

Was erklärt die Evolutionstheorie? Anfragen eines Kritikers*

Von Reinhard Junker

1. Einleitung

Der Ursprung der Lebewesen und der Ablauf ihrer Geschichte gelten im Wesentlichen als naturwissenschaftlich geklärt. „Evolution ist eine Tatsache“, so heißt es oft – und zwar Evolution im Sinne einer Gesamtentwicklung der Lebewesen, nicht nur im Sinne einer (begrenzten) Variationsfähigkeit. Weiter wird behauptet, die Tatsache der Evolution werde durch die Evolutionstheorie beschrieben. Strenggenommen gibt es „die Evolutionstheorie“ allerdings nicht (MAHNER & BUNGE 2000, 334-338), sondern verschiedene Evolutionshypothesen im Rahmen eines Evolutionsparadigmas. Der Einfachheit halber und weil es sich so eingebürgert hat soll dennoch im Folgenden von „Evolutionstheorie“ gesprochen werden. Damit ist die Anschauung von einer Entwicklung aller Lebewesen über große Zeiträume hinweg gemeint, die zu einem weitreichenden Formenwandel im Sinne einer Makroevolution geführt habe und ohne willentliche Steuerung verlaufen sei. In diesem Rahmen bedeutet *Makroevolution* die Entstehung neuer biologischer Apparate (Organe), neuer Konstruktionen bis hin zu neuen Bauplänen. Demgegenüber steht der Begriff *Mikroevolution* für die Variation bereits vorhandener Konstruktionen (zum Begriffspaar „Makroevolution/Mikroevolution“ werden weiter unten noch ausführlichere Erläuterungen gegeben). Im folgenden soll der Begriff „Evolutionstheorie“ die Bedeutung von Makroevolution beinhalten.

Evolutionsforschung kann in zwei Teilgebiete unterteilt werden. In der *historischen Evolutionsforschung* geht es um Indizien für Makroevolution. Außerdem sollen die Abstammungsabfolgen und evolutionären Verzweigungen rekonstruiert werden. Offene Fragen werden auf diesem Feld gewöhnlich nur im Verlauf evolutionärer Linien gesehen.

Das zweite Gebiet ist die *kausale Evolutionsforschung*, durch welche die Mechanismen des Formenwandels aufgeklärt werden sollen. Auch hier geht man davon aus, daß die wesentlichen Fragen beantwortet seien. Die Mechanismenfrage gilt seit Charles DARWIN als grundsätzlich geklärt, auch wenn Darwins Selektionstheorie im Laufe der Zeit viele Modifikationen und Erweiterungen erfahren hat. Ferner gibt es auch Ansätze, die sich vom klassischen Darwinismus mehr oder weniger weit entfernt haben. Unbeschadet dessen hat nach Überzeugung der meisten Biologen die kausale Evolutionsforschung nachgewiesen, daß das offenkundige Design der Lebewesen durch ungelinkte Prozesse und ohne Zielorientierung entstanden ist.

Die Tatsache, daß die Organe und Apparate der Lebewesen zweckmäßig gebaut sind und „intelligent designed“ wirken, könne seit Darwin nicht mehr als Hinweis auf eine planende Instanz gelten. Es gebe zwar einen *Anschein* auf Planung, doch sei dieser eine Illusion.

Kritik an einzelnen Evolutionshypothesen versteht sich vor diesem Hintergrund zumeist als Beitrag zur *Feinarbeit* im großen Evolutionsgebäude bezüglich Mechanismenfragen und bei der Rekonstruktion einzelner evolutionärer Linien. Wissenschaftler, die den „Intelligent Design“-Ansatz vertreten, gehen hier jedoch weiter. Sie haken mit ihrer Kritik vor allem in der Mechanismenproblematik ein und hinterfragen die Erklärungskraft der bekannten Evolutionsfaktoren.¹ Umfassende Evolutionskritik wird dagegen nur von den sogenannten „Kreationisten“ geübt, welche die Schilderungen über die Anfänge der Welt im ersten Buch der Bibel (Genesis) als historisch glaubwürdige Erzählungen betrachten. Deren Kritik wird in der akademischen Welt jedoch kaum beachtet. Die Gründe für diese Mißachtung sollen hier nicht untersucht werden.

In diesem Beitrag werden einige wesentliche Kritikpunkte zusammengestellt, auch solche, mit denen das Evolutionsparadigma als Rahmenanschauung insgesamt in Frage gestellt werden soll. Die Kritik betrifft demnach sowohl die kausale als auch die historische Evolutionsforschung und kann daher zwei Problembereichen zugeordnet werden:

- Erklären die experimentell nachgewiesenen Variationsmechanismen die Entstehung neuer Baupläne? (kausale Evolutionsforschung)
- Sind die Belege für eine allgemeine Evolution der Lebewesen (im Sinne von Makroevolution) stichhaltig? (historische Evolutionsforschung)

Dabei sollte folgendes beachtet werden: Wenn in diesem Artikel die Stichhaltigkeit von „Beweisen“ für Makroevolution in Frage gestellt wird, soll damit eine Deutungsmöglichkeit der Daten durch Evolution nicht bestritten werden. Die Frage wird aber sein, wie plausibel diese Deutungen sind und ob es tatsächlich berechtigt ist, Makroevolution als Tatsache hinzustellen.

Was heißt erklären?

Wenn die Erklärungskraft der Evolutionstheorie untersucht werden soll, stellt sich zunächst die Frage, was als eine Erklärung gelten kann. Diese alles andere als einfache Frage kann hier nur kurz angerissen werden. MAHNER (2002) unterscheidet drei Stufen: „Die Erklärung ist ein erkenntnistheoretisch-methodisches Verfahren, das die letzte von mindestens drei Stufen des Verstehens darstellt: Der Beschreibung eines Sachverhaltes, der Bestimmung

* Stand: 17. 11. 2005. Die Kernthesen dieses Vortrags wurden am 11. 10. 2005 in Kurzform vorgetragen auf der Philosophischen Woche der Katholischen Akademie in München sowie am 1. 11. 2005 im Staatlichen Museum für Naturkunde in Görlitz.

eines Sachverhaltes *als Spezialfall eines Gesetzes*, und der tieferen Kenntnis von *Mechanismen*, die zu dem beobachteten Sachverhalt führen“ (Hervorhebungen im Original). Und weiter: „Allgemein versteht man unter einer Erklärung die Angabe des Wie und Warum von Sachverhalten, das heißt die Aufdeckung der Ursachen beziehungsweise Mechanismen, durch die der betreffende Sachverhalt zustande gekommen ist.“

Die im Zitat von MAHNER angesprochene dritte Stufe des Verstehens, die erst als ein „Erklären“ bezeichnet werden kann, ist nur im Bereich der kausalen Evolutionsforschung möglich. Denn dabei geht es um experimentell nachvollziehbare *Mechanismen*. Hier können auf der Basis reproduzierbarer Daten *Gesetzmäßigkeiten* aufgedeckt werden, die eine Erklärung von Einzelbefunden erlauben. In der historischen Evolutionsforschung stellt sich die Situation deutlich anders dar. Hier geht es zum einen darum, Indizien zusammenzutragen, die einen hypothetischen vergangenen Ablauf plausibel machen sollen. Zum anderen sollen die Abstammungsabfolgen und ihre Verzweigungen nachgezeichnet werden. Beide Fragestellungen werden meistens unter Absehung von Mechanismenfragen verfolgt (wobei gelegentlich kontrovers diskutiert wird, ob das realistisch ist).

Ein Beispiel soll dies verdeutlichen: Die als *Archaeopteryx* benannte Fossilgattung vereinigt Merkmale in sich, die teilweise typisch für bestimmte Dinosaurier sind und teilweise typischen Vogelmerkmalen gleichen. Wie wird eine solche Mosaikform erklärt? Im Rahmen der Evolutionslehre gilt *Archaeopteryx* als Beleg dafür, daß es eine stammesgeschichtliche Entwicklung von Reptilien zu Vögeln gegeben hat. Die Evolutionstheorie kann jedoch keine Erklärung für die Existenz von *Archaeopteryx* geben, denn dazu müßten dessen Merkmale als Folge von Gesetzmäßigkeiten des Formenwandels nachgewiesen werden. Dies ist aber nicht möglich, da die damaligen Randbedingungen weitgehend unbekannt sind (es gibt nur hypothetische Szenarien), unter denen die bekannten Evolutionsmechanismen gewirkt haben sollen. Außerdem müßte der Weg des evolutiven Umbaus über verschiedene Formen hinweg nachgezeichnet und gezeigt werden, unter welchen Randbedingungen und nach welchen allgemeinen Gesetzmäßigkeiten aus welchen Vorstufen das zu erklärende Merkmal entstanden sein könnte. Ob und ggf. wie *Archaeopteryx* stammesgeschichtlich mit anderen Formen zusammenhängt, ist eine *historische* Frage mit vielen Unbekannten über die damaligen Randbedingungen. Aus diesem Grunde sind bestenfalls *Simulationen* möglich, durch die gezeigt werden könnte, wie ein Übergang von Dinosauriern zu Vögeln vonstatten gegangen sein könnte.

Während experimentelle Simulationen im Fall der evolutiven Entstehung der Vögel (oder anderer Baupläne) aussichtslos erscheinen, versucht man auf diesem Wege ein überschaubareres Problem zu lösen: Die Entstehung erster Lebewesen oder wenigstens ihrer Bestandteile. So versucht man durch Simulationsexperimente die Schritte nachzuzeichnen, die auf einer hypothetischen frühen, noch unbelebten Erde zu Vorstufen des Lebens geführt haben könnten. Abgesehen von der Frage, wie gut diese gelun-

gen ist (mehr dazu im Abschnitt 3.1), könnten solche Simulationen grundsätzlich nur zeigen, welche Vorgänge in der Vergangenheit abgelaufen sein *könnten*. Ob sie wirklich wie in einer Simulation abgelaufen sind, ist eine andere, eine historische Frage. Eine Antwort auf diese Frage hängt davon ab, inwieweit die damaligen Randbedingungen rekonstruiert werden können.

Aufgrund dieser methodischen Begrenzungen kann man im Bereich der *historischen Evolutionsforschung* in der Praxis kaum von „Erklärungen“ im Sinne der dritten Stufe von MAHNER sprechen. Tatsächlich ist es hier nur möglich, Befunde in ein *vorgegebenes* Paradigma einzubauen. Daher sollen auf diesem Gebiet die Begriffe „Deutung“ bzw. „Interpretation“ verwendet und der Begriff „Erklärung“ vermieden werden. Im Grunde genommen bewegt man sich in der historischen Evolutionsforschung im Wesentlichen auf der ersten Stufe des Verstehens, der *Beschreibung* eines Sachverhaltes und seiner Einordnung in ein Paradigma. Die empirischen Befunde werden im Rahmen des Paradigmas dadurch *verständlich gemacht*, aber nicht wirklich erklärt.

2. Was die Evolutionstheorie erklärt

2.1 Mechanismen

Die biologischen Arten können sich im Laufe der Zeit verändern. Eine Reihe von Faktoren wurde ermittelt, die zur Veränderlichkeit der Lebewesen in irgendeiner Form beitragen: Verschiedene Typen von Mutationen, Selektion, geographische Separation, Gendrift und andere. In vielen Fällen konnten auch molekulare Mechanismen aufgedeckt werden. Die Feststellung einer Veränderlichkeit ist jedoch noch sehr unscharf. Wenn beispielsweise der

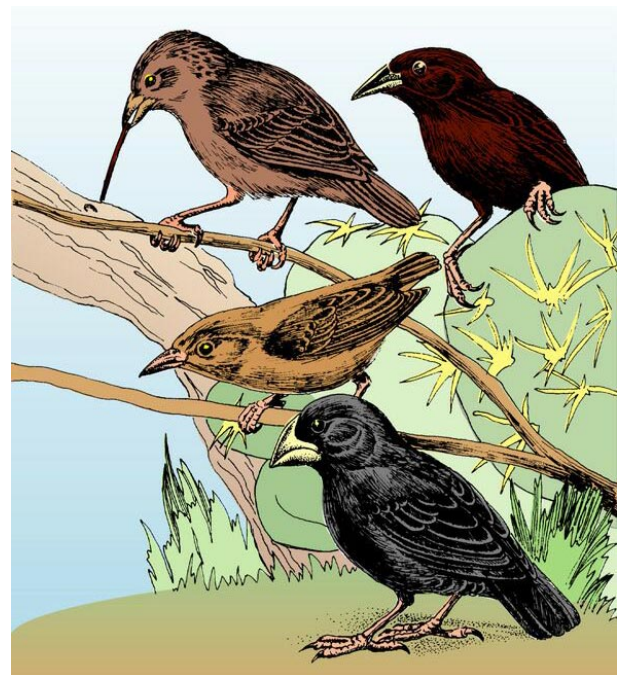


Abb. 1: Mikroevolutive Variation bei den Schnäbeln und Gefiederfärbungen bei einigen Darwinfinken. (Aus JUNKER & SCHERER 2001)

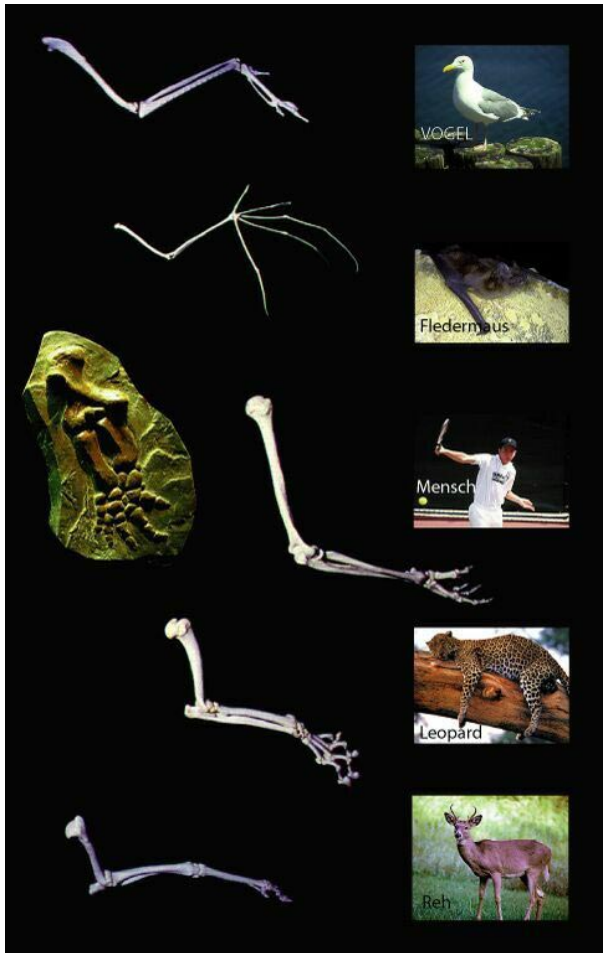


Abb. 2: Das klassische Beispiel für homologe Ähnlichkeiten: das Knochengerüst der Vordergliedmaßen der Landwirbeltiere. Ausgangsstruktur nach evolutionärer Vorstellung ist die Vorderextremität eines Uramphibiums, welches den Grundplan eines Knochengerüsts erworben hatte. In der weiteren Wirbeltierevolution konnte das Grundmuster trotz unterschiedlichster Funktion nur noch abgewandelt, aber nicht mehr grundlegend neu konstruiert werden. Kritiker dieser Deutung weisen jedoch darauf hin, daß die Extremitäten alleine durch die konstruktiven Bedingungen und ohne Rückgriff auf Evolution erklärbar seien; vgl. Abschnitt 3.2. (Westfälisches Museum für Naturkunde, Münster; aus JUNKER & SCHERER 2001)

Hornschnabel eines Vogels im Laufe einiger Generationen dicker oder dünner, länger oder kürzer wird, ist das zwar eine Veränderung; sie bewegt sich aber nur in einem sehr engen Bereich (vgl. Abb. 1). Seit DARWIN steht jedoch die Behauptung im Raum, daß durch ausschließlich natürliche Faktoren auch die grundlegenden Designs der Lebewesen, ihre biologischen Apparate (Organe) und ihre kompletten Baupläne entstanden seien. Man habe den Nachweis geführt, daß dafür keine planende und lenkende Instanz nötig gewesen sei. An dieser Stelle entzündet sich die kritische Auseinandersetzung, auf die wir im 3. Abschnitt eingehen. Unstrittig ist dagegen die Existenz diverser Variationsmechanismen. Es sind mittlerweile auf genetischer und molekularer Ebene viele Faktoren und Mechanismen bekannt, die zur Variationsfähigkeit der Lebewesen beitragen; einige werden in Abschnitt 3.1 vorgestellt.

2.2 Ähnlichkeiten der Lebewesen

Lebewesen zeigen untereinander mehr oder weniger tiefgreifende Ähnlichkeiten, und zwar auf allen Organisationsniveaus, vom morphologisch-anatomischen bis hinunter zum molekularen Bereich. Ein Standard-Lehrbuchbeispiel sind die Gliedmaßen der Wirbeltiere: Die Vorderextremitäten der Landwirbeltiere und die Vogelflügel ähneln sich im Knochenbau auffällig, trotz z. T. sehr verschiedener Funktionen wie Laufen, Graben oder Fliegen (Abb. 2). Solche Bauplanähnlichkeiten werden evolutionstheoretisch als Folge von Abstammung und Vererbung interpretiert. Dies ist insofern naheliegend, als Lebewesen ihresgleichen hervorbringen können und die Mechanismen der Vererbung eine weitgehende Ähnlichkeit der Nachkommen garantieren. Ähnlichkeit durch Abstammung ist also eine plausible Deutungsmöglichkeit. Abstammungsbedingte Ähnlichkeiten werden als *Homologien* bezeichnet. Andererseits führen die Variationsmechanismen (s. Abschnitt 2.1) allmählich zu Unterschieden zwischen aufgezwigten evolutionären Linien, so daß die Ähnlichkeiten der Nachfahren mit ihren Vorfahren im Laufe der Zeit abnehmen.

Ähnlichkeiten können nur innerhalb kreuzbarer Populationen als Folge von Abstammung nachgewiesen und damit mechanistisch erklärt werden (Stufe 3). Denn nur hier ist der Abstammungszusammenhang experimentell dokumentierbar. Werden homologe Organe nicht kreuzbarer Grundtypen² dagegen auf gemeinsame Vorfahren zurückgeführt, so kann dies nicht mehr *experimentell* begründet werden. Vielmehr beruht hier die Deutung durch Abstammung auf einer Extrapolation vom relativ engen experimentell zugänglichen auf einen viel weiteren, experimentell nicht erfaßbaren Bereich. Das Ähnlichkeitsargument beruht somit auf einem *Analogieschluß* (Schluß von Bekanntem auf Unbekanntes durch Extrapolation). Um es beispielhaft zu verdeutlichen: Die Abstammungsbedingtheit von Homologien *innerhalb* der Fortpflanzungsgemeinschaft der menschlichen Art begründet nicht die Abstammungsbedingtheit von Homologien zwischen Menschen und Menschenaffen.

Das evolutionstheoretische Ähnlichkeitsargument „lebt“ aber nicht allein vom Auftreten von Ähnlichkeiten an sich. Denn dieser Befund könnte auch durch das Wirken eines Schöpfers mit dem Hinweis auf funktionelle Notwendigkeiten erklärt werden: *Ähnliche Lebensweisen erfordern ähnliche Organe, ähnliche Stoffwechselprozesse und als genetische Basis auch ähnliche Erbsubstanz usw.* Doch die Ähnlichkeiten der Lebewesen scheinen über das funktionell Notwendige hinauszugehen und daher mindestens zum Teil noch eine andere Ursache zu erfordern. Erst hier greift das evolutionstheoretische Ähnlichkeits-Argument etwas fester: Nicht-funktionell verstehbare Ähnlichkeiten sollen demnach Marken eines evolutiven Wandels sein, in welchem es zu Kanalisierungen aufgrund zuvor bereits entwickelter Strukturen kam. So seien der einheitliche Bau der erwähnten Extremitätengerüste der Wirbeltiere dadurch zu erklären, daß alle Landwirbeltiere von einem Ur-Vierbeiner abstammen. Dieser hätte das „Strickmuster“ des Gliedmaßenbauplans evolutiv erworben, welches an-

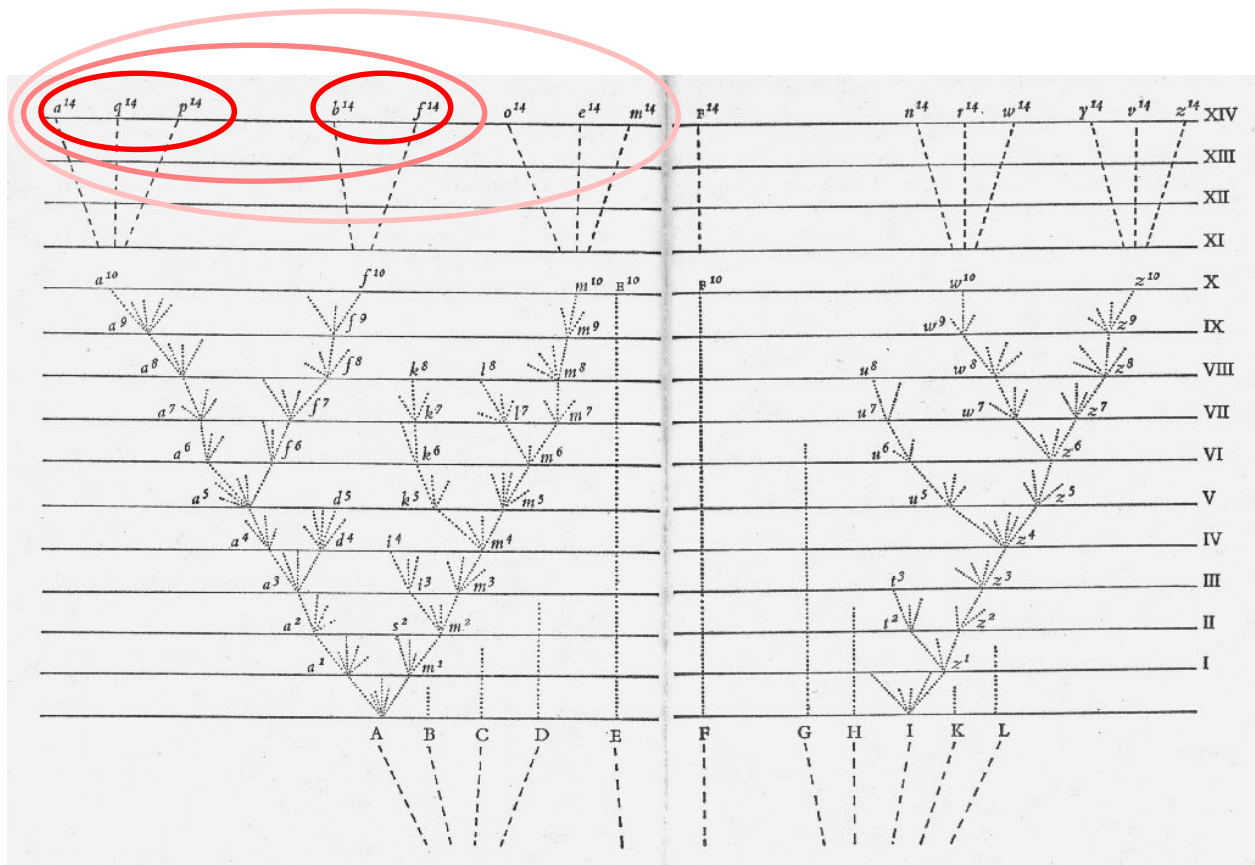


Abb. 3: Darwins dichotom sich verzweigender Stammbaum, die einzige Abbildung in „Origin of Species“ (im Original ohne Ovale). Aus den Abwandlungen und Verzweigungen im Laufe der Zeit folgt die Erwartung eines enkaptischen (eingeschachtelten) Systems der Lebewesen (oben), eine Hierarchie der Ähnlichkeitsabstufungen.

schließlich nur noch abgewandelt werden konnte. Die Gliedmaßen sollten unterschiedlicher gebaut sein, wenn sie eigens für die verschiedenen Zwecke neu entworfen worden wären. Der Evolutionsprozeß könne aber (nach einem *Bonmot* des Zoologen Günther Osche) nicht „wegen Umbau schließen“, sondern nur die bisherigen Vor Konstruktionen abwandeln. Daher komme es zu den genannten Kanalisierungen, die nur evolutionstheoretisch verstehbar seien.

Durch Artbildungen und damit einhergehenden Aufspaltungen soll sich des weiteren eine baumartig darstellbare Verästelung der evolutionären Linien ergeben haben (Abb. 3). Je länger solche Verzweigungen zurückliegen, desto mehr ist eine Abnahme der Ähnlichkeiten der aufgespaltenen Linien zu erwarten. Für das Ähnlichkeitsmuster der Lebewesen resultiert daraus die Erwartung einer Hierar-

chie von Ähnlichkeitsabstufungen (Abb. 3). Genau dies kann unter den heutigen Lebewesen festgestellt werden (Abb. 4). Das Ähnlichkeitsmuster läßt sich hierarchisch in einem sogenannten enkaptischen (eingeschachtelten) System darstellen. Das enkaptische System der Ähnlichkeitshierarchie gilt als weiterer Befund der Vergleichenden Biologie, der durch die Evolutionstheorie verständlich gemacht werden könne.

Schließlich wird in diesem Zusammenhang häufig auch auf die grundsätzliche Stimmigkeit verschiedener Datensätze hingewiesen. Das heißt: Es ergeben sich oft ähnliche Dendrogramme (Ähnlichkeitsbäume), wenn man beispielsweise mit morphologische Daten mit molekularen (Sequenzanalysen) vergleicht.

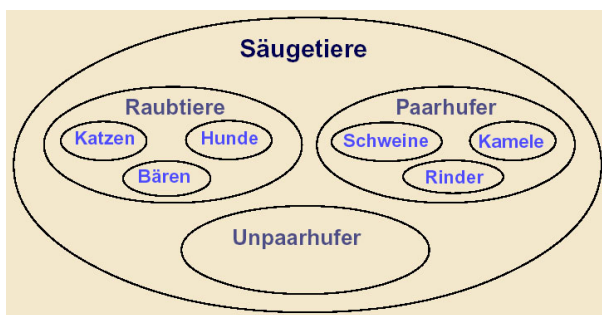


Abb. 4: Enkaptisches System, dargestellt anhand einiger Säugergruppen (blau: Familien, dunkelblau: Ordnungen).

2.3 Fossilüberlieferung

Fossilien, also erhalten gebliebene Überreste von Lebewesen und ihren Spuren, bieten ein besonderes Belegmaterial für die Erforschung der Geschichte der Lebewesen. Denn mehr als alle anderen Indizien erlauben sie in gewissem Sinne einen Blick in die Vergangenheit. Während die Vergleichende Biologie aus den Gemeinsamkeiten und Unterschieden *heute lebender* Arten Schlüsse zu ziehen versucht, hat es die Paläontologie mit Indizien zu tun, die aus einer mehr oder weniger fernen *Vergangenheit* stammen.

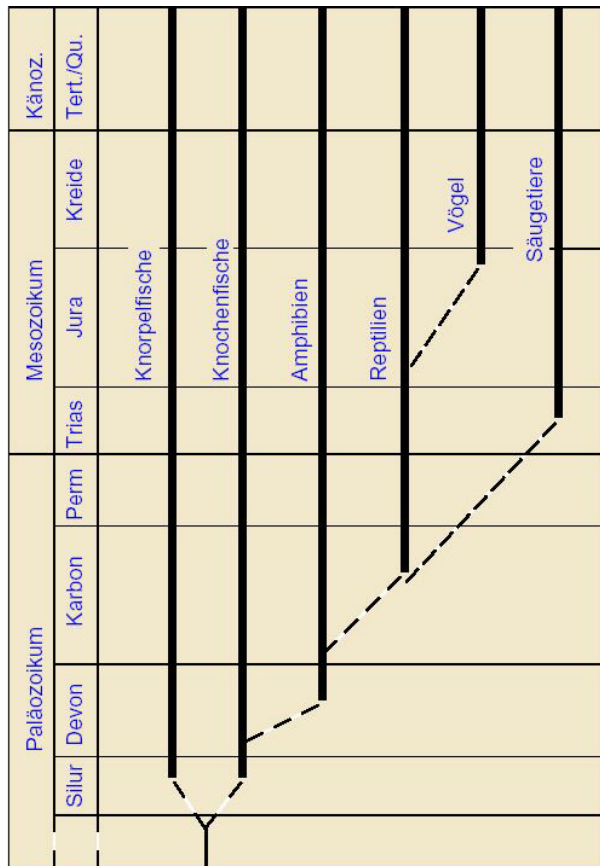


Abb. 5: Die großen Wirbeltiergruppen treten fossil zeitlich gestaffelt auf. (Nach CARROLL 1993)

Die Fossilüberlieferung zeigt eine auffällige Regelmäßigkeit in den Sedimentgesteinen. Bei grober Betrachtung, insbesondere wenn man den Fossilinhalt ganzer geologischer Systeme wie Kambrium, Ordovizium, Silur usw. miteinander vergleicht, zeigen sich deutliche Unterschiede, die weltweit sehr ähnlich sind. So sind in den untersten geologischen Systemen bis hinauf in das Silur fast keine Landlebewesen fossil überliefert, Fische treten fossil früher auf als die ältesten dokumentierten Vierbeiner, und Amphibien sowie Reptilien früher als Vögel und Säugetiere (**Abb. 5**) und so weiter.

Die Reihenfolge der Fossilablagerungen läßt sich evolutionstheoretisch plausibel interpretieren, indem das *Übereinander* verschiedener Formen als ein *Abstammen voneinander* erklärt wird. Allerdings belegt das fossile *Übereinander* nicht direkt einen genetischen Abstammungszusammenhang. Vielmehr bietet die Evolutionstheorie hier nur einen Rahmen, der die Abfolge verständlich macht. Es gibt zwar zahlreiche Beispiele von Organismen, deren Erscheinungsbild sich am selben Standort von Schicht zu Schicht *allmählich* ändert (**Abb. 6**); solche Fälle bewegen sich jedoch im mikroevolutiven Rahmen (wobei dieser Rahmen durch den Vergleich mit der Formenvielfalt innerhalb heutiger Grundtypen in etwa abgesteckt wird). Vergleichbare Konstellationen, wo an *einer* Lokalität Schicht für Schicht ein allmählicher *makroevolutiver* Umbau verfolgt werden kann, gibt es in der Paläontologie nicht. (Und daß von Mikroevolution nicht ohne Weiteres auf Makroevolution geschlossen werden darf, wird in Abschnitt 3.1 erläutert.)

Die evolutionstheoretische Deutung der Fossilablagerung wird teilweise noch dadurch gestützt, daß sie in mancher Hinsicht ungefähr zur Ähnlichkeitshierarchie der heutigen Lebewesen paßt. Damit ist beispielsweise gemeint, daß die „primitiveren“ Wirbeltiere (Fische, Amphibien) paläontologisch früher als die „höherentwickelten“ (Reptilien, Vögel, Säuger) auftreten. Auch innerhalb einzelner geologischer Systeme könne oft insgesamt ein Trend zur einer Höherentwicklung bzw. zu gerichteten Veränderungen festgestellt werden. So sind z. B. die fossil überlieferten Landpflanzen des Unterdevons insgesamt einfacher gebaut als die Pflanzenfossilien des Mitteldevons und diese wiederum insgesamt einfacher als die Oberdevonfossilien. Dies entspricht den Erwartungen, wenn es eine allgemeine Evolution der Lebewesen gegeben hat.

Es können natürlich noch weitere Disziplinen angeführt werden, die wichtiges Belegmaterial beisteuern, zum Beispiel die Embryologie oder die Biogeographie. Da hier keine umfassende Darstellung gegeben werden kann, beschränken wir uns auf die angesprochenen Disziplinen und wenden uns nun kritischen Betrachtungen zu.

3. Kritische Anfragen

Wie oben bereits angedeutet geht es im folgenden nicht darum, Makroevolution zu widerlegen, sondern um die Frage, ob Makroevolution ausreichend empirisch begründet ist und welche Erklärungskraft evolutionäre Hypothesen besitzen.

3.1 Evolutionsmechanismen

Die Variationsfähigkeit der Lebewesen ist durch ungezählte Befunde empirisch nachgewiesen und es ist eine Reihe von Variationsmechanismen bekannt. Daß die Arten veränderlich sind, steht also nicht zur Debatte. Die Frage ist jedoch, ob die experimentell bekannten Variationsmechanismen auch in der Lage sind, die Entstehung neuer Konstruktionen zu ermöglichen. Zur Untersuchung dieser Frage ist die eingangs bereits angesprochene Un-

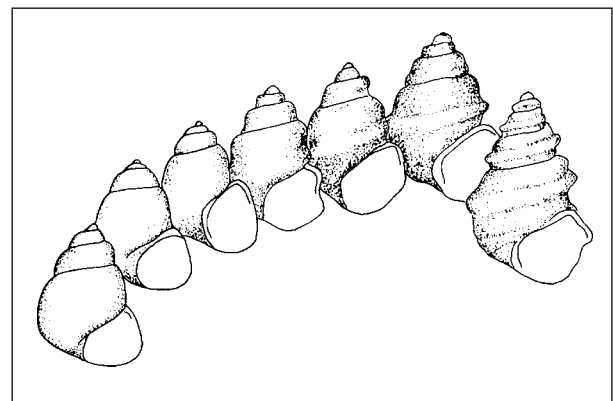


Abb. 6: An der selben Lokalität zeitlich aufeinanderfolgende Formen der Süßwasserschnecke *Viviparus brevis* im Pliozän und Pleistozän der Insel Kos (Griechenland). (Nach WILLMANN 1985).

Mikroevolution	Makroevolution
Anpassung Spezialisierung Optimierung Überlebensstrategien	Neukonstruktion Umbau
„horizontal“	„vertikal“
Ausschöpfen der genetischen Anlagen	qualitativ neue genetische Information

Tab. 1: Kennzeichnende Begriffe für Mikro- und Makroevolution

terscheidung zwischen Mikroevolution und Makroevolution notwendig. Dieses Begriffspaar ist nicht etwa eine Erfindung der Kreationisten, wie manchmal behauptet wird, sondern wird in der Geschichte der Evolutionsbiologie schon lange verwendet (WASCHKE 2000) und es bis heute wird in der Evolutionsbiologie davon Gebrauch gemacht (siehe z. B. LEIGH [1999] und CARROLL [2000]). Allerdings werden diese Begriffe unterschiedlich verwendet. Daher muß angegeben werden, mit welchen Inhalten sie jeweils gefüllt werden. Hier soll dieses Begriffspaar wie folgt charakterisiert werden:

Mikroevolution: Variation vorhandener Konstruktionen, Spezialisierungen und Anpassungsvorgänge (z. B. eines Schnabels an bestimmte Nahrung), Optimierungen³ einzelner Eigenschaften (z. B. Korngröße bei Getreide), sowie Ausprägung genetisch angelegter Information (wenn beispielsweise durch Umweltreize bestimmte Erbanlagen aktiviert werden⁴).

Makroevolution: Entstehung neuer Konstruktionen oder ein grundlegender Umbau, der zu völlig neuen Funktionen führt⁵ (vgl. Tab. 1).

Natürlich ist hier eine möglichst genaue Bestimmung dessen erforderlich, was unter „neuen Konstruktionen“ bzw. einem „grundlegenden Umbau“ zu verstehen ist, und eine quantitative Charakterisierung ist erstrebenswert⁶. Dies kann in der hier gebotenen Kürze nicht diskutiert werden, doch soll als Beispiel zur Veranschaulichung das Kennzeichen der „irreduziblen Komplexität“ angeführt werden, das biologische Systeme häufig auszeichnet. Ein System ist irreduzibel komplex, wenn es notwendigerweise aus mehreren fein aufeinander abgestimmten, interagierenden Teilen besteht, die für eine bestimmte Funktion benötigt werden, so dass die Entfernung eines beliebigen Teils die Funktion restlos zerstört (vgl. BEHE 1996; zur Diskussion von Kritik siehe JUNKER 2005). Der Aufbau irreduzibel komplexer Systeme erfordert demnach mehrere aufeinander abgestimmte Veränderungen oder Innovationen, die gleichzeitig auftreten müssen. Ein solches Ereignis wäre zweifellos ein makroevolutiver Schritt, doch ist dergleichen nicht bekannt.⁷

Nach gegenwärtigem Wissensstand kann nicht von der Realität mikroevolutiver Vorgänge auf die Möglichkeit einer Makroevolution extrapoliert werden. Das wird einsichtig, wenn man sich beispielsweise klarmacht: Man kann aus der Variation der Vogelschnabel-Formen nicht schließen, daß sie zuvor durch einen Umbau aus einem bezahnten Kiefer hervorgegangen sind. Oder: Der Erwerb

von Antibiotikaresistenz bei Bakterien liefert kein Modell für die Entstehung ihrer komplexen Apparate wie etwa den Bakterienrotationsmotor usw. Oder allgemein gesagt: Wenn wir verstehen, wie vorhandene Konstruktionen variiert oder spezialisiert werden können, wissen wir damit noch nichts darüber, wie diese erstmals entstanden sind. Durch Mikroevolution können Anpassungs- oder Optimierungsprobleme gelöst werden, Makroevolution dagegen erfordert die Lösung des Konstruktionsproblems. Auch der Zeitfaktor hilft hier nicht, denn lang anhaltende Optimierung oder Spezialisierung führt nicht zu Neukonstruktion; das ist keine Frage des zur Verfügung stehenden Zeitraums.

Es muß besonders darauf hingewiesen werden, daß die Grenze zwischen Mikro- und Makroevolution nicht an Taxongrenzen festgemacht wird (zumal Taxongrenzen im Laufe der Forschung immer wieder geändert werden). Etwa: Evolution innerhalb von Arten (oder Gattungen oder Familien) wäre Mikroevolution, Evolution darüber hinaus Makroevolution. Es geht vielmehr um Qualitäten.

Dieser etwas ausführlichere Ausflug in die Begriffsklärung war erforderlich, um die Leistungsfähigkeit einzelner Mechanismen, die Makroevolution erklären sollen, einschätzen zu können.

Nach dem Neodarwinismus sollten im Wesentlichen verschiedene Typen von Mutationen, Selektion, Gendrift und geographische Separation für Artenwandel und Artbildung sorgen. Ob diese Faktoren ausreichen, um Makroevolution zu ermöglichen, war innerhalb der Evolutionsbiologie immer mehr oder weniger umstritten. Daher wurden zahlreiche Vorschläge für besondere Mechanismen einer Makroevolution eingebracht. Die entscheidende Schwierigkeit besteht darin: Nach bisheriger Kenntnis erfordert der Erwerb neuer biologischer Apparate (mit neuen Funktionen, die hypothetische Vorläuferformen noch nicht hatten) eine größere Anzahl von Mutationen, die in einer einzigen Generation und aufeinander abgestimmt eintreten müßten (vgl. „irreduzible Komplexität“, s. o.). Dafür aber gibt es keine experimentellen Belege, und theoretische Modelle sind gewöhnlich nur vage formuliert und basieren auf zu stark vereinfachenden Vorstellungen über den untersuchten Gegenstand.⁸

Im folgenden sollen nun in Kurzform einige Vorschläge zur Überwindung der Hürde Makroevolution vorgestellt werden.

Evolution der Homeobox-Gene. Eine Sonderstellung innerhalb des Genoms aller eukaryotischen Lebensformen nehmen die sog. Homeobox-Gene während der Embryonalentwicklung ein. Sie liefern Informationen für Proteine, welche die Transkription (Übersetzung der DNS) anderer Genkomplexe regulieren. Die Homeobox-Gene stehen häufig am Anfang einer ganzen Regulationskaskade zahlreicher anderer Gene. Mutationen der Homeobox-Gene können daher weitreichende Folgen haben, da komplette nachgeschaltete Entwicklungsvorgänge ab- oder auch wieder angeschaltet oder falsche Organe ausgeprägt werden können (z. B. Antennen anstelle von Beinen bei der Fruchtfliege *Drosophila*; Abb. 7). Das Ausmaß, mit dem Homeobox-Gene bzw. deren Mutation in die Steue-

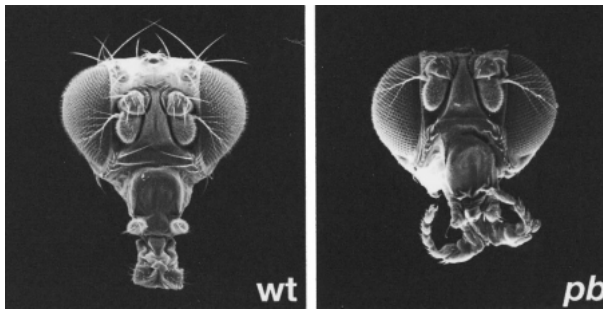


Abb. 7: Phänotypischer Vergleich des Wildtyps (wt) der Fruchtfliege (*Drosophila melanogaster*) mit einer proboscipedia (pb) Verlustmutante. Teile der Mundwerkzeuge sind zu Beinen umgewandelt. (Aus HUGHES & KAUFMAN 2002)

rung komplexer Zusammenhänge eingreifen können, veranlaßte bald nach ihrer Entdeckung Spekulationen über ihr evolutives Potential. Doch das bloße An- oder Abschalten *vorhandener Strukturen* in verschiedenen Zusammenhängen hilft bei der Frage der Makroevolution nicht entscheidend weiter. Homeobox-Gene sind nur ein kleiner Teil des Bauplans einer komplexen Struktur. Ihre Aktivierung ruft einen bestimmten morphologischen Bauplan, ein genetisches Modul, ab. Die *Entstehung der Module* (seien es Antennen, Flügel, Mundwerkzeuge, Beine etc.) bleibt bei den Betrachtungen über die Homeobox-Gene unberührt (WINKLER 2005).

Evolutiver Umbau duplizierter Gene. Eines der Probleme bei der Evolution neuer Eigenschaften ist, daß sich komplexe Systeme „im Betrieb“ nur sehr begrenzt umbauen lassen. Denn der langsame evolutive Übergang von einem Protein zu einem anderen wird in der Regel zu Zwischenformen führen, welche gegenüber der Ausgangsform im selektiven Nachteil sind. Daher wurde folgendes Szenario vorgeschlagen (vgl. **Abb. 8**): Neue Gene mit neuen Funktionen könnten dadurch entstehen, daß Gene

zunächst verdoppelt werden (Genduplikation, ein empirisch nachgewiesener Vorgang) und anschließend das eine von ihnen inaktiviert (und dadurch zum Pseudogen) wird, während das andere seine bisherige Aufgabe weiterhin erfüllt. Auch die Inaktivierung ist ein experimentell nachgewiesener Vorgang. Die inaktive Kopie könnte nun nahezu beliebig umgebaut werden. Sobald der Umbau abgeschlossen ist, kann das Gen wieder angeschaltet werden, und auf einmal scheint ein Evolutionsprung stattzufinden: Viele (vorher akkumulierte) Mutationen werden nun auf einen Schlag wirksam. Wenn sich dieser Vorgang nun vielfach parallel im Genom ereignet, könnte es sogar zu evolutionären Innovationen kommen. Die vorübergehende Inaktivierung ist notwendig, weil das Gen während des Umbaus nicht der Selektion preisgegeben werden darf. Daß durch dieses Szenario tatsächlich neue Funktionen entstehen können, ist experimentell nicht nachgewiesen. Aber auch theoretisch ist dieser Weg extrem unwahrscheinlich: Denn während die Selektion im stillgelegten Pseudogen ausgeschaltet ist, sammeln diese stillen Gene nicht nur positive Mutationen (für eine zukünftige neue Funktion), sondern weit mehr schädliche Mutationen an. Schon dadurch ist die Chance, daß auf diesem Weg eine neue Funktion auftreten kann, praktisch null. Das Wiedereinschalten solcher Gene ist darüber hinaus im allgemeinen unwahrscheinlich und zum „richtigen“ Zeitpunkt (wenn die Information für ein neues Protein fertig ist) noch unwahrscheinlicher (JUNKER & SCHERER 2001, 126-127). Schließlich kann es für den Umbau stillgelegter Gene, die nicht der Selektion ausgesetzt wird, keine Zielvorgabe geben.

Evolution durch Exon shuffling. Gene sind in sogenannte Exons und Introns untergliedert. Nur aus den Exons werden die Aminosäuren für die Proteine übersetzt, während die zwischen den Exons eingefügten Introns dafür nicht verwendet werden. Durch zufällige außerplanmäßi-

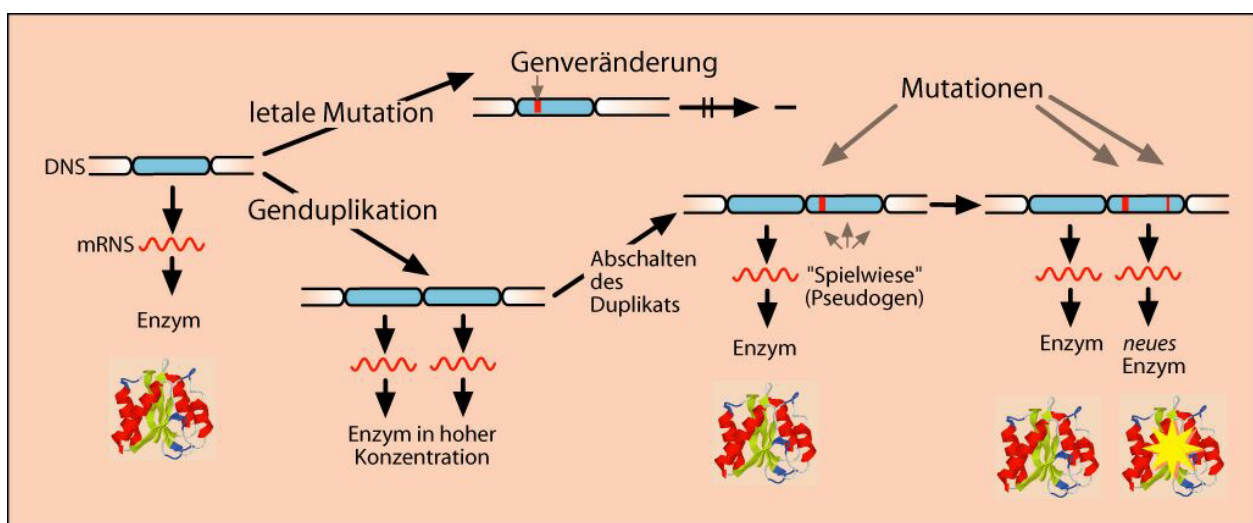


Abb. 8: Genduplikation und Stilllegung des duplizierten Gens. In verschiedenen Genomen hat man stillgelegte Gene mit Ähnlichkeiten zu funktionalen Genen gefunden, die durch Genduplikation entstanden sein könnten. Sie werden als Pseudogene bezeichnet. Nach der Verdopplung eines Gens kann die Zelle ohne Verlust der ursprünglichen Funktion beliebige Veränderungen in der reprimierten Kopie verkraften. Weil das Gen nicht in ein Protein übersetzt wird, sind alle entstehenden Mutationen vorerst neutral. Nach einer Reihe von Mutationen könnte das Gen wieder angeschaltet werden und dann eine neue Funktion ausüben. Im Text wird diese Vorstellung kritisiert (Aus JUNKER & SCHERER 2001)

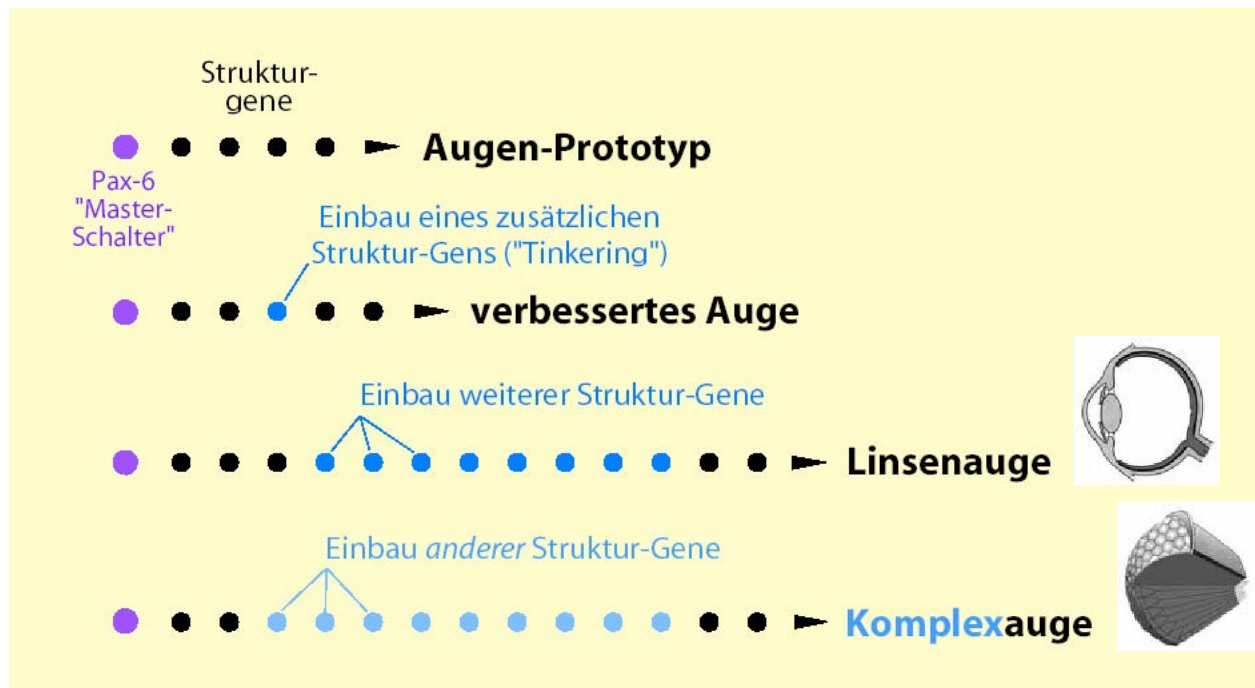


Abb. 9: Stark schematisierte Darstellung des hypothetischen „Gen-Tinkering“ am Beispiel des Auges. Ein Augen-Prototyp wird zunächst als gegeben vorausgesetzt. Die weitere hypothetische evolutive Entwicklung erfolgt durch sukzessive Einfügung weiterer Gene, die unter der Kontrolle des Master-Gens (*pax6*) stehen. Die verschiedenen Augentypen sollen demnach durch unterschiedlichen Einbau untergeordneter Gene entstanden sein. *Pax6* kann daher die Entwicklung verschiedener Augentypen induzieren.

ge Rekombinationsprozesse werden verschiedene Exons gelegentlich auf genetischer Ebene miteinander neu kombiniert („Exon shuffling“). Stellt sich die neue Zusammensetzung als vorteilhaft heraus, dann kann sie von der Selektion weiter optimiert und auf diese Weise ein neues Protein codiert werden. Experimentelle Studien zeigen jedoch, daß dem Exon shuffling enge Grenzen gesetzt sind. Bisher kann man nicht absehen, wie durch solche Vorgänge grundsätzlich neue, funktionale Proteine unter realistischen Bedingungen entstehen können. Diese Mechanismen haben vor allem dann eine Bedeutung, wenn bereits aufeinander abgestimmte Teile zu neuen Kombinationen zusammengefügt werden und so zu einer Quelle biologischer Variabilität werden (JUNKER & SCHERER 2001, 120-123). Hier drängt sich eher die Vorstellung einer „programmierten Variabilität“ auf – übrigens ein Grundkonzept des „Intelligent Design“-Ansatzes, das durch seine explizit teleologische Perspektive Forschung anregt und prüfbar ist (Näheres zum Ansatz des Intelligent Design: JUNKER 2004; RAMMERSTORFER 2003 u.a.).

Gen-Tinkering. Die Proteine der Lebewesen bestehen häufig aus ähnlichen Abfolgen von Aminosäuren. Man nennt solche Abschnitte *Motive* oder *Domänen*. Erstaunlicherweise kommen Proteindomänen (und die zugrundeliegenden Genabschnitte) im ganzen Organismenreich immer wieder in ähnlicher oder sogar gleicher Form vor, jedoch oft in ganz unterschiedlichen Funktionszusammenhängen. Wie kam es dazu? F. JACOB vermutete unbekannte evolutive Prozesse, die bestehende Domänen aneinander „geflickt“ oder Proteine in neue Funktionszusammenhänge eingeschleust haben (vgl. Abb. 9). Diese

evolutionär weitgehend hypothetischen Vorgänge werden unter Gen-Tinkering („Flickschusterei“ mit Genen) subsummiert. Bislang gibt es nur wenige direkte Beobachtungen solcher Vorgänge und sie erscheinen vergleichsweise einfach (Überblick bei NEUHAUS 2002). Makroevolution durch Gen-Tinkering belegen die beobachteten Fälle nicht. Eine Einschätzung der evolutiven Möglichkeiten durch Gen-Tinkering ist aufgrund von Datenmangel bislang kaum möglich. Darüber hinaus bleibt die Frage offen, woher Domänen und funktionelle minimale Anfangszustände kommen. Jeder Baustein, der bei einem evolutiven „tinkering“ verwendet wird, muss ja irgendwann einmal entstanden sein. Die Annahme, dass die benötigten Domänen in einem anderen Zusammenhang evolviert seien, verschiebt nur das Problem.

Schlußfolgerungen. Die Mechanismen für Makroevolution können nicht als geklärt gelten. Es wäre ein Euphemismus, wenn man nur von noch bestehenden „Erklärungslücken“ sprechen würde. Denn damit würde suggeriert werden, daß die wesentlichen Fragen geklärt seien. Tatsächlich aber fehlt eine Erklärung für Makroevolution trotz intensivster Bemühungen *vollständig*.

Entstehung des Lebens

Ein zentraler Bereich des evolutionären Gebäudes, in welchem Erklärungen fehlen, ist dessen Basis, also die erstmalige Entstehung des Lebens auf unserer Erde. Es ist nicht einmal bekannt, wie die Makromoleküle der Lebewesen (Proteine, DNA, Lipide) ohne Steuerung durch einen Chemo-Designer entstehen können. Alles, was man über die Chemie dieser Makromoleküle weiß, spricht

gegen deren Entstehung unter unspezifischen präbiotischen Bedingungen einer frühen Erde. Es ist allerdings sehr wohl bekannt, wie solche Moleküle entstehen können: durch Einsatz von *Know how* und durch Lenkung der chemischen Reaktionen mittels eines entsprechend ausgeklügelten Versuchsaufbaus. Wenn es bisher auch nicht gelang, Lebewesen künstlich herzustellen, so konnte man doch wenigstens die Entstehung einiger ihrer Makromoleküle simulieren. Nimmt man diese Simulationen als Modell für ihre erstmalige Entstehung, so kann es daraus nur eine Schlußfolgerung geben: ohne Steuerung geht es nicht.

3.2 Ähnlichkeiten der Lebewesen

In Abschnitt 2.2 wurde das evolutionäre Ähnlichkeitsargument als Analogieschluß herausgestellt. Ähnlichkeit durch Vererbung ist innerhalb kreuzbarer Populationen direkt nachweisbar. Dabei bewegt man sich jedoch nur im mikroevolutiven Bereich. Wird nun auf Ähnlichkeit durch gemeinsame Abstammung auch im größeren Rahmen (Grundtyp-übergreifend) geschlossen, wird der mikroevolutive Bereich verlassen. Daher ist der Analogieschluß der Deutung von Ähnlichkeit fragwürdig, da die oben genannten Befunde (Abschnitt 3.1) einer echten Analogie widersprechen. Denn im vorigen Abschnitt wurde gezeigt, daß ein Schluß von Mikroevolution auf Makroevolution nicht gerechtfertigt ist. Das Ähnlichkeitsargument setzt aber genau das voraus.

Von dieser Problematik des Analogieschlusses abgesehen ruht das Ähnlichkeitsargument – wie oben beschrieben – auf drei Säulen:

- Die Ähnlichkeiten unter den Lebewesen sind nicht allein durch funktionelle Erfordernisse zu erklären.
- Das enkaptische System der Lebewesen entspricht den Erwartungen der Evolutionstheorie.
- Aus verschiedenen Datensätzen resultieren vergleichbare Ähnlichkeitsbeziehungen.

Alle drei Säulen sind jedoch brüchig. Die erste Säule besteht im Grunde genommen nur auf einer Mutmaßung, die unbewiesen ist. Denn es dürfte kaum je der Nachweis erbracht worden sein, daß bestimmte Ähnlichkeiten tatsächlich funktionell *nicht* zu fordern sind und daher einer evolutiven Erklärung (stammesgeschichtlich bedingte Kanalisierung) zwingend bedürfen. Dieser Einwand trifft insbesondere auf das oben genannte Paradebeispiel zu, nämlich der Bauplanähnlichkeiten der Extremitätenknochen der Landwirbeltiere (Abb. 2). Charles Darwin wunderte sich in seinem Hauptwerk „*On the Origin of Species*“ über deren auffallende Ähnlichkeit und sah darin ein Argument für Evolution. Doch statt sich nur darüber zu wundern und möglicherweise vorschnelle evolutive Schlüsse zu ziehen, könnte man genauso gut motiviert sein, der Frage nachzugehen: Sind die frappierenden Ähnlichkeiten nicht doch vollständig durch funktionelle Erfordernisse erklärbar? Dazu ist eine intensive Erforschung der Struktur-Funktions-Beziehungen erforderlich, und zwar unter Einschluß aller Organisationsebenen der Organismen und ihrer Ontogenese. Erst wenn eine zunächst nur vermutete Diskrepanz zwischen Struktur und Funktion

nicht aufgelöst werden kann und sich deshalb hartnäckig der Verdacht auf evolutive Kanalisierung hält, steigt die Plausibilität des evolutionstheoretischen Arguments. Im Falle der Extremitätenknochen der Landwirbeltiere deutet sich tatsächlich an, daß der Rückgriff auf eine Stammesgeschichte nicht erforderlich ist. So stellt PETERS (1993) fest, daß der Bauplan der Tetrapoden (Vierbeiner)-Extremität „für sich genommen kein unbezweifelbarer Beweis für einmalige Entstehung, also für die Homologie der Teile und damit für die Monophylie der Träger dieses Bauplans“ sein kann. Aus formalen Übereinstimmungen von (komplexen) Strukturen könnten keine voreiligen phylogenetischen Schlüsse gezogen werden. Für den besonderen Bau der Vierbeiner-Extremität können sehr wohl funktionelle Gründe verantwortlich gemacht werden.

Diese Einschätzung erhielt durch eine kürzlich veröffentlichte Untersuchung Unterstützung von überraschender Seite: Eine Studie an den Bewegungsweisen der Krakenarme (SUMBRE et al. 2005) zeigte, daß die Tiere ihre langen Greifarme teilweise versteifen, wenn sie ein Stück Beute ins Maul stopfen. Dabei benutzen sie durch die Versteifung den jeweiligen Arm ganz ähnlich wie der Mensch: Nur drei Stellen bleiben gelenkig und beweglich, dem Handgelenk, dem Ellbogen und dem Schultergelenk vergleichbar. Für die Wissenschaftler zeigt sich damit, daß diese Unterteilung von Gliedmaßen die optimale Lösung für das Heranholen von Objekten ist. Die genaue Auswertung von Filmaufnahmen ergab, daß die Abschnitte zwischen dem vorderen und dem mittleren sowie dem mittleren und dem hinteren Gelenk fast genau gleich lang waren.

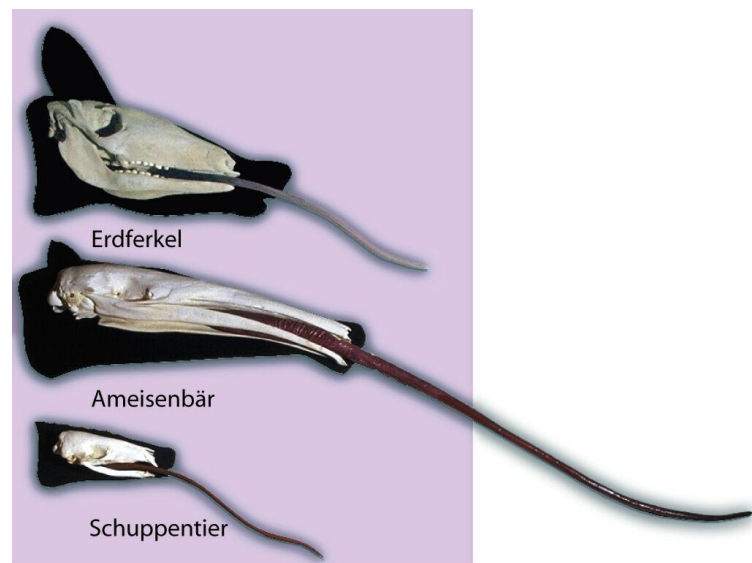


Abb. 10: Mindestens fünfmal unabhängig mußte nach evolutionstheoretischer Deutung eine Leimrute entstanden sein, nämlich beim Ameisenbär, Schuppentier, Erdferkel, Specht und Chamäleon. Es handelt sich um eine verlängerte klebrige Zunge, mit der kleine Insekten (vornehmlich Ameisen oder Termiten) aufgenommen werden. Zum „Leimruten-Bauplan“ gehören außerdem in den meisten Fällen u. a. ein entsprechend schmaler Bau des Unterkiefers, Reduktion oder Fehlen von Zähnen, eine verengte Mundöffnung, gut ausgebildete Speicheldrüsen, Vorrichtungen für das Einstülpen der Zunge und ein Kaumagen. (Westfälisches Museum für Naturkunde Münster; aus JUNKER & SCHERER 2001)

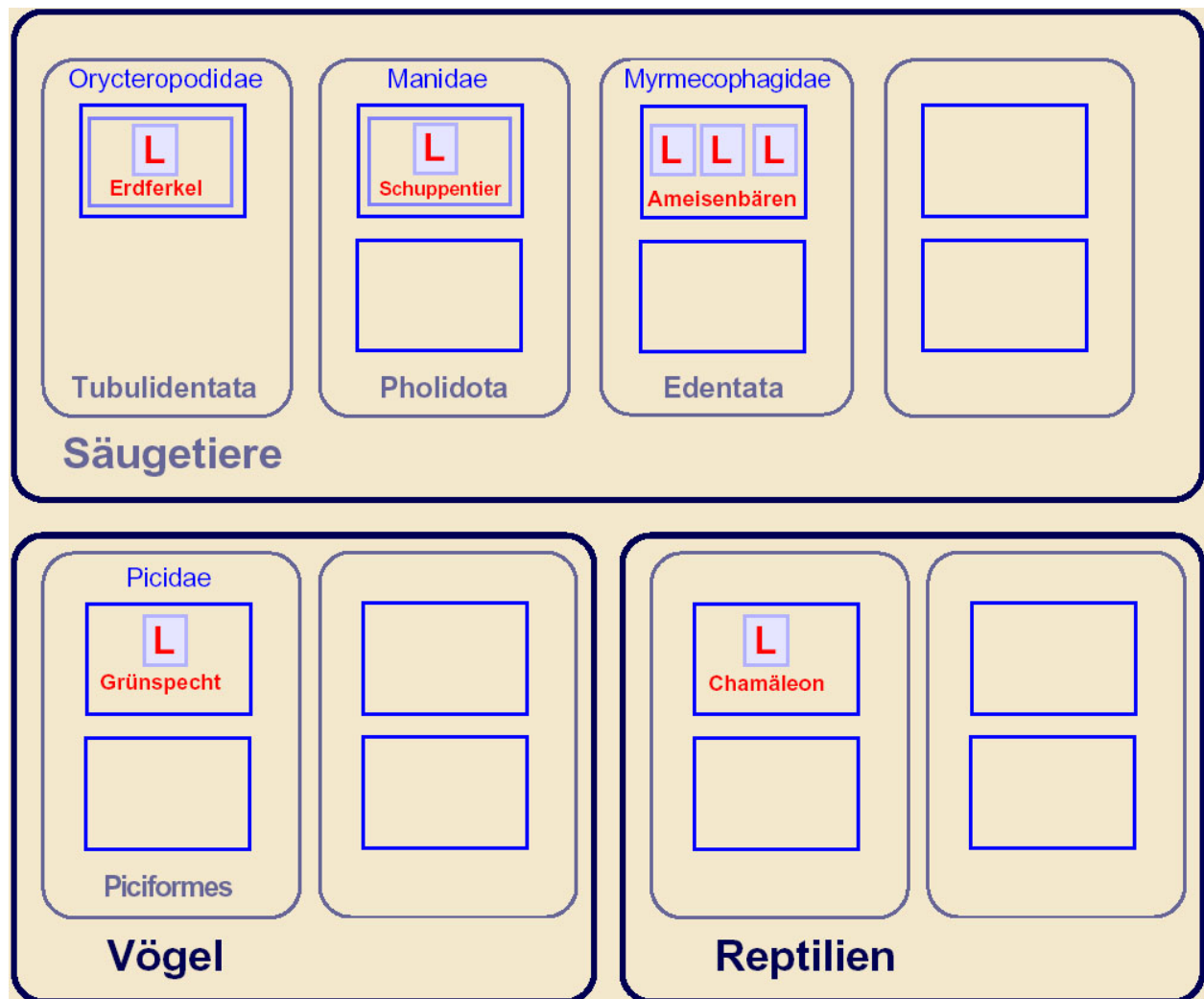


Abb. 11: Leimruten (= L; vgl. Abb. 10) sind ein markantes Beispiel dafür, wie die Enkapsis des Systems der Lebewesen durchbrochen wird.

Damit seien die Arme seien genauso unterteilt wie die von Wirbeltieren.

In diesem Zusammenhang ist auch erstaunlich, daß der Mensch, der ja völlig freie Hand bei der Gestaltung hat, in vielen Fällen Konstruktionen baut, die deutlich an Baupläne der Tiere erinnern. Offenbar sprechen gute funktionelle Gründe für diese Konzepte.

Eine evolutionstheoretische Deutung ist damit natürlich nicht ausgeschlossen, wohl aber kann die Behauptung in Frage gestellt werden, es handle sich dabei um die *einzigste* Deutungsmöglichkeit. Und ein zwingender Schluß von den Beobachtungen auf eine Stammesgeschichte ist erst recht nicht möglich.

Und es soll auch nicht definitiv ausgeschlossen werden, daß manche Ähnlichkeiten *nicht* rein funktionell begründbar sind. So verfolgt REMINE (1993) mit seiner „Message Theorie“ den Gedanken, daß Ähnlichkeiten, die über das funktionell Erforderliche hinausgehen, als Hinweise auf einen gemeinsamen Urheben gewertet werden könnten. Diese Spur soll hier jedoch nicht weiter verfolgt werden.

Die zweite Säule betrifft die Ähnlichkeitshierarchie und das enkaptische System, das daraus abgeleitet werden kann. Die Standfestigkeit dieser Säule leidet unter dem

häufigen Auftreten von *Konvergenzen*. Damit ist das Auftreten baugleicher Konstruktionen bei Lebewesen gemeint, die nur als sehr entfernt verwandt gelten. Ein Beispiel zeigt **Abb. 10**. Tiere mit sog. „Leimruten“ (lange, klebrige, ausstülpbare Zungen) sind unsystematisch unter den Tetrapodengruppen verteilt. Sie lassen sich nicht auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückführen, der diese komplexe Einrichtung bereits besaß. Aufgrund der Verteilung vieler anderer Merkmale muß vielmehr angenommen werden, daß sich Leimruten mindestens fünfmal unabhängig – das heißt konvergent – evolutiv entwickelt haben. Angesichts der Komplexität dieses Apparats stellt dies an sich schon eine Herausforderung für evolutionäre Hypothesen dar. In unserem Zusammenhang aber zeigt dieses Beispiel, daß auch tiefgreifende Ähnlichkeiten für sich genommen nicht als Belege für eine gemeinsame Abstammung gelten können. Es hat sich mittlerweile herausgestellt, daß es ein objektives Kriterium für die Bestimmung einer Ähnlichkeit als Homologie, also als Ergebnis einer gemeinsamen Abstammung, nicht gibt. Eine theorieunabhängige Unterscheidung zwischen phylogenetischen Homologien und Konvergenzen ist nicht möglich (JUNKER 2002, Kapitel 2, dort wird eine ausführliche Begründung gegeben). Einfacher ausgedrückt: Man sieht es den Ähn-

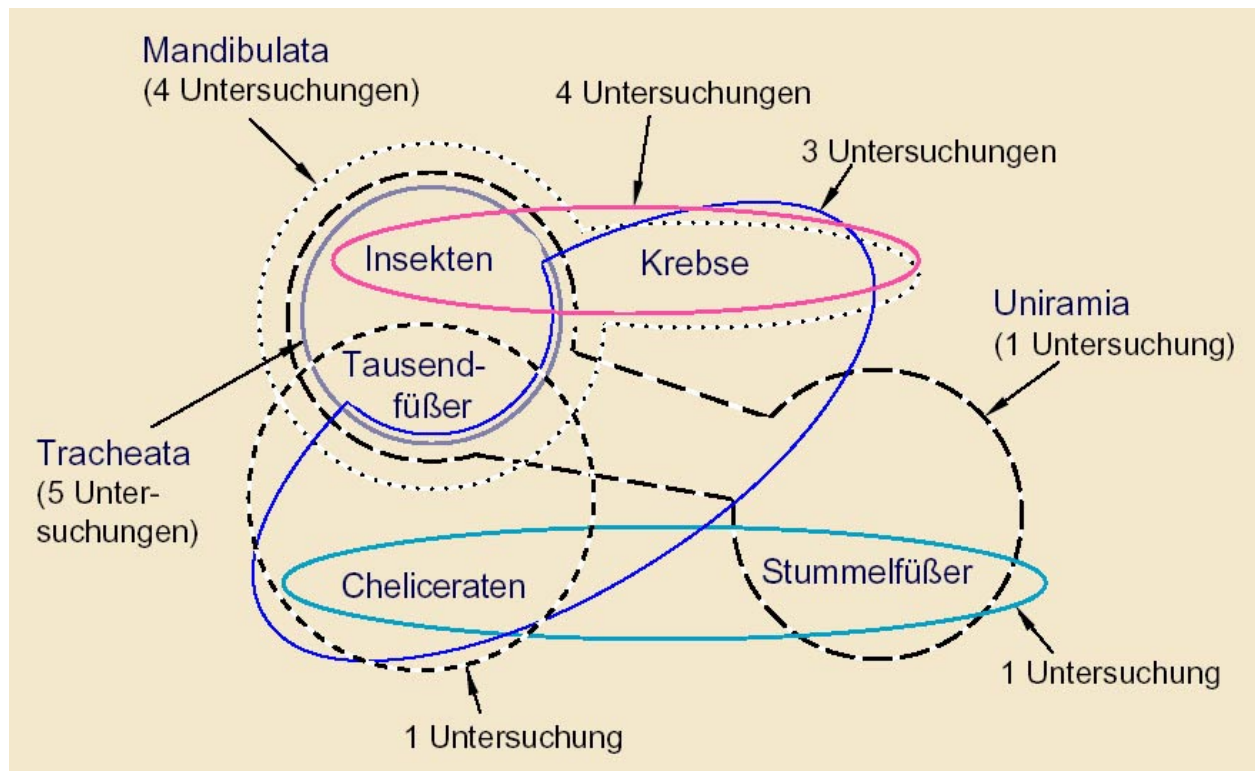


Abb. 12: Ähnlichkeitsbeziehungen unter Lebewesen können als Netzwerk dargestellt werden: Verwandtschaftsverhältnisse der Arthropoden (Gliederfüßer). Je nach zugrundegelegten Merkmalen ergeben sich unterschiedliche Gruppierungen. Die entsprechenden Untersuchungen stammen alle aus den 1990er Jahren (nach WÄGELE 2001, 102). WÄGELE kommentiert diese Abbildung: „Ergebnisse neuerer Analysen sind untereinander nicht kompatibel, mehrere davon oder alle müssen demnach fehlerhaft sein.“

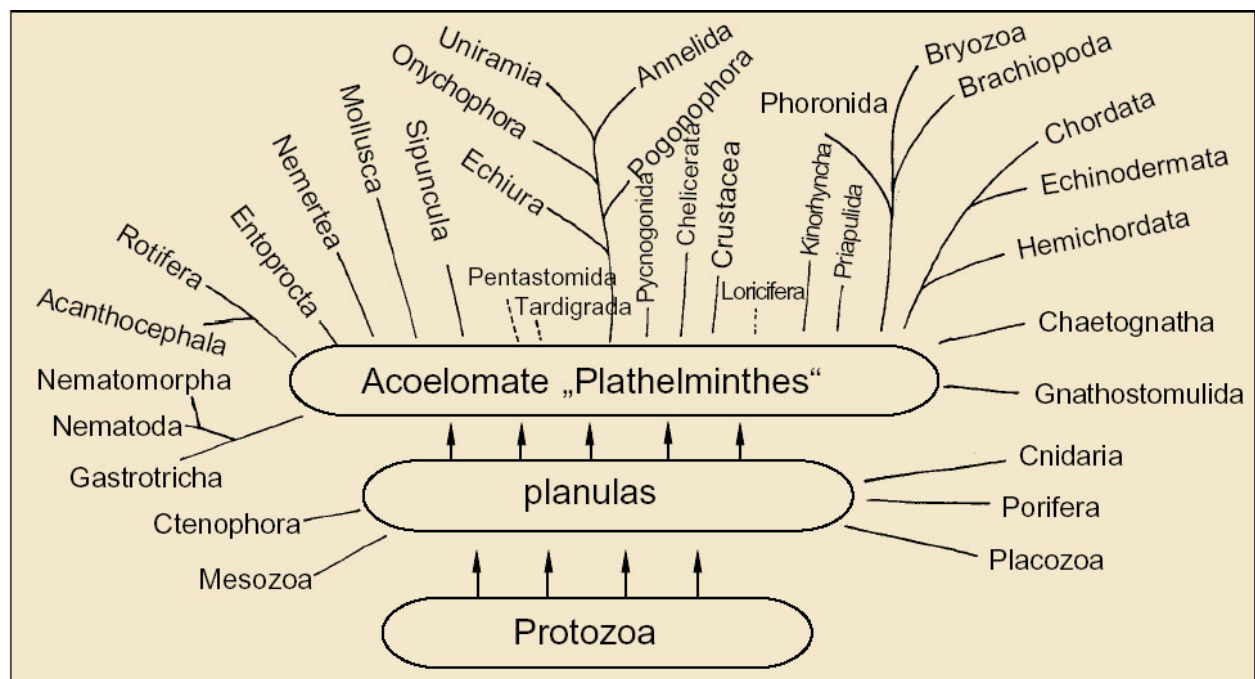


Abb. 13: Verwandtschaftsbeziehungen unter Wirbellosen nach WILLMER (1990). Diese Darstellung ergibt sich nach Berücksichtigung praktisch aller Strukturen, die je als Argumente in der hundertjährigen Diskussion ins Feld geführt wurden. WILLMER (1990, 361) kommentiert: „A phylogenetic scheme for the invertebrates, based on all evidence amassed here, ... cannot be a vine or a neatly dichotomous tree. It must branch like a field of grass low down ...“

lichkeiten von Organen zweier Arten *an sich* nicht an, ob sie abstammungsbedingt sind oder unabhängig (konvergent) mit dem selben bzw. ähnlichen Endergebnis entstanden sind. Damit bricht ein zentraler Pfeiler unter den Evolutionsbeweisen zusammen.

Das Konvergenzproblem kann kaum unterschätzt werden. Die Liste der Konvergenzen, auch von Komplexmerkmalen ist groß und sie enthält auch sogenannte Schlüsselmerkmale (vgl. JUNKER 2003). Das sind solche Merkmale, die als charakteristisch und exklusiv für eine bestimmte Tier- oder Pflanzengruppe gelten (oder galten). Z. B. galten Federn lange Zeit als Schlüsselmerkmal für Vögel. Nun zeigt sich immer wieder, daß selbst Schlüsselmerkmale keine sicheren Anzeiger für stammesgeschichtliche Homologien sind. SHUBIN (1998) fragt aus diesem Grund: „Wenn unabhängige Evolution von Schlüsselmerkmalen verbreitet ist, wie soll Phylogenese dann rekonstruiert werden?“ Und HUNTER (2004) stellt fest: „Ähnlichkeiten unter verwandten Arten gelten als starke Belege für Evolution, Ähnlichkeiten zwischen sonst unähnlichen Arten dagegen werden als Konvergenzen interpretiert. Evolution kann beide Fälle erklären, aber dabei muß Evolution vorausgesetzt werden. Also handelt es sich nicht um starke Belege für Evolution.“

Eine Folge aus dieser Situation ist, daß die enkaptische Ordnung, die evolutionstheoretisch als Folge einer allgemeinen Abstammung mit allmählicher Verzeigung interpretiert wird (s. o.), mehr oder weniger stark gestört ist. **Abb. 11** zeigt dies am Beispiel der Leimruten. Aber es gibt auch wesentlich gravierendere Beispiele in großer Zahl. Bei manchen Tier- und Pflanzengruppen läßt sich die Ordnung der mittleren bis höheren Taxa überhaupt nicht mehr enkaptisch darstellen, sondern nur als eng verflochtenes Netzwerk (**Abb. 12**). Oder der angestrebte Stammbaum mutiert zu einem Rasen aus verschiedenen unabhängigen Linien (**Abb. 13**; Erläuterungen in der Legende). Wird das Baumschema zur Darstellung der Ähnlichkeitsbeziehungen beibehalten, ist in diesen Fällen eine eindeutige Einordnung nicht möglich.

Bei den in den Abbildungen gezeigten Beispielen handelt es sich nicht um seltene Ausnahmen. Konvergenzen sind weit verbreitet. Die Merkmale sind häufig baukastenartig verteilt, es drängt sich nicht selten der Begriff „Baukastensystem“ als Charakterisierung der Merkmalsverteilung auf. Vergleichbare Begriffe wie „tool box“ werden von Evolutionstheoretikern immer wieder benutzt. Das entspricht sicher nicht früher formulierten evolutionstheoretischen Erwartungen und wirft völlig neue Fragen nach den Evolutionsmechanismen auf.

Es sei noch angemerkt, daß viele Konvergenzen nicht durch gleichsinnige Selektionsdrücke verständlich gemacht werden können (Nähreres dazu in JUNKER 2003).

Als dritte Säule wurde die Stimmigkeit von Ähnlichkeitsbeziehungen aufgrund unabhängiger Datensätze genannt. Demnach sollen Ähnlichkeitsbäume, die anhand „klassischer“ (morphologischer, anatomischer) Daten gewonnen werden, mit solchen, die auf molekularen Daten (Sequenzanalysen von Proteinen und DNA) basieren, gut übereinstimmen. Doch diese Stimmigkeiten sind unter-

schiedlich gut, es sind auch zahlreiche Beispiele von erheblichen Merkmalswidersprüchen bekannt. Das gilt sowohl beim Vergleich verschiedener molekularer Datensätze als auch beim Vergleich von molekularen mit morphologischen Daten. Hinzu kommt, daß Merkmalsauswahl und die Aufstellung von Ähnlichkeitsbäumen (sog. Dendrogramme) komplizierte Verfahren sind, deren Vorannahmen nicht zutreffen müssen und die einige subjektive Entscheidungen erfordern. Eine voraussetzungslose Konstruktion von Verwandtschaft mittels molekularer Daten ist daher nicht möglich (W+W 2005).

Ein zusammenfassendes Zitat des Paläontologen James VALENTINE über die Verwandtschaftsbeziehungen der Tierstämme beschreibt die Problematik nicht-passender Datensätze: „Yet many of the developmental and anatomical patterns do not correlate well with one another across the phyla, so that the relationships that are inferred among the phyla depend upon the particular characters that are selected. Proponents of different phylogenies are often in different fields or belong to different schools of thought, and they stress different features as being the more reliable indicators of relationships. As a result, a great number of phylogenetic schemes have been proposed. Thus for most phyla the nature of the ancestral form is actively disputed“ (VALENTINE 2004, 3).

Aus den geschilderten Problembereichen kann gefolgert werden, daß eine allgemeine Evolution *vorausgesetzt* wird, um die Daten der Vergleichenden Biologie innerhalb dieser Voraussetzung zu deuten. Und selbst unter dieser Vorgabe stellt sich heraus, daß viele Befunde ausgesprochen sperrig sind und neue Fragen aufwerfen, wenn die Vorgabe einer allgemeinen Evolution beibehalten wird (z. B. die Frage nach den Mechanismen, die verbreitet zu Konvergenzen – auch von Komplexmerkmalen – führen). Die *Ableitung* einer Evolution aus den Daten der Vergleichenden Biologie ist offenbar nicht möglich.

3.3 Fossilüberlieferung

Der dritte in diesem Beitrag angesprochene Themenkomplex ist die Paläontologie. Zweifellos ist die Regelhaftigkeit der Fossilüberlieferung ein Befund, der zwanglos im Rahmen einer Makroevolution deutbar ist. Allerdings darf der Zeitpunkt des erstmaligen fossilen Nachweises nicht mit dem Entstehungszeitpunkt gleichgesetzt werden. Denn es muß mit der Möglichkeit geologisch nicht überlieferter Lebensräume gerechnet werden (dafür gibt es auch viele Indizien, vgl. STEPHAN 2002). Dieser Hinweis bedeutet keine Schwächung des evolutionstheoretischen Arguments der Abfolge der Fossilüberlieferung, er muß aber zur Vorsicht mahnen, andere Deutungsmöglichkeiten dieses Befundes nicht vorschnell auszuschließen. Wie auf dem Gebiet der Vergleichenden Biologie (Abschnitt 3.2) gibt es auch in der Paläontologie eine Reihe von Befunden, die evolutionstheoretisch unerwartet sind. Zwei regelmäßig anzutreffende Befunde seien genannt:

- Höhere Taxa von Tier- und Pflanzengruppen treten am Beginn ihrer Fossilüberlieferung mehr oder weniger explosiv auf und sind dabei von anderen Gruppen morpho-

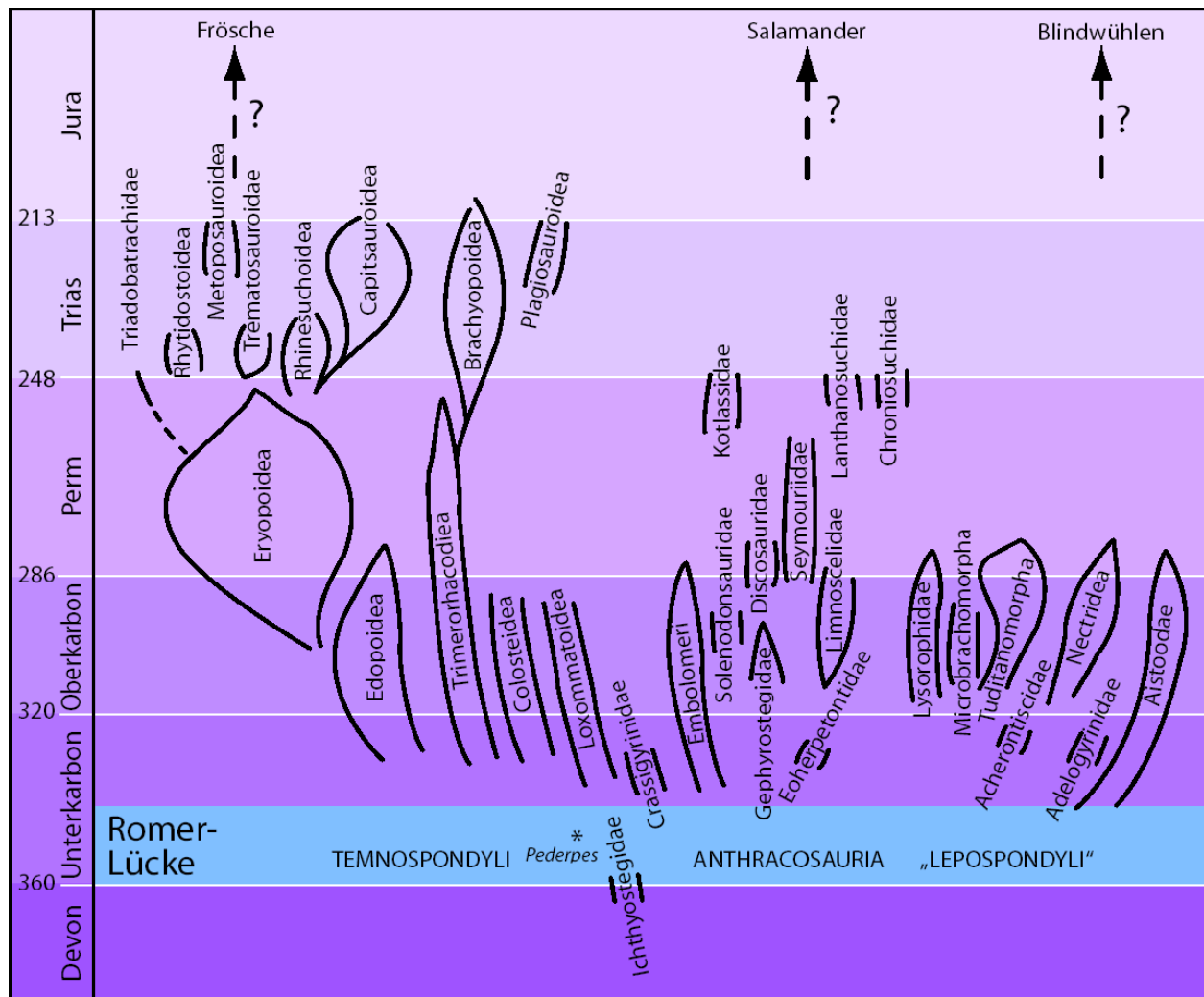


Abb. 14: Überblick über die stratigraphischen Positionen der paläozoischen Tetrapoden. Hervorgehoben ist die sog. Romer-Lücke, ein Zeitraum von ca. 20 Millionen Jahren, aus welchen fast keine Tetrapodenfossilien überliefert sind. Die Verwandtschaftsverhältnisse können nach Aussagen von Spezialisten kaum bestimmt werden. Es gibt für keine Gruppe einen Konsens über die genauen Verwandtschaftsbeziehungen. Zudem sind unter den ältesten karbonischen Fossilien auch ausgesprochen abgeleitete Formen wie die schlangenförmigen Aistopoda. Schließlich sind auch die Verbindungen zu den heutigen Amphibiengruppen unklar. (Nach CARROLL 1993)

logisch deutlich abgesetzt. Schon zu Beginn der Fossilüberlieferung ist die Verschiedenartigkeit der Formen oft beträchtlich. Dies trifft besonders für das Auftreten der Tierstämme im Kambrium zu. Dieser Befund wurde bereits von Charles DARWIN diskutiert; bis heute hat sich daran nichts Wesentliches geändert. So schreibt VALENTINE (2004, 5). „The abrupt early appearance in the fossil record of the remains of numbers of animal phyla has been a famous phenomenon since it was first emphasized by Darwin as a difficulty to his theory. Continued work during the following 140 years has only verified this pattern; most of the major metazoan phyla appear within a geologically narrow window of time, during the Cambrian ‘explosion’ about 520-530 million years ago.“ Und an anderer Stelle: „It has so far proven impossible to trace in the fossil record the pathways of change that led to the bodyplans of any of the phyla; all are cryptogenetic“ (S. 417; Hervorhebungen nicht im Original). Die Situation stellt sich nicht wesentlich anders dar, wenn Tier- und Pflanzengruppen in der weiteren Schichtenfolge auftauchen. Beispielhaft seien die Tetrapoden (Vierbeiner) ge-

nannt (Abb. 14). Nach einer Überlieferungslücke von ca. 20 Millionen Jahren (sog. Romer-Lücke) taucht im Unterkarbon eine große Fülle unterschiedlichster fossiler Tetrapoden auf. Das Spektrum reicht von zarten, mausgroßen Tieren bis zu großen, räuberisch lebenden Formen oder beinlosen, schlangenförmigen Tieren wie die Aistopoda. Manche Formen sind so sehr spezialisiert, daß evolutionär eine lange Vorgeschichte angenommen werden muß, dafür gibt es jedoch keine Fossildokumentation (CLACK 2002, 221; vgl. JUNKER 2005a). Nach dem Fossilbefund treten landlebende Tetrapoden also etwas zeitgleich abrupt und in großer Verschiedenartigkeit auf. Sowohl ihre Verwandtschaftsverhältnisse zueinander und zu jüngeren Formen als auch die Frage, ob sie von mehr ans Landleben angepassten Vorfahren abstammen oder nicht, sind ungeklärt (CLACK 2002, 196, 221). Entsprechend erlaubt die Formenvielfalt kaum eine phylogenetische Rekonstruktion (CARROLL 1992, 47; DAESCHLER 2000, 301) und es muß eine große Zahl an Konvergenzen und Reversionen (Rückentwicklungen) angenommen werden. Eine Konsequenz dieser Befunde ist, daß der berühmte erste Vierbeiner

Ichthyostega seit einiger Zeit als blinder Seitenzweig der Evolution betrachtet wird (CLACK 2002).

Als weiteres Beispiel sei der evolutionäre Übergang von Dinosauriern zu Vögeln genannt. Es sind zwar zahlreiche Formen bekannt, die in unterschiedlichem Ausmaß Reptil- und Vogelmerkmale kombinieren. Doch auch hier haben wir es mit dem Phänomen des plötzlichen Auftretens recht unterschiedlicher Formen in einer kurzen geologischen Zeitspanne zu tun. Hier treten ebenfalls „fortschrittliche“ Merkmale oft schon früh auf (z. B. sind die ältesten fossil überlieferten Federn so „modern“ wie heutige Federn). Und genauso stellt sich die Formenvielfalt viel mehr als Busch denn als Baum dar und es muß ebenfalls ein großes Ausmaß an Konvergenzen und Reversionen angenommen werden. Das im Abschnitt 3.2 angesprochene Konvergenzproblem tritt hier wieder deutlich zutage.

- Beim fossilen Erscheinen der höheren Taxa findet sich innerhalb der Taxa in der Regel keine klare Abfolge von „primitiv“ zu „höherentwickelt“ bzw. „ursprünglich“ zu „abgeleitet“. Dies wurde anhand der vorigen Beispiele bereits angedeutet. So erscheinen ausgerechnet die am meisten abgeleiteten Formen unter den karbonischen Tetrapoden ganz zu Beginn der Fossilüberlieferung. Darüber hinaus ist die Formenvielfalt so immens, daß Ähnlichkeitsbeziehungen sinnvollerweise als Netzwerk darstellbar sind. Dies trifft auch auf die Formenvielfalt der devonischen und karbonischen Pflanzengruppen (JUNKER 1996; JUNKER 2000) und auf viele weitere Beispiele zu.

4. Schlußfolgerungen

Zahlreiche Daten der Biologie und Paläontologie können einigermaßen schlüssig im Rahmen der Evolutionstheorie verständlich gemacht werden, das heißt sie finden bei *Vorgabe* einer Makroevolution eine plausible Deutung. Eine Reihe von Daten kann auch als Bestätigung von Vorhersagen gewertet werden, die aus der Evolutionstheorie resultieren, z. B. die Fossilabfolge (im Groben betrachtet) und die Ähnlichkeitshierarchie der Lebewesen.

Andererseits entsprechen zahlreiche Befunde, die *regelmäßig* auftreten, nicht den ursprünglichen evolutionstheoretischen Erwartungen. Dazu gehören:

- *In der Vergleichenden Biologie:* Das häufige Auftreten von Konvergenzen (insbesondere bei Komplexmerkmalen), und damit zusammenhängend die oft eher netz- als baumförmige Beziehung zwischen den Taxa sowie mangelnde Kongruenz zwischen verschiedenen Datensätzen.
- *In der Paläontologie:* Das plötzliche Auftreten von Fossilgruppen; dabei ist die Verschiedenartigkeit häufig bereits zu Beginn der Fossilüberlieferung erheblich, so daß auch abgeleitete Merkmale oder Taxa bereits früh in den jeweiligen Abfolgen fossil in Erscheinung treten.
- *In der kausalen Evolutionsforschung:* Eine Unterscheidung zwischen Mikro- und Makroevolution, die sich an der *Qualität* der Veränderungen der Lebewesen orientiert, ist unbedingt geboten. Makroevolution steht für die Entstehung neuer Konstruktionen, die nicht als Extrapolation

von Variationsvorgängen wie Anpassungen, Spezialisierungen oder Optimierungen betrachtet werden kann. Für makroevolutive Veränderungen fehlen experimentelle Belege; dafür vorgeschlagene Mechanismen wie Evolution neuer funktionaler Gene durch Genduplikation, durch Exon Shuffling, durch Mutation von Hox-Genen oder durch Gen-Tinkering sind weitgehend hypothetisch. Insbesondere ist ungeklärt, wie Leben oder wenigstens die wichtigen Makromoleküle der Lebewesen erstmals unter unspezifischen Bedingungen einer hypothetischen frühen Erde entstanden sein könnten.

Die genannten Befunde falsifizieren die Evolutionstheorie zwar nicht, erforderten in der Vergangenheit aber wiederholt so schwerwiegende Änderungen im Theoriengebäude, daß man oft nicht mehr von Bestätigung von Vorhersagen sprechen kann, sondern nur von *Deutungen im Nachhinein*.

Von einer Erklärung des makroevolutiven Wandels im Sinne des Ableitens der empirischen Befunde aus allgemeinen Gesetzmäßigkeiten und spezifischen Randbedingungen kann nicht gesprochen werden. Lediglich für einige mikroevolutive Vorgänge trifft dies zu.

Dank: Einige wertvolle Anregungen erhielt ich von Harald BINDER, Markus RAMMERSTORFER und Manfred STEPHAN.

Anmerkungen

¹ Einen Überblick zum Thema „Intelligent Design“ und an diesem Konzept geäußerte Kritik bietet JUNKER (2004)

² Grundtypen werden wie folgt definiert: „Alle Individuen, die direkt oder indirekt durch Kreuzungen verbunden sind, werden zu einem Grundtyp gerechnet“ (JUNKER & SCHERER 2001, 34). Dabei spielt es keine Rolle, ob die Mischlinge fruchtbar und oder nicht und ob sie im Freiland oder unter Zuchtbedingungen auftreten. Beispielsweise bilden die Entenartigen (mit Enten, Gänsen und Schwänen) einen Grundtyp. Detaillierte Ausführungen und ausführliche Beschreibungen zu Grundtypen finden sich in SCHERER (1993).

³ Optimierungen sind als Spezialisierungen eines variablen Merkmals zu verstehen. Beispielsweise wurden Getreide züchterisch auf möglichst großen Ertrag hin optimiert. Optimierungen gehen gewöhnlich auf Kosten anderer Fähigkeiten und sind relativ zur jeweiligen Umwelt zu beurteilen und nicht als Verbesserungen einer zuvor unvollkommenen Struktur zu verstehen.

⁴ Ein Beispiel: Studien an Stichlingen zeigen, daß nur wenige Veränderungen an einigen bestimmten Stellen im Erbgut der Fische genügen, um größere Veränderungen im Aussehen zu verursachen, z. B. die Ausprägung von knöchernen Panzerplatten und Bauchstacheln (CRESKO et al. 2004). Die Untersuchungen deuten darauf hin, daß es ein fein abgestimmtes Netz von genetischen Programmen gibt, die durch einige wenige „Schaltgene“ gesteuert werden. Die Herkunft der Bauteile wird durch diese Befunde jedoch nicht erklärt.

⁵ SCHERER (1995) operiert hier mit dem Begriff „Basisfunktionszustand“. Dieser Begriff ist wie folgt definiert: „Zwei Basisfunktionszustände sind gegeben, wenn der postulierte Übergang zwischen ihnen nicht mehr in weitere selektionspositive Zwischenstufen unterteilt werden kann“ (SCHERER 1995, 86). Er diskutiert als konkretes Beispiel die hypothetische Evolution einer elektronentransportabhängigen ATP-Bildung aus einem gärenden Bakterium. Im biochemischen Bereich können unter

Zugrundelegung von Mutationsraten, großen Zeiträumen und Populationsgrößen quantitative Abschätzungen zur Wahrscheinlichkeit der Überbrückung zweier Basisfunktionszustände durchgeführt werden. Ein weiteres Beispiel dieser Art wird in Junker & Scherer (2001, S. 128-134) anhand des Bakterienrotationsmotors diskutiert.

⁶ Im biochemischen Bereich sind Quantifizierungen möglich. Sie stehen jedoch unter dem Vorbehalt weiterer Kenntnisse über Variationsmechanismen.

⁷ Ein Nachteil des Konzepts der irreduziblen Komplexität ist es allerdings, daß es im strengen Sinne nur auf klar abgrenzbare molekulare Systeme angewendet werden kann. Die Argumentation mit irreduzibler Komplexität greift zwar prinzipiell auf allen Ebenen der Organisation der Lebewesen; höhere organismische Organisationsniveaus sind aber viel schwerer zu durchschauen, womit der Nachweis von irreduzibler Komplexität schwieriger wird.

⁸ Ein Beispiel: HANSEN (2003, 83f.) schreibt über die vielzitierte Computersimulation von NILSSON & PELGER der Entstehung des Linsenauges: „This model [Nilsson & Pelger; Erg.] assumes that continuous genetic variation arises in a number of defined traits describing the size, shape and optical properties of the involved tissues. It assumes that the variation in each trait is independent of the variation in the other traits, and of the rest of the organism. In essence, it assumes that variation along the entire continuum from the initial sheet of photoreceptors to the final complex eye is made readily available for selection on a step-by-step basis. In fact, as Nilsson and Pelger point out, this makes the model comparable to the evolution of a one-dimensional quantitative character with unlimited variability (i.e. unlimited capability to produce more extreme variants). We may ask how pessimistic it really is to assume that an organ as complex as an eye should have a variational basis that is no more complex than that of simple univariate size trait?“ Und weiter: „Returning to Nilsson and Pelger’s analysis of the evolution of the eye, we can identify one source of the immense evolvability of their model as stemming from the division of the eye into a set of characters that are variationally independent both of each other and of the rest of the organism. This is a seemingly innocent, but perhaps very optimistic assumption“ (S. 84). „Another optimistic aspect of the eye model is the assumption of a continuous path of improvement that allows the eye to evolve as if it was a single character“ (S. 91). Das heißt: Der Komplexität und Vernetztheit von organismischen Bauplänen wird nicht Rechnung getragen; solche Modellrechnungen sind daher gemessen an der heute bekannten biologischen Realität unangemessen, ja sie sind im Grunde genommen irrelevant.

Literatur

- BEHE MJ (1996) Darwin’s Black Box: the Biochemical Challenge to Evolution. NEW YORK.
- CARROLL RL (1992) The primary radiation of terrestrial vertebrates. *Annu. Rev. Earth Planet. Sci.* 20, 45-84.
- CARROLL RL (1993) Paläontologie und Evolution der Wirbeltiere. Stuttgart.
- CARROLL RL (2000) Towards a new evolutionary synthesis. *Trends Ecol. Evol.* 15, 27-32.
- CLACK JA (2002) Gaining Ground. The origin and evolution of Tetrapods. Bloomington and Indianapolis.
- CRESKO WA, AMORES A, WILSON C, MURPHY J, CURREY M, PHILLIPS P, BELL MA, KIMMEL CB & POSTLETHWAIT JH (2004) Parallel genetic basis for repeated evolution of armor loss in Alaskan threespine stickleback populations. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 101, 6050-6055.
- DAESCHLER EB (2000) Early tetrapod jaws from the Late Devonian of Pennsylvania, USA. *J. Paleont.* 74, 301-308.
- HANSEN TF (2003) Is modularity necessary for evolvability? Remarks on the relationship between pleiotropy and evolvability. *Biosystems* 69, 83-94. <http://bio.fsu.edu/~tfhansen/publist/Hansen2003.pdf>
- HUGHES CL & KAUFMAN TC (2002) Hox genes and the evolution of the arthropod body plan. *Evol. Dev.* 4, 459-499.
- HUNTER CG (2004) Why evolution fails the test of science. In: DEMBSKI WA (ed) *Uncommon dissent. Intellectuals who find Darwinism unconvincing.* Intercollegiate Studies Institute, S. 195-214.
- JUNKER R (1996) Evolution früher Landpflanzen. Neuhausen-Stuttgart.
- JUNKER R (2000) Samenfarne, Bärlappbäume, Schachtelhalme. Neuhausen-Stuttgart.
- JUNKER R (2002) Ähnlichkeiten, Rudimente, Atavismen. Holzgerlingen.
- JUNKER R (2003) Ist die evolutionäre Systematik zirkelschlüssig? *Stud. Int. J.* 10, 3-10.
- JUNKER R (2004) Intelligent Design. www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/p1622.php
- JUNKER R (2005a) Vom Fisch zum Vierbeiner – eine neue Sicht zu einem berühmten Übergang. Teil 3: Tetrapoden des Unterkarbons, unklare Selektionsdrücke und andere evolutionstheoretische Probleme. *Stud. Int. J.* 12, 11-18.
- JUNKER R (2005b) Irreduzible Komplexität. www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/p1624.php
- JUNKER R & SCHERER S (2001) Evolution – ein kritisches Lehrbuch. Gießen, 5. Aufl. (eine stark überarbeitete 6. Auflage ist für 2006 in Vorbereitung)
- LEIGH EG (1999) The modern synthesis, Ronald Fisher and creationists. *Trends Ecol. Evol.* 14, 495-498.
- MAHNER M (2002) Erklärung. *Nat. Rdsch.* 55, 173-174.
- MAHNER M & BUNGE M (2000) Philosophische Grundlagen der Biologie. Berlin.
- NEUHAUS K (2002) Gene tinkering: Kann in komplexe biologische Systeme neue Information eingeflickt werden? *Stud. Int. J.* 9, 59-66.
- PETERS DS (1993) Konstruktionszwänge bei der Skelettentwicklung am Beispiel der Tetrapoden-Gliedmaßen. *Praxis der Naturwiss. – Biologie* 8/42, 38-42.
- RAMMERSTORFER M (2003) Ein Grundriss der Intelligent-Design-Theorie. <http://members.aon.at/evolution/GrundrissIDws.htm>. Auf der Homepage von M. Rammerstorfer (<http://members.aon.at/evolution/>) finden sich weitere lesenswerte Artikel rund um das Thema „Intelligent Design“.
- Scherer S (Hg., 1993) *Typen des Lebens. Studium Integrale*. Berlin.
- SCHERER S (1995) Höherentwicklung bei Bakterien: Ist ein molekularer Mechanismus bekannt? In: MEY J, SCHMIDT, R & ZIBULLA S (Hg) *Streitfall Evolution*. Stuttgart, S. 85-104.
- SHUBIN N (1998) Evolutionary cut and paste. *Nature* 394, 12-13.
- STEPHAN M (2002) Der Mensch und die geologische Zeittafel. Holzgerlingen.
- SUMBRE G, FIORITO G, FLASH T & HOCHNER B (2005) Motor control of flexible octopus arms. *Nature* 433, 595.
- VALENTINE JW (2004) On the origin of phyla. Chicago.
- WASCHKE T (2000) Bedeutungsumfang des Begriffs ‘Makroevolution’. www.waschke.de/twaschke/gedank/makroevolution.htm (Zugriff am 1. 10. 2005)
- WILLMANN R (1985) Die Art in Raum und Zeit. Berlin und Hamburg.
- WINKLER N (2005) Homeobox-Gene und Evolution. www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/i41265.php
- W+W (2005) Studiengemeinschaft Wort und Wissen: Molekularbiologie. www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/e41302.php