erheblich vom ursprünglichen unterscheidet.

Den umgekehrten Fall gibt es in der Natur: Z.B. wird bei einer Zuchtrose der Kelch zu einem zweiten Blütenkranz umgewandelt, also **Entdifferenzierung** zwischen Kelch und Blüte.

Eine Differenzierungsmutation ist jedoch bisher weder experimentell nachgewiesen noch beobachtet worden.

Die Problematik liegt darin, daß solche Aufsummierungen von mikroevolutiven Veränderungen sehr lange dauern können und so vielleicht nicht experimentell nachvollziehbar sind.

Dieses Problem kann man dadurch umgehen, indem man Bakterien als Versuchsobjekte nimmt, da viele Bakterienarten nur eine sehr kurze Generationszeit (tlw. bei 15 min) haben.

Dazu ein Rechenbeispiel: Gemäß klassischer evolutionistischer Datierung trat der Homo sa-

piens vor ca. 1.000.000 Jahren zum ersten Mal auf. Das erste Auftreten von Australopithecen wird auf vor ca. 4.000.000 Jahre in der klassischen Chronologie datiert. Das ergibt eine Entwicklungszeit von 3.000.000 Jahre von einem affenähnlichen Wesen zum heutigen Menschen hin. Bei einer Generationszeit von 16 Jahren ergäben sich für diesen Zeitraum 187.500 Generationen. Bei einer Generationszeit von 10 Jahren wären es 300.000 Generationen, bei einer Generationszeit von 5 Jahren 600.000 Generationen.

Ein Bakterium mit einer Generationszeit von 30 min (manche haben wie schon erwähnt eine noch kürzere Generationszeit) bringt es im Jahr auf 17.520 Generationen. Da man schon seit über 30 Jahren kontrolliert Bakterien mit einer solchen Generationszeit im Labor züchtet (z.B. *E. coli*), mit allen möglichen Tricks und Experimenten, kommt man auf mindestens 525600 ($= 30 \cdot 17.520$) Generationen einer Bakterienart. Solche erheblichen makroevolutiven Veränderungen, wie sie bei einer Entwicklung vom Australopithecus zum heutigen Menschen notwendig sind, wurden bei Bakterien bisher *nicht* beobachtet.

Man muß sich fragen, welche Umwelteinflüsse in dieser Zeit in der angenommenen menschlichen Entwicklung solche Veränderungen hervorgerufen haben sollen, wenn eine makroevolutive Weiterentwicklung von Bakterien im Labor unter allen möglichen Bedingungen nicht beobachtet werden konnte.

Da bisher nichts anderes bewiesen wurde, muß angenommen werden, daß Mutationen auch über *lange Zeit* nur mikroevolutive Veränderungen hervorrufen. Eine Aufsummierung von mikroevolutiven Veränderungen könnte man also mit einem *Grenzwertprozeß* vergleichen, bei dem der Grenzwert innerhalb der Bandbreite der Mikroevolution liegt.

3.3 Selektion

Man unterscheidet drei Arten von Selektion: **stabilisierende**, **transformierende (dynamische)** und **disruptive** Selektion.

Stabilisierende Selektion

Ein Merkmal ist der Umwelt optimal angepaßt, Veränderungen dieses Merkmals führen zu Nachteilen, also werden diese von der Selektion eliminiert (z.B. Tarnfarbe eines Tieres).

Transformierende Selektion

Ein Merkmal muß einseitig verändert werden, um den Anforderungen der Umwelt optimal zu genügen, also einseitiger Selektionsdruck (z.B. Farbe einer Tierpopulation ist zu hell (Tarnfarbe)).

Disruptive Selektion

Ein Merkmal muß in eine von zwei Richtungen verändert werden, um den Anforderungen der Umwelt zu genügen, also mehrfacher Selektionsdruck (sehr selten; z.B. Farbe einer Population muß heller oder dunkler werden, weil die Tarnung zur Zeit zu schlecht ist. So bilden sich verschiedene Rassen, da der Selektionsdruck in beide Richtungen hin wirkt.).

3.4 Evolution in der Bakterienwelt

Bakterien sind dankbare Objekte für Evolutionsexperimente, da die Generationszeit in den meisten Fällen sehr kurz ist (bei manchen Spezies unter 30 min, siehe Seite 7).

Interessant ist nun, wie sich ein Bakterienstamm verändern kann. Man denke z.B. an die Resistenz vieler Bakterien gegen verschiedene Medikamente.

1. Laborversuche haben gezeigt, daß **resistente** Bakterien schon vor der Anwendung des Medikaments existierten. Selbstverständlich überleben nur die resistenten Arten. Dies ist im Sinne des Evolutionsmodell.
2. **Rückmutationen** treten in solchen und anderen Fällen sehr häufig auf. Z.B.: *Lactobacillus casei* benötigt 12 Aminosäuren und 4 Vitamine (Polyauxotrophie). Durch die schrittweise Auslösung von Mutationen entstand ein Mutant, der noch 5 Aminosäuren und 1 Vitamin zum Fortbestehen benötigte. Nach Wegfall der Selektionsfaktoren mutierte er nach einigen Generationen zur ursprünglichen 16-fachen Bedürftigkeit zurück.
3. **Genduplikationen** sind ebenfalls sehr instabil, können jedoch aufgrund des Selektionsdrucks Nutzen haben (z.B. wenn ein Enzym beschädigt ist und nur die Hälfte der vorgesehenen Leistung bringt, dann kann das Duplikat u.U. zur Rettung des Individuums beitragen). Bei Wegfall dieses Selektionsdrucks erfolgt häufig Rückmutation. Wenn durch eine Genduplikation ein Gen doppelt vorkommt, dann soll das „überflüssige“ beliebig mutieren können (**Spielwiese der Evolution**) und so durch Übernahme einer neuen Funktion eine Höherentwicklung einleiten. Dies ist einleuchtend aber rein

hypothetisch und konnte bisher nicht nachgewiesen werden. Es gibt jedoch Fälle, wo dies der Fall gewesen sein könnte (siehe Abschnitt 5.2).

4. Der **Genaustausch über Plasmide** findet nur innerhalb einer **Klasse (Kartierung)** statt und ist somit in seiner Auswirkung begrenzt. Für den **Genaustausch mittels Phagen** gilt dies ebenso.
5. Durch **Aufnahme von Phagen** (Viren) kann *kurzfristig* rein optisch ein ganz anderer Organismus entstehen. Z.B. verändert *Azobacter vinelandii* nach Aufnahme des Phagen A21 (bei nicht virulentem Zyklus) vollkommen sein Aussehen. Er bekommt Geißeln, seine Zellhülle verändert sich, seine Pigmentierung, etc. Bei einer Zellteilung kann es vorkommen, daß ein Nachkomme den Phagen verliert. Dieser Nachkomme sieht dann wieder *vollkommen normal* aus. Der andere bleibt verändert. Hier findet also keine Entwicklung statt.

3.5 Züchtung als Evolutionsbeispiel ?

1. Züchtung ist Auswahl nach menschlichen Gesichtspunkten.
2. Bei Zuchtobjekten wird nur nach wenigen Merkmalen hin optimiert. In der Natur müssen *alle* Merkmale optimal oder wenigstens nicht nachteilig sein, sonst eliminiert der Selektionsdruck diese Individuen.
3. Bei hochgezüchteten Populationen verarmt der Genpool; dadurch werden die Individuen empfindlicher und krankheitsanfälliger. Bei einer angenommenen Makroevolution müßte der Genpool bereichert werden und nicht verarmen.
4. Bei einer **Polyploidisierung** (Vermehrung der Chromosomensätze) entsteht eine neue Art. Diese Art ist mit den ursprünglichen Arten meist nicht mehr kreuzbar. Allerdings wurden hier keine neuen Strukturen geschaffen, sondern nur schon vorhandene vervielfältigt und neu kombiniert.

3.6 Beispiele

Silber- und Heringsmöwe

Die britische Silbermöwe und die britische Heringsmöwe bastardieren nur sehr selten miteinander. Der Genfluß ist aber über Umwege möglich, da sie mit benachbarten Möwenrassen

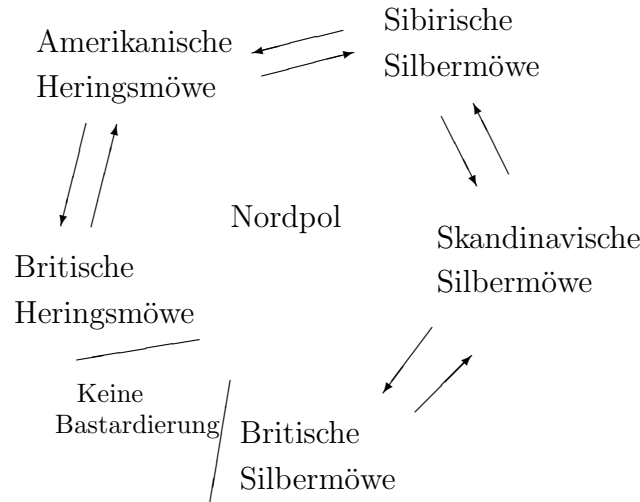


Abbildung 3: Silber- und Heringsmöwenarten verteilen sich um den ganzen Polarkreis

bastardieren (siehe Abb. 3). Dieses Phänomen tritt auch bei anderen Arten auf und könnte als Indiz für eine mögliche Aufsummierung von mikroevolutiven Veränderungen zu einer makroevolutiven gewertet werden. Global gesehen kann man sie aber als Rassen einer Art werten, da die Unterschiede von der britischen Silbermöwe zur britischen Heringsmöwe immer noch im mikroevolutiven Bereich liegen.

Schwarzer Schwerträger

Ein anderes Phänomen gibt es bei den Schwerträgern (*Xiphophorus helleri*). Dort gibt eine Zuchtform (schwarz), bei der sich Männchen und Weibchen *nicht miteinander* fortpflanzen können, weil die Nachkommen von den für die schwarze Farbe verantwortlichen Pigmenten Krebs bekommen und eingehen. Diese Zuchtform kann man nur vermehren, wenn man sie mit roten oder grünen Schwerträgern kreuzt. Dabei kommt ein bestimmter Prozentsatz schwarzer Schwerträger mit heraus.

Die Schlußfolgerungen, die man aus diesen und anderen Beispielen ziehen kann, sind nicht eindeutig. Man kann nicht zwingend folgern, daß, bei nicht mehr möglicher Bastardierung von Rassen oder Unterarten einer Art, eine neue Art (oder sogar Makroevolution) vorliegt. Diese nicht mehr mögliche Bastardierung kann ähnliche Ursachen wie bei den schwarzen Schwerträgern haben (Durch ungünstige Genallelstellungen sind die Bastarde nicht mehr lebensfähig). Niemand würde in diesem Fall behaupten, daß schwarze Schwerträgermännchen und –weibchen verschiedene Arten sind oder sich makroevolutiv auseinanderentwickelt haben.

Bernsteinsäure mit NADH_2 aus Fumarsäure hydriert, wird dann weiterverwendet oder ausgeschieden.

Die Hypothese ist nun, daß die Bakterien die Ursuppe „ausgelöffelt“ haben, „Hunger“ leiden und neue Energiequellen erschließen müssen.

Dazu wäre es ein wichtiger Selektionsvorteil, wenn ein Organismus die bisherigen Abbauprodukte in Energie umsetzen könnten. Ein Modell einer Weiterentwicklung (Abb. 4, B) könnte sein, daß noch vorhandene Zucker aufgenommen werden und über die Glykolyse zerlegt werden. Die Fumarsäure wird nun mit einem anderem Enzymsystem in Bernsteinsäure umgesetzt. Die Protonen dazu kommen aus dem Cytoplasma und die Elektronen von einem neuen Enzymsystem an der Membranaußenseite, das Ameisensäure in CO_2 , Protonen und Elektronen spaltet. Die Freisetzung von Protonen außerhalb der Zelle führt dazu, daß ein Protonengradient entsteht, durch den mit einer ATP-Synthase ATP synthetisiert werden kann.

Die Mutationen, durch die der beschriebene Umbau erfolgen könnte, müssen gleichzeitig auftreten, da eine einzelne Mutation keinen Nutzen für den Organismus hat und daher durch Selektion wieder verschwinden würde. In Experimenten wurde festgestellt, daß nicht genutzte Gene in geologisch extrem kurzer Zeit verloren gehen; außerdem würde durch ein sequentielles Auftreten der Mutationen, wenn kein Selektionsvorteil besteht, die Wahrscheinlichkeit noch weiter verringert werden.

Bei einer Mutationsrate von 10^{-5} und sonst optimistischen Schätzungen kann man 17 Mutationen (Einzelheiten, siehe [1], Seite 73) annehmen, damit der oben beschriebene Umbau realisiert wird. Dann würde das Bakterium mit einer Wahrscheinlichkeit von 10^{-85} auftreten. Wenn alle Urozeane voll mit diesem Bakterium wären, dann würde es über einen Zeitraum von 1 Milliarden Jahre insgesamt 10^{45} Individuen geben. Die Wahrscheinlichkeit läge also bei 10^{-40} (Die Chance, ein Staubkorn mit 1 mm^3 in einer Kugel mit Erdvolumen zufällig zu finden, liegt bei 10^{-32}). Nach der ersten Mutation, bei 10^{45} Individuen, gibt es 10^{40} passende Individuen, nach der zweiten 10^{35} , usw. Man muß sich immer vor Augen halten, daß eine solche einzelne Mutation nicht mit einem Selektionsvorteil verbunden ist, da nur die Struktur als ganzes vorteilhaft ist. Weiter muß man sich klarmachen, daß es sich hier nur um eine einzelne, kleine Struktur handelt. Bei größeren nimmt die Entstehungswahrscheinlichkeit noch viel mehr ab.

Solche Probleme treten beim Schöpfungsmodell natürlich nicht auf.

5 Historische Evolutionsforschung

- fragt nach Belegen des Evolutionsmodells.
- versucht stammesgeschichtliche Entwicklungswege zu konstruieren.

Grundsätzlich: Beweise gibt es nicht, da die Weiterentwicklung einer Art experimentell nicht nachvollzogen werden kann.

5.1 Ähnlichkeiten

Ähnlichkeiten (**Homologien**) treten so oft auf, daß sie kein Zufall sein können. Das Schöpfungsmodell und das Evolutionsmodell sind hier gleichwertig, da Homologien einerseits auf gleiche Abstammung andererseits auf denselben Konstrukteur hinweisen (siehe Begriffserklärungen in Abschnitt 2).

Der Begriff **Konvergenz** ist ein theoretischer Begriff, der bisher experimentell nicht belegt ist. Ebenso sagt eine **Analogie** nichts über ihre Entstehung aus.

5.2 Molekülstammbäume

Ein Molekülstammbaum wird mit Hilfe der Unterschiede bei einem Protein, das bei vielen Arten vorkommt, erstellt. Je ähnlicher sich zwei Proteine sind, um so näher miteinander verwandt werden die Arten eingestuft. Hierbei ist es wichtig zu sehen, daß zu viele Widersprüche auftreten. Die Proteinstammbäume werden anhand des Evolutionsmodells bewertet und nicht damit übereinstimmende werden nicht beachtet. Z.B. stimmt das in der Schule häufig als Standardbeispiel behandelte Cytochrom c bei Tieren mit dem Evolutionsmodell überein. Dagegen stimmt Ferredoxin bei Pflanzen überhaupt nicht mit dem Evolutionsmodell überein.

Ähnlich ist es mit Proteinstammbäumen von Proteinen aus einem Organismus, z.B. beim Menschen Trypsin, Chymotrypsin. Dies sind zwei proteinespaltende, ähnliche Enzyme. Die Homologie dieser zwei Enzyme kann jedoch auch einfach die ähnliche Anwendung als Ursache haben. (angenommene Entstehungsursache: Crossing-Over, siehe Abschnitt 2)

Solche Stammbäume bilden also keine Belege für ein mögliches Evolutionsmodell.

5.3 Rudimente

Rudimente sind sogenannte funktionslose Körperteile, die im Laufe der Entwicklung verkümmert

sind. Dies bedeutet natürlich keine Höherentwicklung und widerspricht eigentlich dem Prinzip der Evolution, daß vorteilhafte Merkmale bevorzugt werden und alle anderen im Laufe der Zeit verschwinden.

Fast alle sogenannten rudimentären Strukturen haben eine Funktion und deswegen ist es fraglich, ob es sich hier um „übriggebliebene“ Strukturen handelt (z.B. Wurmfortsatz, inzwischen als Rudiment widerlegt; er wehrt verschiedene Krankheitserreger ab.). Solche sogenannten Rudimente treten sehr häufig auf, welches man natürlich als Indizien für Abstammungen auffassen kann. Viele Funktionen sind aber auch noch nicht entdeckt worden und deshalb kann man solche Rudimente *nicht* als Beweise werten.

Ferner besteht auch die Möglichkeit, daß durch mikroevolutive Veränderungen Strukturen zurückgebildet wurden (z.B. Weisheitszähne beim Menschen). Man muß bedenken, daß eine *Degeneration* einer Struktur relativ häufig vorkommt, eine *Neuentstehung* aber bisher nicht entdeckt wurde und das Evolutionsmodell auf der angenommenen Neuentstehung von Strukturen basiert.

Atavismen:

Hiermit sind angenommene, gelegentliche „Rückschläge“ bei einzelnen Individuen auf stammesgeschichtliche Vorfahren gemeint.

Ein Beispiel dafür ist ein hin und wieder auftretender „Schwanz“ beim Menschen (bei manchen Neugeborenen bis zu 20 cm lang.) Dieses Beispiel gilt allgemein als widerlegt, da dieser Schwanz nicht mit einem Schwanz, wie er in der Tierwelt vorkommt, vergleichbar ist und daher als einfacher Geburtsfehler einzustufen ist.

Von Abnormitäten auf stammesgeschichtliche Rückschläge zu schließen, ist grundsätzlich problematisch, weil nur solche Abnormitäten als Atavismen angesehen werden, die ins Evolutionsmodell passen. Aus einem Kalb mit 5 Beinen schließt niemand, daß Kühe früher 5 Beine hatten.

Auch HAECKELS Theorie, welche besagt, daß die Embryonalentwicklung eines höheren Tieres seine Stammesentwicklung im „Schnelldurchlauf“ ist, gilt inzwischen als widerlegt. Nach dem heutigen Wissensstand sieht es so aus, daß alle Wirbeltiere eine ähnliche Frühembryonalentwicklung durchmachen. Daraus kann man entweder auf eine Verwandtschaft oder auf ein und denselben Schöpfer schließen; z.B. wenn zwei Biologen mit züchterischen oder gentechnischen Methoden je ein Bakterium derselben Art unabhängig voneinander in gleicher Weise manipulieren, dann sind die entstandenen Formen nicht direkt miteinander verwandt, obwohl sie sehr ähnlich sind.

5.4 Geologie

Hier sieht es bei beiden Modellen aufgrund des Datenmangels schwierig aus. Das Schöpfungsmodell läßt durchaus eine Kontinentalverschiebung (aufgrund geologischer Befunde) zu, die aber in früherer Zeit schneller als heute vonstatten gegangen ist. Obendrein wird in der Bibel von einer „Zerteilung der Erde“ (1. Mose 10,25) gesprochen.

Die weit auseinander liegenden Vorkommen verwandter Arten werden im Evolutionsmodell durch Auseinanderentwicklung (Divergenz, Differenzierung, Abschnitt 3.2) gedeutet, im Schöpfungsmodell durch unterschiedliches Ausbreiten nach einer weltweiten Katastrophe (Sintflut).

Messung des Erdalters durch Zerfallszeiten von Isotopen

Im Rahmen dieser Arbeit wird dieser Punkt nur kurz angesprochen: Über Halbwertszeiten kann man Zeiträume messen und mit Hilfe dieses Verfahrens wird das Erdalter festgelegt. Jedoch treten recht häufig sehr große Abweichungen auf, die im Evolutionsmodell im Sinne der erstellten Erdalterskala umgedeutet werden. Daher kann aufgrund dieser großen Abweichungen nicht zwingend auf eine stattgefundene Evolution geschlossen werden.

Die Verteilung der Isotope, mit denen die Zeiträume gemessen werden, ist *im Mittel* in den evolutionistischen Zeiträumen zugeordneten Erdschichten unterschiedlich und es scheint eine gewisse Regelmäßigkeit darin zu liegen; dieses Phänomen ist im schöpfungstheoretischen Modell eine ungelöste Frage.

5.5 Paläontologie

Entstehung von Fossilschichten

Da teilweise Fossilien sehr vollständig erhalten sind, muß man von einer schnellen (katastrophenartigen) Bildung derartiger Schichten ausgehen (z.B. Libellenflügel, welche vollständig erhalten blieben). Die Tatsache, daß vielfach auch Weichteile erhalten blieben (z.B. in Bernstein), macht dies nur wahrscheinlicher. Die Entstehung von Kohleschichten kann ähnlich schnell abgelaufen sein, denn man kann heute unter hohem Druck innerhalb weniger Stunden Kohle künstlich herstellen.

Problem der Zwischenglieder (missing links)

Ein bekanntes Beispiel dazu ist der **Archaeopteryx**. Dieses Tier hatte von Anfang an direkt richtige Federn. Es sind auch heute keine Tiere oder Fossilien bekannt, die eine „Vorstufe der Federn“ haben. Das Fossil des Archaeopteryx ist sehr gut erhalten und man konnte feststellen, daß es diesselben Federn sind, wie sie bei heutigen Vögeln vorkommen. Jedoch finden sich die Reptilmerkmale des Archaeopteryx in verschiedenen Reptilklassen wieder, die sich schon vor Entstehung des Archaeopteryx voneinander getrennt haben sollen. Damit kann er kein Zwischenglied zwischen Reptilien und Vögeln sein.

Eine *lückenlose* Abstammungsreihe wurde bisher auch noch nicht gefunden. Was vielfach gefunden wurde, sind Arten mit Merkmalen von mehreren Tiersystematiken (z.B. Schnabeltier: Säugetier, Reptil). Doch alle diese bisher gefundenen Tiere waren auf ihre Umwelt spezialisiert und können deswegen keine Zwischenformen sein. Zwischenformen könnten höchstens nahe Verwandte von diesen Tieren sein. Man hat allerdings schon für *einzelne Merkmale* fast lückenlose Reihen gefunden (z.B. Gebißübergang vom Reptil zum Säugetier). Allerdings treten auch dort Sprünge auf, die nicht auftreten dürften.

Die Entwicklung des Pferdes, als Fallbeispiel, ist ebenso eine „Sprungevolution“, da von den gefundenen Fossilien keine Zwischenformen bisher entdeckt wurden. Beispiel: Zum Pliohippus, der hypothetische, direkte Vorfahre des Pferdes, vom Merychippus wurden drei Zehen einfach wegreduziert, was in dieser Geschwindigkeit kaum mit dem Evolutionsmodell vereinbar ist. Und hier gibt es noch erheblich mehr sich widersprechende Beispiele. Angesichts der Tatsache, daß es sich hier um das „Paradepferd der Evolution“ handelt, ist ein solches Ergebnis bemerkenswert.

Es sind bisher 250000 fossile Tierarten, gestützt auf ungezählte Millionen von Fossilien, katalogisiert worden. Dabei ist keine Zwischenform (missing link) zu finden; *alle* fossilen Lebensformen waren hervorragend an ihren Lebensraum angepaßt.

All diese Tatsachen sind Problempunkte des Evolutionsmodells, harmonieren aber sehr gut mit der Schöpfungsmodell.

Entwicklung des Menschen

Hierbei treten bei Aufstellung eines möglichen Stammbaums dieselben Probleme auf wie bei den übrigen Arten.

- große Unterschiede im Gehirnvolumen bei aufeinanderfolgenden Arten
- nur sehr wenige zusammenhängende Skelettfunde

In der Vergangenheit wurden verschiedentlich Fossilien gefälscht und als neuentdeckter Urmensch vorgestellt. Der Piltdown-Mensch wurde aus einem Zahn konstruiert, bis man entdeckte, daß dieser Zahn zu einer ausgestorbenen Schweineart gehörte (zur Entwicklung des Menschen siehe auch Seite 7).

Im Schöpfungsmodell schuf Gott den ersten Menschen mit einem Mal aus Lehm. Was für ein Lehm das damals war, ist natürlich nicht mehr feststellbar. Allerdings zerfällt ein Toter zu Staub, was zumindest ein Indiz für die Erschaffung aus Lehm ist. Es wurden am Anfang ein Mann und eine Frau geschaffen (zur Inzucht siehe Abschnitt 1.2). Fossilien von sogenannten „Vormenschen“ gehören *eindeutig* zu einer (möglicherweise ausgestorbenen) Affenart oder zur Gattung Mensch.

Die einzelnen Menschenrassen entstanden durch mikroevolutive Veränderungen.

6 Zusammenfassung

Beweisbar ist keines der Modelle, weil keines experimentell nachvollziehbar ist. Man sollte die Fakten nicht nur im starren Blick auf das Evolutionsmodell hin betrachten, sondern durchaus einkalkulieren, daß es auch andere Interpretationsmöglichkeiten gibt. Die Fakten sind wertneutral, die Interpretationen sind jedoch oft von beiden Seiten sehr einseitig und subjektiv.

Persönliche Anmerkungen

Ich, der Autor dieser Arbeit, bin ein Anhänger des biblischen Schöpfungsmodells. Dies hängt natürlich damit zusammen, daß ich an die Bibel als Gottes Wort an uns Menschen glaube. Ich war aber nicht, seitdem ich mich bekehrt hatte, ein **Creationist** (latein.: creare — schaffen; creatio — Schöpfung), sondern habe ebenso auch eine von Gott gelenkte Evolution für möglich gehalten. Erst die Beschäftigung mit Fakten zu dieser Thematik hat mich zu einem Anhänger des Schöpfungsmodells werden lassen, obwohl natürlich Fragen offen bleiben.

Mir ist bei der Überarbeitung dieser Arbeit aufgefallen, daß das Evolutionsmodell etwas sehr Verlockendes an sich hat, was unabhängig von den Fakten ist: Es bietet für *alles* eine Erklärung. Beim Schöpfungsmodell muß man zum einen akzeptieren, daß es einen Gott gibt, der aktiv ins Weltgeschehen — und damit auch in mein Leben — eingreifen kann; zum andern kann man den Schöpfungsakt *nicht* erforschen; man muß ihn als einmalig passiertes,

unwiederholbares Ereignis akzeptieren. Der Mensch muß in diesem Modell also seine Begrenztheit akzeptieren. Im Evolutionsmodell kann er über alles spekulieren, seiner Phantasie und seinem Forschungsdrang sind keine Grenzen gesetzt. Alles kann er irgendwie zu erklären versuchen. Außerdem ist für manche Evolutionisten sicherlich auch eine mögliche Existenz eines eingreifenden Gottes ein Problem, weil dieser Gott dann eine übergeordnete moralische Instanz ist, die unbequem und ungewollt ist.

Wenn man diese menschlichen Denkweisen versucht, beiseite zu lassen, dann sprechen, meiner Ansicht nach, die Fakten für eine stattgefundene Schöpfung und nicht für eine Evolution.

Literatur

[1] Entstehung und Geschichte der Lebewesen, Reinhard Junker und Siegfried Scherer, Weyel Biologie, Gießen, 1986, ISBN: 3-921046-04-1.

Ferner wurden für diese Arbeit verschiedene herkömmliche Biologieschulbücher, z.B. Linder, verwendet. Eine umfangreiche Liste von Literaturverweisen ist in [1] angegeben.

Abbildungsverzeichnis

1	Schema beider Modelle	3
2	Genpool-Modell	5
3	Silber- und Heringsmöwenarten verteilen sich um den ganzen Polarkreis . . .	11
4	Hypothetisches Urbakterium und mögliches Nachfolgebakterium	12
5	Proseminarschein	20

Note

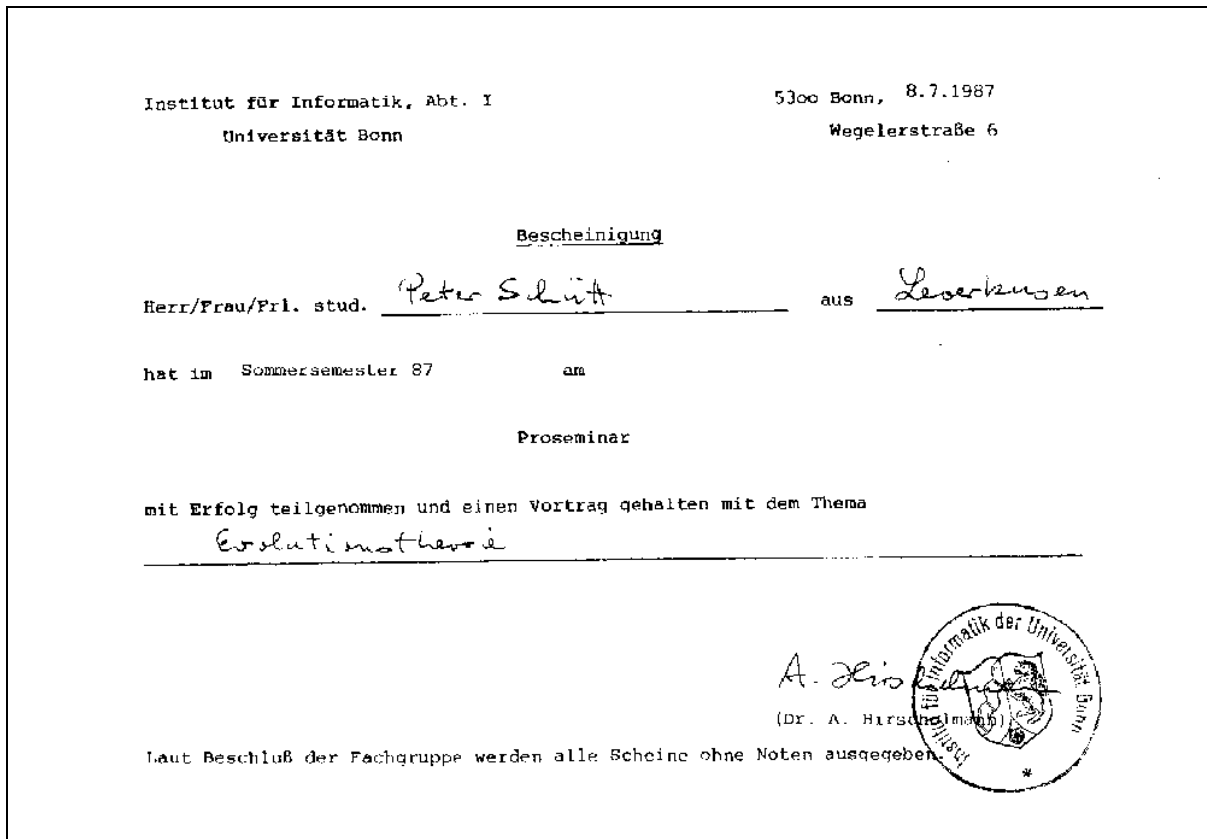


Abbildung 5: Proseminarschein

Nach einem Beschluß der Fachgruppe werden Proseminararbeiten nicht benotet. Wenn diese Arbeit aber benotet würde, dann würde ich ihr die Note geben.

gez. Hirschelmann