

Universelle Evolution

Eine Einführung in die verallgemeinerte Evolutionstheorie

Gerhard Schurz

[Buchvorderseite: Coverbild

Imprint: Spektrum Akademischer Verlag]

[Buchrückseite:

Klappentext: Zum Inhalt des Buches, und zum Autor (Foto)]

INHALT

Vorwort und Einleitung

TEIL I: WOHER KOMMEN WIR? EVOLUTION IN DER NATUR

1. Von der Genesis zur Evolution: die historische Ablösung der Evolutionstheorie aus metaphysisch-normativen Entwicklungskonzeptionen

- 1.1 Fernab von Darwin: Entwicklungstheorien des Common Sense
- 1.2 Der planvolle Schöpfungsakt: Spielarten des Kreationismus
- 1.3 Zielgerichtete Bildungskraft: Teleologie nach Aristoteles
- 1.4 Beginnende Naturwissenschaft: Entwicklungstheorien vor Darwin
- 1.5 Die Entstehung der Darwinschen Evolutionstheorie

2. *The Modern Synthesis*: von Darwin bis zur biologischen Evolutionstheorie der Gegenwart

- 2.1 Mendel und die Mechanismen der Vererbung
- 2.2 Theoretische und empirische Populationsgenetik
 - 2.2.1 Mathematisch-theoretische Populationsgenetik – 2.2.2 Empirische (ökologische und experimentelle) Populationsgenetik
- 2.3 Genetischer Code und epigenetische Steuerung
- 2.4 Zwischen Stagnation und Revolution: Eckdaten biologischer Evolution
- 2.5 Kategorisierung des Evolvierenden: das Problem der natürlichen Klassifikation biologischer Arten und Gattungen

3. Was man strengen Kreationisten entgegenhält: Evidenzen für die Evolution

- 3.1 Direkter empirischer und praktischer Nachweis der evolutionären Selektion
- 3.2 Biogeographie: evolutionäre Erklärung geographischer Variation
- 3.3 Unabhängige Methoden der Altersbestimmung
 - 3.3.1 Fossilfunde, Serien und Lücken – 3.3.2 Altersbestimmung durch radioaktive Isotopen – 3.3.3 Altersbestimmung durch neutrale Mutationsraten
- 3.4 Unabhängige Methoden der Generierung evolutionärer Stammbäume
- 3.5 Die Bestätigungskraft unabhängiger Evidenzen

4. Was man liberalen Kreationisten und Teleologen entgegenhält: Evidenzen gegen das Designargument und Auflösung von Denkschwierigkeiten

- 4.1 Suboptimalitäten in der Evolution: Evidenzen gegen das Design-Argument
- 4.2 Kann das alles denn wirklich ohne das Wirken höherer Kräfte entstanden sein? Fundamentale Denkschwierigkeiten und ihre Auflösung
 - 4.2.1 Zur Wahrscheinlichkeit der Entstehung höheren Lebens – 4.2.2 Die Bedeutung der geschlechtlichen Vermehrung – ein Argument gegen Klonen – 4.2.3 Das Problem der Makrotransformationen: Exadaptation und Präadaptation
- 4.3 Aber wie entsteht die erste Zelle? Kooperation unter RNS-Molekülen und die prä-

biotische Evolution primitivsten Lebens

4.4 Wunder des Lebens und Wunder der Zeit: quasi-göttliche Unvorstellbarkeiten

5. Das anthropische Prinzip: Wiederaufleben des Kreationismus in der Kosmologie

5.1 Astrobiologie: Wie (un)wahrscheinlich ist die Entstehung von Leben im Universum?

5.2 Das anthropische Prinzip: Begründung versus Erklärung

5.3 Alternative Erklärungen des Unwahrscheinlichen: vier Zugänge zur Letztfrage

5.4 In welchem Sinn unwahrscheinlich? Objektive und subjektive Wahrscheinlichkeit

5.5 Ist der Erklärungsdurst stillbar? Zur Illusion von Letzterklärungen

5.6 Kreationismus von vornherein unwissenschaftlich? Empirisch kritisierbare versus unkritisierbare Kreationismusformen

5.7 Rationalisierter Kreationismus und Voraussagekriterium: das Abgrenzungsproblem

5.8 Bayesianische Bestätigung des Kreationismus?

5.9 Wissenschaftliche Erklärungsversuche: Schwarze Löcher und Urknalle – Evolution des Kosmos?

TEIL II: EVOLUTION ÜBERALL? VERALLGEMEINERUNG DER EVOLUTIONSTHEORIE

6. Prinzipien moderner Evolutionstheorie und ihre Verallgemeinerung

6.1 Die drei darwinschen Module: Evolution als rekursiver Algorithmus

6.2 Grundlektionen evolutionären Denkens

6.2.1 Was wird selektiert? – 6.2.2 Subversion von Ziel, Fortschritt und Essenz – 6.2.3 Gerichtete Evolution und Stabilität der Selektionsparameter – 6.2.4 Elimination und Produktion von Vielfalt – 6.2.5 Evolution der Evolutionsfähigkeit – 6.2.6 Alternativen zum Darwinismus oder Varianten eines vereinheitlichenden Paradigmas?

6.3 Verallgemeinerung der Evolutionstheorie

6.3.1 Kulturelle Evolution – 6.3.2 Individuelle Evolution – 6.3.3 Verallgemeinerte Evolutionstheorie – Theorie oder Metapher? – 6.3.4 Weitere Ebenen der Evolution

6.4 Protoevolution physiko-chemischer Strukturen auf der Basis von begrenzter Variation und Retention

6.5 Die Protoevolution von Planetensystemen

6.6 Die Verschachtelungshierarchie evolutionärer Systeme: Größenordnungen und Zeitfenster

7. Wissenschaftstheoretische Grundlagen der Evolutionstheorie

7.1 Systemtheoretische Grundlagen: Geschlossene versus offene Systeme

7.2 Selbstregulative Systeme, evolutionäre Systeme, und ihre normischen Gesetzmäßigkeiten

7.3 Stufen der evolutionären Selbstregulation und Selbstorganisation

7.4 Evolutionäre Normalität und genuine evolutionäre Funktion

7.5 Survival of the Fittest – eine Tautologie? Gehalt und Überprüfbarkeit der Evolu-

tionstheorie

7.6 Naturgesetze versus Systemgesetze. Verallgemeinerte Evolutionstheorie als übergreifendes Paradigma 'höherer' Wissenschaften

7.7 Supervenienz ohne Reduzierbarkeit: Zu Verhältnis von Biologie (bzw. 'höheren' Wissenschaften) und Physik

8. Konflikte zwischen Evolutionstheorie und humanistischem Weltbild: die ethische Dimension

8.1 Psychologische und gesellschaftliche Widerstände gegen darwinistische Weltbildumwälzungen

8.2 Konflikte zwischen Evolutionstheorie und humanistischer Moral?

8.2.1 Spencers Sozialdarwinismus – 8.2.2 Drei Thesen – 8.2.3 Rassismus – 8.2.4 Eugenik

8.3 Brückenprinzipien für eine evolutionäre Ethik

8.3.1 Sein und Sollen – 8.3.2 Gene versus Umwelt: hat die Soziobiologie ideologische Funktion? –

8.3.3 Brückenprinzipien zwischen Sein und Sollen

8.4 Moral aus evolutionärer Sicht: die Evolution sozialer Kooperation

8.5 Sozialdarwinismus versus soziale Evolutionstheorie

TEIL III: MENSCHLICH - ALLZUMENSCHLICH: EVOLUTION DER KULTUR

9. Kulturelle Evolutionstheorie (KE)

9.1 Meme: Entstehung und Grundprinzipien der kulturellen Evolutionstheorie

9.2 Evidenzen für kulturelle Evolution

9.2.1 Nichtreduzierbarkeit der KE auf biologisch-genetische Evolution – 9.2.2 Unbegrenzte geistig-kulturelle Kreativität und Nichtreduzierbarkeit der KE auf individuelle Einzelleistungen – 9.2.3

Die Nichtintentionalität der KE: Nichtreduzierbarkeit auf Handlungstheorie – 9.2.4 Scheitern alternativer Theorien. Kritik soziologistischer Lerntheorien – 9.2.5 Parallelitäten zwischen BE und KE

9.3 Kritik an der Memetik als eigene Wissenschaft

9.4 Das Problem der Lokalisation und Identität von Memen

9.5 Mechanismen der kulturellen Reproduktion

9.5.1 Imitation und Lernen – 9.5.2 Kulturelle Evolution bei Tieren – 9.5.3 Replikation, Reproduktion, Informationsübertragung und Retention – 9.5.4 Mischvererbung, Stammlinienvereinigung und kulturelle Quasi-Spezies

9.6 Detailfragen der kulturellen Variation

9.6.1 Gerichtete Variation – 9.6.2 Makromutationen – 9.6.3 Hohe Variationsrate – 9.6.4 Variation als Interpretation: interpretative Wissenschaften aus evolutionstheoretischer Perspektive

9.7 Detailprobleme der kulturellen Selektion

9.7.1 Fertilitätsfitness und Vitalitätsfitness von Memen – 9.7.2 Selektionskriterien und Rationalitätskriterien – ein Zusammenhang? – 9.7.3 Fundamentalismus und Aufklärung: Weltanschauungen als Selektionsmechanismen – 9.7.4 Autoselektion: Kopplung von Variation und Selektion – 9.7.5 Kulturelle Nischenkonstruktion und Umweltinduktion

9.8 Häufigkeitsabhängige Selektion

9.8.1 Reflexive Häufigkeitsabhängigkeit – 9.8.2 Negativ-reflexive Häufigkeitsabhängigkeit und nachhaltige kulturelle Vielfalt – 9.8.3 Interaktive Häufigkeitsabhängigkeit und evolutionäre Spieltheorie

9.9 Zusammenfassung der Unterschiede der KE gegenüber der BE

10. Leistungen und exemplarische Anwendungsbereiche der kulturellen Evolutionstheorie

10.1 Beispiele für überzogene oder unfaire Kritiken an der KE-Theorie

10.2 Diamonds Menschheitsgeschichte als Musterbeispiel implizit-evolutionärer Geschichtsschreibung

10.3 Das Beispiel der technologischen Evolution

10.4 Weitere Anwendungen der KE-Theorie im Überblick

11. Interaktionen zwischen der kulturellen, biologischen und individuellen Evolution (KE, BE und IE)

11.1 Individuelle Evolution und Arten des individuellen Lernens

11.1.1 Prägung – 11.1.2 Klassische Konditionierung als Umweltinduktion – 11.1.3 Operante Konditionierung als Evolutionsprozess – 11.1.4 Einsicht und Konstruktion kognitiver Modelle

11.2 Relative Vorteile von BE, KE und IE

11.3 Interaktionen zwischen der KE und der IE

11.3.1 Arten sozialen Lernens – 11.3.2 Transfer von der IE zur KE und verallgemeinerter Lamarckismus

11.4 Interaktionen zwischen der KE und der BE

11.4.1 Wilson-Effekt und Baldwin-Effekt – ein Quasi-Lamarckismus – 11.4.2 Gene versus Kultur: Gegenläufigkeiten zwischen KE und BE

11.5 Ein 'heißes Eisen': invers-korrelierte Reproduktion am Beispiel des IQ

TEIL IV: GEDANKLICHE AKROBATIK: MATHEMATISCHE GRUNDLAGEN UND THEORETISCHE MODELLE DER VERALLGEMEINERTEN EVOLUTIONSTHEORIE

12. Mathematische Grundlagen der verallgemeinerten Evolutionstheorie

12.1 Dynamische Systeme, Differenz- und Differentialgleichungen

12.2 Stabilität, Indifferenz und Instabilität von Trajektorien

12.3 Populationsdynamische Beschreibung evolutionärer Systeme

12.4 Genotypengleichgewichte ohne Selektion – das Hardy-Weinberg-Gesetz

12.5 Einfache Evolution unter den Kräften der Selektion

12.5.1 BE: Selektion eines dominanten Allels – 12.5.2 BE: Selektion eines rezessiven Allels –

12.5.3 KE: Selektion eines (ungeschlechtlichen) Reprons – 12.5.4 Der allgemeine Fall: Differenz- versus Differentialgleichung

13. Theoretische Modelle I: gerichtete Evolution ohne Häufigkeitsabhängigkeit

13.1 Evolution unter den Kräften von Selektion und Mutation

13.1.1 BE: Selektion eines (rück)mutierenden dominanten Allels – 13.1.2 BE: Selektion eines (rück)mutierenden rezessiven Allels: eine Bifurkation – 13.1.3 KE: Selektion eines (rück)mutierenden vorteilhaften Reprons

13.2 Arten von Polymorphismus

13.2.1 Heterozygoten-Polymorphismus in der BE – 13.2.2 Multiple Nischen, Speziesvielfalt und

Polymorphismus – 13.2.3 Multiple Nischen ohne Segregation führen nicht zu Vielfalt – 13.2.4 Freie Wahl der optimalen Nische führt zu Speziesvielfalt – 13.2.5 Multiple Nischen mit Migration führen zu genuinem Polymorphismus – 13.2.6 Der mathematisch allgemeine Fall der KE

14. Theoretische Modelle II: Evolution mit Häufigkeitsabhängigkeit

14.1 Reflexive Häufigkeitsabhängigkeit

14.1.1 Negative Häufigkeitsabhängigkeit – wenn Evolution zyklisch wird – 14.1.2 Positive Häufigkeitsabhängigkeit – wenn Evolution zu Extremen tendiert – 14.1.3 Gemischte Häufigkeitsabhängigkeit und Modezyklen

14.2 Ökologische Populationsdynamik I: Logistisches Wachstum

14.3 Interaktive Häufigkeitsabhängigkeit und ökologische Populationsdynamik II

14.3.1 Interspezieskonkurrenz – 14.3.2 Räuber-Beute-Dynamik

15. Theoretische Modelle III: Evolutionären Spieltheorie

15.1 Grundbegriffe der evolutionären Spieltheorie

15.1.1 Klassische Spieltheorie – 15.1.2 Evolutionäre Spieltheorie

15.2 Grundtypen symmetrischer Zweierspiele

15.2.1 Defektion-Kooperation (Gefangenendilemma) und die Paradoxie individueller Nutzenmaximierung – 15.2.2 Kampf-Kompromiss (Habicht-Taube) und das Gleichgewicht von Beharren und Nachgeben – 15.2.3 Koordination und das Problem der Einigung

15.3 Spiele mit vielen Strategien: Sensitivität gegenüber Anfangs- und Randbedingungen und chaotische Evolutionsverläufe

TEIL V: GUT UND BÖSE, WAHR UND FALSCH: DIE EVOLUTION VON MORAL, WISSEN UND GLAUBE

16. Wie gut ist der Mensch? Die Evolution der Kooperation

16.1 Kooperation, Egoismus und Altruismus

16.2. Gruppenselektion bei ständiger Neuformierung

16.3 Korrelierte Paarung und Absprache: die Evolution von Signalbedeutung

16.4 Tit-for-tat: Reziprozität und das iterierte D-K-Spiel mit Gedächtnis

16.5 Entstehung von Kooperation aus Intraspezies-Symbiose

16.6 Gemeinschaftliche Sanktion und Belohnung: die evolutionäre Bedeutung von institutionalisierten Sanktionssystemen

16.7 Spezifisch menschliche Mechanismen der Kooperationsförderung

16.7.1 Intentionalverstehen, Mitgefühl und Fairness – 16.7.2 Betrugsaufdeckung und konditionales Schließen – 16.7.3 Erfolgsabhängige Nachahmung und Nachbarschaftsstrukturen – 16.7.4 Die Doppelrolle der Religion: Stabilisator von Gruppenidentität und Legitimator von Gruppenkonflikten –

16.7.5 Gewaltenteilung und moderne Demokratien

17. Wie vernünftig ist der Mensch? Zur Evolution von Kognition und Weltanschauung

17.1 Sprachevolution und linguistische Abstammungsbäume

17.2 Sprache und soziale Kognition, Intention und Kausalität: zur kognitiven Diffe-

renz von Schimpanse und Mensch

17.3 Zwischen Modularität und Universalität: die evolutionäre Architektur menschlicher Kognition

17.4 Egozentrischer Bias und verallgemeinerter Placebo-Effekt: die Grenzen der evolutionären Erkenntnistheorie

17.5 Evolution von Religion

17.5.1 Multiple Beibehaltungsgründe für Religion: der verallgemeinerten Placebo-Effekt – 17.5.2 Multiple Entstehungsgründe für Religion

17.6 Gefahren der Religion: Aufklärung, Religion und Meta-Aufklärung

17.6.1 Fundamentalismus – 17.6.2 Aufklärung – 17.6.3 Meta-Aufklärung und Schlussplädoyer

Literatur

Verzeichnis der Abbildungen, Tabellen und Boxen

Autorenregister

Sachregister

Vorwort und Einleitung

Die von Darwin begründete Evolutionstheorie hatte lange Zeit große Schwierigkeiten, nicht missverstanden zu werden und allgemeine Anerkennung zu finden. Zu ihrer Zeit stieß sie auf heftigen Widerstand. Immerhin lehrte sie, dass alles Leben auf der Erde bis hin zum Menschen in vielen Jahrmillionen durch natürliche Anpassungsprozesse entstanden sei, ohne dass dabei eine höhere zielgerichtete Schöpfungskraft, eine 'lenkende Hand' im Spiel war. Dadurch geriet die darwinsche Evolutionstheorie nicht nur mit Kirche und Religion sondern auch mit alltäglichen Vorstellungen des Common Sense in heftigen Konflikt.

Mittlerweile hat die biologische Evolutionstheorie eine kaum zu überbietende wissenschaftliche Erfolgsgeschichte aufzuweisen. Zumindest in der akademischen Fachwelt bildet sie die unbezweifelte Grundlage der Lebenswissenschaften. Gerade in den letzten beiden Jahrzehnten war eine stetig anwachsende Flut von Berichterstattungen über die Evolution des Lebens zu konstatieren, die mithilfe der neuen computergestützten Visualisierungsmethoden auch die visuellen Medien erobert hat. Zwar tobt die ideologische Auseinandersetzung zwischen Evolutionstheorie und religiös-kreationistischer Welterklärung nach wie vor, doch wird heute längst nicht mehr darüber verhandelt, ob die Evolutionstheorie eine akademisch akzeptable Theorie ist oder nicht. Es geht vielmehr umgekehrt um die Frage, ob eine rein naturalistische Welterklärung durch natürliche Evolutionsprinzipien ausreicht, oder ob nicht doch, zumindest auf irgendeiner Ebene, auf intelligente Schöpfungskräfte zurückgegriffen werden muss, so wie dies in jüngster Zeit von Vertretern des anthropischen Prinzips in der Kosmologie vorgeschlagen wurde.

Wenn wir uns also in der Zeit einer stetig anwachsenden Flut von Literatur über Evolution befinden, warum dann ein weiteres Buch über Evolutionstheorie aus der Hand eines Wissenschaftsphilosophen? Weil sich in der Zwischenzeit, über die biologische Evolutionstheorie hinaus, ein wesentlich umfassenderes wissenschaftliches Theoriegebilde bzw. Paradigma herausgebildet hat, zu dem es bislang kaum eine Ge-

samtdarstellung gibt. Ich nenne dieses Paradigma bzw. Theoriegebilde die *verallgemeinerte* Evolutionstheorie. In einigen Fachgebieten wurde teilweise unabhängig voneinander die darwinsche Evolutionstheorie nämlich derart verallgemeinert, dass sie auf ganz neuartige Gebiete angewandt werden konnte, die außerhalb des Bereichs der Biologie liegen. Dabei werden die drei darwinschen Prinzipien der Reproduktion, Variation und Selektion von ihren biologisch-genetischen Grundlagen abgelöst und als abstrakte Eigenschaften dynamischer Systeme aufgefasst.

Das Neuartige des vorliegenden Werkes soll darin liegen, diese verallgemeinerte Evolutionstheorie in interdisziplinärer und philosophischer Gesamtsicht dem Leser nahezubringen. Die biologische Evolution auf dem neusten Wissensstand darf in diesem Werk selbstverständlich nicht fehlen, ebenso wenig wie die aktuelle philosophische Auseinandersetzung mit dem Kreationismus und dem anthropischen Prinzip. Doch dies bildet nur einen Teil einer Gesamtdarstellung, in auch die kulturelle Evolutionstheorie und die evolutionäre Spieltheorie, die evolutionäre Erkenntnistheorie und Psychologie sowie die evolutionäre Ethik ihren Platz haben, bis hin zu neuen Theorien der präbiologisch-kosmische Protoevolution, zur mathematischen Evolutionstheorie und zur wissenschaftstheoretischen Fundierung der abstrakten Theorie evolutionärer Systeme.

Mit etwas Wagemut kann die wissenschaftsphilosophische These formuliert werden, dass die verallgemeinerte Evolutionstheorie derzeit im Begriff ist, sich über ein Leitparadigma der Lebenswissenschaften hinaus zu einem übergreifenden Rahmenparadigma aller gegenstandsbezogenen Wissenschaften und der zugehörigen Wissenschaftsphilosophien zu entwickeln, von der Kosmologie bis zu den Kulturwissenschaften. Dies schließt nicht aus, dass daneben auch noch andere Leitparadigmen, wie die Systemtheorie oder die Handlungstheorie (usw.), eine bedeutende Rolle spielen können. Wir werden an entsprechenden Stellen dieses Buches herausarbeiten, wie solche Paradigmen in die verallgemeinerte Evolutionstheorie eingebettet werden können.

Zwar gab es schon Ende des 19. Jahrhunderts, noch zu Lebzeiten Darwins, Verall-

gemeinerungsversuche der Evolutionstheorie, jedoch in Gestalt des sogenannten Sozialdarwinismus, der auf mehreren gravierenden Fehlinterpretationen der darwinischen Evolutionstheorie beruhte. Beispielsweise gibt es in der modernen Evolutionstheorie keinen Automatismus zur Höherentwicklung, wie es der Sozialdarwinismus lehrte. Schon gar nicht gibt es ein Gesetz der Selektion des Stärksten, sondern nur eine Selektion des Bestangepassten, welche auch die Evolution von Altruismus und Kooperation befördern kann. Aufgrund solcher ideologischer Missdeutungen waren Verallgemeinerungsversuche der Evolutionstheorie bis in die frühen 1970er Jahre im geisteswissenschaftlichen Lager schlecht angesehen, was sich auch in der überwiegenden Ablehnung der Wilsonschen *Soziobiologie* seitens sozial- und geisteswissenschaftlicher Disziplinen äußerte. Die bahnbrechenden Erfolge der Evolutionstheorie, von der 'modernen Synthese' bis zur Entdeckung des genetischen Codes, haben sich bis in die 1970er Jahre vorwiegend auf die Naturwissenschaften beschränkt. Dort führten sie jedoch durch zahlreiche neue Erkenntnisse, z.B. über die Existenz von Zufallsdriften und anderen nicht-adaptionistischen Prozessen, zu einem wesentlich fortgeschritteneren Bild von biologischer Evolution, verglichen zur früheren Vorstellungen von biologischer Arterhaltung oder universalem Anpassungsdrang.

Die entscheidenden wissenschaftlichen Anstöße zur Entwicklung einer verallgemeinerten Evolutionstheorie erfolgten dagegen erst ab den späten 1970er Jahren. In diesem Zeitraum entwickelte Dawkins den Begriff des *Mems* als kulturellem Gegenstück des Gens. Meme sind nicht angeborene, sondern erworbene menschliche Ideen und Fertigkeiten, die durch den Mechanismus der kulturellen Tradition reproduziert werden. Dawkins postulierte damit eine eigenständige Ebene der kulturellen Evolution, und diese Idee wurde seither von vielen bekannten Wissenschaftlern weiterentwickelt. Der Begriff der Kultur wird dabei im weiten Sinne verstanden – er umfasst nicht nur Religion, Moral und Kunst, sondern auch Rechtssysteme und soziale Institutionen, sowie insbesondere Sprache, Wissen und Technologie.

In etwa dieselbe Zeit fällt die Entwicklung der *evolutionären Spieltheorie* durch Maynard-Smith, welche sich in der Ökonomie und den Sozialwissenschaften mittler-

weile zum bedeutendsten Theorienansatz weiterentwickelt hat, mit dem die Evolution von Handlungsinteraktionen beschreibbar und durch Computersimulationen voraus-sagbar ist. Ebenfalls in den 1970er Jahren hat Campbell seine auf Begriffen der Vari-ation, Selektion und Retention basierende verallgemeinerte Evolutionstheorie entwi-ckelt, welche auch prä-biologische Prozesse in der Chemie oder im Kosmos erfasst, und sich ebenfalls zwanglos in die hier entwickelte Konzeption der verallgemeinerten Evolutionstheorie einfügt.

Campbell hat auch wesentlich zur *evolutionären Erkenntnistheorie* beigetragen, die schon in den 1940er Jahren durch Lorenz angeregt wurde. Die ältere evolutionäre Erkenntnistheorie steht mit ihrem Glauben an den evolutionären Wahrheitsfortschritt in interessantem Kontrast zur jüngeren Disziplin der *evolutionären Psychologie*, ins-besondere der evolutionären Kognitionspsychologie. Für die Analyse dieses Gegen-satzes erweist sich der Rahmen der verallgemeinerten Evolutionstheorie als ebenso nützlich wie für die Analyse zweier weiterer Gebiete, welche den Abschluss dieses Buches bilden. Das erste Gebiet bildet die Frage nach den Möglichkeiten der Evolu-tion von *sozialer Kooperation*, einer der Hauptfragen der evolutionären Spieltheorie, zu der es mittlerweile eine Flut von Spezialliteratur gibt. Soziale Kooperation kann zwar vergleichsweise leicht entstehen, doch ihre nachhaltige evolutionäre Stabilisie-rung gegenüber 'Ausbeutern' sieht sich bekanntlich hartnäckigen Schwierigkeiten ge-genüber, und erfordert komplexe soziale Mechanismen wie z.B. gemeinschaftliche Reputations- oder Sanktionssysteme. Das zweite Gebiet ist die Erklärung der evoluti-onären Nachhaltigkeit von *Religionen*, auch noch in den zivilisatorisch fortgeschrit-tensten Teilen dieser Welt. Als Erklärung dieses Phänomens wird der *verallgemeiner-te Placebo-Effekt* vorgeschlagen. Auch dieser Effekt lässt sich nur im Rahmen der verallgemeinerten Evolutionstheorie befriedigend erfassen.

Fasst man die gesamte Literatur in jenen Disziplinen ins Auge, die in das so um-schriebene Gebiet der verallgemeinerten Evolutionstheorie fallen, so erreicht diese Literatur einen hohen Grad an Interdisziplinarität und eine für Laien wie Spezialisten verwirrende Komplexität. Im vorliegenden Buch wird diese Komplexität systemati-

siert, sprachlich vereinheitlicht und allgemeinverständlich dargestellt, ohne besondere Vorkenntnisse vorauszusetzen. Das besondere Augenmerk gilt dabei den philosophischen Grundlagen und Letztfragen, die immer wieder angesprochen werden.

Als weitere Besonderheit dieses Buches werden wir aufzeigen, wie sich die Beschreibungsmodelle der biologischen Populationsgenetik, der Memtheorie und der evolutionären Spieltheorie auf Variationen ein und desselben Grundmodells zurückführen lassen. Durch all ihre vielfältigen und sehr konkreten Anwendungen hindurch wird nämlich die Gesamtdisziplin der verallgemeinerten Evolutionstheorie in ihrem Kern von einer einheitlichen und mathematisch im Detail ausformulierten Theorie zusammengehalten, und diese erst rechtfertigt es, von der verallgemeinerten Evolutionstheorie nicht nur in einem metaphorischen, sondern *genuin-theoretischen* Sinn zu sprechen.

Der besseren Orientierung halber ist das Buch in fünf aufeinander aufbauende Teile gegliedert; die Kapitel sind jedoch fortlaufend durchnummeriert. Abbildungen, Tabellen und Boxen (welche allgemein-philosophische Erläuterungen enthalten) sind kapitelweise nummeriert (z.B. Abb. 3-4 = Abb. 4 von Kap. 3). Kapitelverweise mit Literaturbezug beziehen sich auf das genannte Buch ("Meier 2000, Kap. 5"), und ohne Literaturbezug auf das vorliegende Buch ("Kap. 5").

Teil I behandelt die historische Entwicklung und die modernen Grundlagen der biologische Evolutionstheorie sowie aktuelle Theorien zu proto-evolutionären Entwicklungsprozessen im Kosmos. Dabei konzentrieren wir uns auf die philosophische Auseinandersetzung mit dem Kreationismus, dem anthropischen Prinzip und den letzten Warum-Fragen. In *Teil II* werden die grundsätzlichen Schritte zur Verallgemeinerung der Evolutionstheorie vorgenommen sowie die wissenschaftstheoretischen Grundfragen und ethischen Konsequenzen der verallgemeinerten Evolutionstheorie behandelt. Bei den wissenschaftstheoretischen Grundfragen geht es insbesondere um das moderne Verständnis des Begriffs der *Funktion*, und um die Frage der *Reduzierbarkeit* bzw. Nicht-Reduzierbarkeit von 'höheren' Wissenschaften wie z.B. der Biologie auf die Physik. Das ethischen Schlusskapitel enthält eine Kritik des Sozialdarwi-

nismus sowie eine Diskussion von Prinzipien einer evolutionären Ethik und ihrer Beziehung zu Prinzipien der humanistischen Ethik.

Teil III enthält die Übertragung der verallgemeinerten Evolutionstheorie auf die kulturelle Evolution. Nach einer kritischen Einführung in die aktuelle Kontroverse um die Theorie der Meme werden aktuelle Anwendungen der kulturellen Evolutionstheorie vorgestellt sowie die Wechselwirkungen zwischen biologischer, kultureller und individueller Evolution analysiert. Daran anknüpfend werden in *Teil IV* die mathematischen Modelle der Populationsgenetik und der Populationsdynamik von Memen in vereinheitlichter Weise dargestellt und nahtlos in die Modelle der evolutionären Spieltheorie übergeführt. Dieser Teil ist aus zwei Gründen fundamental. Erstens, weil in ihm das einheitliche Kernstück der verallgemeinerten Evolutionstheorie herausgearbeitet wird. Zweitens, weil darin gezeigt wird, warum bedeutende evolutionstheoretische Einsichten erst durch die präzisen Modelle der Populationsdynamik und ihrer mathematisch-computergestützten Analyse ermöglicht werden. Zugleich ist Teil IV der einzige der fünf Teile, welcher dem Leser etwas "Gedankenakrobatik" in Form mathematischer Gleichungen vom Niveau gymnasialer Oberstufenmathematik zumutet, deren wesentlicher Gehalt aufgrund der graphischer Illustrationen aber auch ohne genaues mathematisches Verständnis nachvollzogen werden kann. *Teil V* beschließt das Buch schließlich mit einer vertieften Analyse des Problems der Evolution von sozialer Kooperation, sowie der Evolution von menschlicher Kognition, Weltanschauung und Religion im Spannungsfeld zwischen Rationalität und Irrationalität.

Für wertvolle Hilfestellungen bei der Erstellung und Abfassung des Buchmanuskriptes danke ich insbesondere meinem Kollegen Axel Bühler, meinen Mitarbeitern Katja Ludwig, Erasmus Scheuer und Veronika Linke, meiner Frau Dorothea Schurz-Weisheit und meiner Tochter Christine Schurz, sowie weiters meinen geschätzten Düsseldorfer Diskussionspartnern und Kollegen Dieter Birnbacher, Werner Kunz, Klaus Lunau, Michael Baurmann, Markus Werning, Ioannis Votsis, Ludwig Fahrbach, Eckhart Arnold, Elmar Hermann und Matthias Unterhuber. Dank für hilfreiche Korrespondenz schulde ich ferner Gerhard Vollmer, Wolfgang Wickler, Lucie Sal-

wiczek, Marcel Weber, Martin Carrier, Paul Hoyningen-Huene, Hannes Leitgeb, Hartmut Kliemt, Heinz Wimmer, Josef Perner, Gernot Kleiter, Niki Pfeifer, Ruth G. Millikan, Samir Okasha, Philip Kitcher, Brian Skyrms, Simon Huttegger, Reiner Hegselmann, Igor Douven, und Kevin Kelly. Für die gute Zusammenarbeit mit dem Verlag bedanke ich mich bei Andreas Ruedinger und Heidemarie Wolter. Mich selbst hat das Gebiet der verallgemeinerten Evolutionstheorie im Verlaufe meiner Arbeit immer mehr fasziniert, und ich wünsche mir, dass etwas von dieser Faszination auf die geschätzte Leserin bzw. den geschätzten Leser übergeht.

Düsseldorf, im März 2010

Gerhard Schurz

TEIL I: WOHER KOMMEN WIR? EVOLUTION IN DER NATUR

Wie entstand komplexes Leben bis hin zum Menschen aus der ersten Zelle? Charles Darwin zeigte uns, wie dies geschehen konnte, auch ohne dass eine göttliche Hand im Spiel war, allein durch das Wirken von Evolution. Für den Common-Sense-Verstand ist diese Einsicht nach wie vor schwer verstehbar. In Teil I werden nach einer historischen Einführung die vielfältigen Gründe und Evidenzen dargestellt, auf welche sich die moderne biologische Evolutionstheorie stützt, und die den Verfechtern des Kreationismus entgegenhalten werden können. Anschließend behandeln wir die weitergehende Frage nach den Voraussetzungen der Entstehung von Leben im Universum. Wem oder was verdankt unser Universum die lebensfreundlichen Parametersetzungen? Kann auch noch die Entwicklung des Kosmos durch natürliche Evolutionsprinzipien befriedigend erklärt werden, oder muß nicht doch, zumindest auf irgendeiner Ebene, auf intelligente Schöpfungskräfte zurückgegriffen werden, so wie dies in jüngster Zeit von Vertretern des anthropischen Prinzips in der Kosmologie vorgeschlagen wurde? Der Antwort auf diese Frage sind wir in diesem Teil auf der Spur.

1. Von der Genesis zur Evolution: die historische Ablösung der Evolutionstheorie aus metaphysisch-normativen Entwicklungskonzeptionen

1.1 Fernab von Darwin: Entwicklungstheorien des Common Sense

Wir beginnen dieses Buch mit einer Klärung der Begriffe von Entwicklung und Evolution. Den *Entwicklungsbegriff* verstehen wir als einen Oberbegriff. Evolution ist eine *Unterart* von Entwicklung, die auf bestimmte, in diesem Buch zu erläuternde Weise zustande kommt – wobei wir erkennen werden, dass die meisten natürlichen und kulturellen Entwicklungen evolutionäre Grundlagen haben.

So vertraut der Entwicklungsbegriff auch scheinen mag: er ist durchaus subtil. Un-

ter *Entwicklung* verstehen wir jede *nachhaltig gerichtete Veränderung* von Realsystemen in der *Zeit*.¹ Das Subtile liegt darin, dass eine Veränderung, die über eine gewisse Zeit hindurch eine bestimmte *Richtung* besitzt, sich auf ein *Ziel* hinzubewegen scheint. Dies impliziert jedoch gerade *nicht*, dass dieses Ziel auch ontologisch eigenständig *existieren* oder wirken muss, sondern nur, dass sich dieses Ziel als hypothetischer Endpunkt einer bislang konstatierten Entwicklungsrichtung *konstruieren* lässt. Die fundamentale Bedeutung dieser Beobachtung wird im weiteren Verlaufe klar werden.

Entwicklung ist ein Phänomen, mit dem der Mensch in seiner natürlichen Umgebung von jeher und allerorts vertraut ist. Alle biologischen *Organismen*, Pflanzen und Tiere entwickeln sich, vom Keim bis zum erwachsenen Organismus; Menschen entwickeln sich im Körper und im Geist; menschliche Gesellschaften entwickeln sich; und auch jede *menschlichen Handlung* ist eine Entwicklung, vom Plan und Willensimpuls über die Ausführung zum mehr-oder-weniger erwünschten Handlungsergebnis. Auch im Bereich der unbelebten Natur, auf unserem Planeten wie im Kosmos, zeigen sich Entwicklungen, die Richtungen besitzen, und darüber hinaus aber häufig in größere Zyklen eingebunden sind, wie der Wasserkreislauf oder die Jahreszeiten. Auch biologische Entwicklungsprozesse sind in solche Zyklen eingebunden, von den Tages- und Nachtrhythmen und jahreszeitlichen Rhythmen bis zu den Zyklen der biologischen Generationenfolge. Demgemäß stellten sich Menschen seit alters her die Frage, ob der Entwicklungsverlauf der Welt letztlich ein linearer oder zyklischer sei, und die evolutionstheoretische Antwort darauf lautet "jein", da es gerade die zyklischen Reproduktionsprozesse sind, welche den Baum der Evolution weiterwachsen und dabei Neues entstehen lassen – aber dies ist ein Vorgriff auf Zusammenhänge, zu denen wir uns erst hinarbeiten müssen.

Vor allem zeigen sich die Entwicklungsprozesse des Lebens und ihre Resultate als *planmäßig* geordnet und *harmonisch* aufeinander abgestimmt. Alle Lebewesen haben

¹ Veränderung ist somit ein noch allgemeinerer Oberbegriff; nicht jede Veränderung ist als Entwicklung, d.h. als nachhaltig gerichtet zu bezeichnen.

gerade die Organe und Fähigkeiten, die sie für ihr artspezifisches Überleben in ihrer artspezifischen Umgebung benötigen – die Pflanzenfresser der Steppe besitzen Hufe und Mahlzähne, die Raubtiere Reißzähne und Krallen, die Fische Kiemen und Flossen, die Vögel Flügel und leichte Knochen, usw. Selbst die physikalisch-chemischen Prozesse auf der Erde, auch wenn sie keine zielgerichteten Entwicklungen, sondern einfache Zyklen formen, scheinen der zielgerichteten Entwicklung allen Lebens zu dienen: die Sonne spendet Licht und Wärme, Wolken liefern Wasser, die Erde gibt Nahrung für die Pflanzen, welche kleinere Tiere und die wiederum größere Tiere ernähren; die Nacht lässt die Lebewesen schlafen und der Tag sie erwachen, Bäume spenden Schatten, Kräuter dienen als Heilmittel, usw. Für das intuitive Denken des Menschen und den unaufgeklärten Verstand des Common Sense erscheint diese Harmonie derart *überwältigend*, dass ihm (im Regelfall) gar keine andere Erklärung denkmöglich erscheint als jene, welche Religionen und Früh-Philosophien seit Urzeiten gegeben haben, und welche in der jüngeren Kontroverse das *Design-Argument* genannt wurde: dass nämlich ein höheres mächtiges Wesen, ein *Schöpfer*, dies alles absichtsvoll und wohlgeplant so eingerichtet hat. Die Wesen der Natur scheinen sich überdies entlang einer *hierarchischen* Stufenleiter der Vollkommenheit anordnen zu lassen, von unbelebten Gegenständen über Pflanzen und Tieren bis hin zum Menschen, sodass man von Aristoteles bis zur neuzeitlichen Philosophie eine *Scala Naturae*, eine Stufenleiter der Natur annahm (s. Crombie 1959, 136f; Mayr 1982, 201f; Lovejoy 1936).

Diese Idee eines höheren zielgerichteten Wesens oder einer solchen Macht steht daher im Zentrum aller *vor-darwinistischen* Entwicklungsphilosophien, welche rationale Ausdifferenzierungen solcher im Common Sense bzw. der natürlichen Intuition des Menschen verankerten Vorstellungen sind. Versucht man, die Vielzahl vor-darwinistischer bzw. nicht-evolutionärer Entwicklungskonzeptionen zu systematisieren, so kristallisieren sich letztlich zwei große Familien von Entwicklungstheorien heraus: erstens die älteste und umfangreichste Familie *kreationistischer* Entwicklungstheorien, welche alle Spielarten religiöser Weltdeutungen umfassen und noch

heute die Menschheit ideologisch bestimmen, und zweitens die auf Aristoteles zurückgehende *Teleologie*, welche als Schöpfungsursachen statt übermächtiger Wesen gewisse (abstrakte) *zielgerichtete Kräfte* bzw. *Zweckursachen* annimmt und auch noch in der Philosophie der Neuzeit und Gegenwart eine maßgebliche Deutungsrolle spielt. Diese beiden Hauptfamilien nicht-darwinistischer Entwicklungstheorien sind in Abb. 1-1 unten eingetragen und bilden den Inhalt der nächsten beiden Kapitel.

Obzwar die natürliche Kognition des Menschen in einigen Hinsichten erstaunlich leistungsstark ist, so wurde sie in anderen Hinsichten durch die Entwicklung der modernen Naturwissenschaften radikal in Frage gestellt. Wie die moderne Physik, so ist auch die moderne, auf Darwin zurückgehende Evolutionstheorie den intuitiven Denkmodellen des Menschen schlichtweg *fremd*. In Abb. 1-1 haben wir, dem entsprechend, neben den zwei großen vor-darwinistischen Entwicklungskonzeptionen noch zwei weitere Modellvorstellungen von Veränderungsprozessen eingetragen, die dem Common Sense bzw. vor-modernem Denken zufolge *unmöglich* Entwicklung beschreiben können (strichlierte Linien). Eine rein physikalische Erklärung der so zweckmäßig eingerichteten Natur nur durch Zufall und Notwendigkeit wurde bis vor Darwin als gänzlich unplausibel abgelehnt, und zwar deshalb, weil eine solche Erklärung immer nur im Sinne der oberen strichlierten Alternative von Abb. 1-1 verstanden wurde, als mechanisch determinierte Entwicklung aufgrund zufälliger und astronomisch unwahrscheinlicher Ausgangsursachen – gleichsam als wenn durch Zufall Milliarden von Atomen so zusammengewürfelt würden, dass sie einen Menschen ergeben. Dagegen lag der viel subtilere evolutionstheoretische Ansatz (die untere strichlierte Linie) ganz *außerhalb* des intuitiven menschlichen Denk- und Vorstellungsrahmens (s. auch Mayr 1982, 309). Dies schließt nicht aus, dass es einige frühe Denker gab, welche Vorformen evolutionärer Modelle vorschlugen (z.B. die antiken Atomisten); aber sie konnten sich gegen die Gegenargumente ihrer Zeitgenossen nicht durchsetzen, da ihre Denkmodelle zu viele damals noch ungelöste Probleme enthielten.

Kreationismus: Entwicklung als Schöpfungsakt eines intelligenten Wesens oder dessen Resultat. Analogie: geplante Handlung (Religiöse Weltanschauung)

Teleologie: Entwicklung kommt durch eine zielgerichtete Entwicklungskraft zustande. Analogie: Wachstumsprozess eines Organismus (Aristoteles)

~~nein!~~

Mechanisch-deterministische Entwicklung von letztlich durch Zufall gegebenen Ausgangsursachen \Rightarrow *unmöglich*: Zielgerichtetheit und planvolle Geordnetheit kann auf diese Weise nicht zustande kommen.

Evolutionstheorie \Rightarrow *außerhalb* der Vorstellungskraft

Abb. 1-1: Zwei nicht-evolutionäre Entwicklungstheorien des Common Sense, und zwei nicht in Frage kommende Alternativen.

1.2 Der planvolle Schöpfungsakt: Spielarten des Kreationismus

Dem Kreationismus zufolge ist Entwicklung die Wirkung einer intentionalen (absichtsvollen) und intelligenten (planvollen) Ursache. Die kreationistische Ursache-Wirkungs-Beziehung fällt also mit der Beziehung zwischen der Handlungsabsicht und dem Handlungsergebnis von *Agenten* zusammen. Die kreationistische Konzeption von Weltentwicklung ist uralte, archaisch und archetypisch: sie ist der gemeinsame Kern aller Religionen, und ihre Spuren sind noch in den ältesten Spuren menschlicher Weltvorstellungen auffindbar. In mehreren zeitlich wie disziplinär getrennten Fachrichtungen – der deutschsprachigen Anthropologie und Sozialphilosophie (z.B. Gehlen 1977, Topitsch 1979), der angelsächsischen Soziobiologie und kognitiven Psychologie (z.B. Wenegrat 1990, Boyer 1994) und der jüngsten vergleichenden Primatenpsychologie (z.B. Tomasello 1999) – gelangten Wissenschaftler zu der gemeinsamen Auffassung, dass sich die ursprünglichsten Denk- und Weltmodelle von *Homo sapiens* vor 100.000 – 50.000 Jahren aus der *sprachlich-sozialen* Kognition, aus dem *Verste-*

hen der eigenen Artgenossen als *intentional handelnden* Wesen ableiteten (s. Kap. 17.2). Die Erklärungsmodelle der frühen Menschen für natürliche Vorgänge bestanden in der *Übertragung* der aus dem Gruppenleben vertrauten Vorgänge auf die Vorgänge der umgebenden Natur: auch diese Vorgänge wurden als Handlungen intentionaler Wesen gedeutet, und so kam es zum sogenannten animistischen Weltbild (Gehlen 1977, 169ff), zur *Beseelung* der Natur, zu den Frühreligionen mit ihren zahlreichen Naturgottheiten, wie dem Sonnengott, Mondgott, Wettergott, Tiergöttern, den späteren Systemen und Hierarchien von Göttern, usw. Die Einbettung des eigenen sozialen Systems in das System der (postulierten) höheren Mächte erfolgte mithilfe von *kreationistischen* Schöpfungs- und Heilslehren, welche die Weltentstehung auf der eigenen Gruppe wohlgesonnene Gottheiten zurückführten, sowie kultisch-religiösen Ritualen, in denen man diesen Gottheiten näher zu kommen trachtete. Beide Elemente bilden auch noch heute die zwei zentralen Stützpfeiler von Religionen.

Wie kann das merkwürdige Phänomen erklärt werden, dass Religionen nach jahrhundertelangem Fortschritt von Aufklärung und Wissenschaft immer noch einen derart großen Einfluss auf das Denken der gegenwärtigen Menschheit besitzen? Evolutionär betrachtet hat es offenbar spezifische *Selektionsvorteile* für die Ausbildung religiösen Denkens gegeben. Dies bedeutet freilich nicht, dass religiöse Denkvorstellungen in einem nachprüfbaren Sinne *wahr* sind – im Gegenteil sind die meisten religiösen Denkvorstellungen höchstwahrscheinlich falsch oder zumindest unbegründet (s. Kap. 3-5). Religionen haben sich vielmehr aufgrund anderer, von der Wahrheitsfrage unabhängiger Selektionsgründe entwickelt. Hierfür lassen sich, wie in Kap. 17.5 herausgearbeitet wird, insbesondere zwei nennen. *Erstens* die erwähnte Tatsache, dass die natürliche Kognition des Menschen die Welt in Kategorien von intentionalen Agenten beschreibt, und *zweitens* die Tatsache, dass Religion *verallgemeinerte Placebo-Wirkungen* besitzt: der bloße Glaube eines Menschen an einen beschützenden Gott hat ganz unabhängig von seiner Wahrheit positive Auswirkungen, indem er das Selbstvertrauen dieses Menschen, seine innere Kraft und auch seine positive Ausstrahlung auf die Gemeinschaft stärkt.

Gerade weil sich religiöse Vorstellungen im Menschen nicht aufgrund ihrer Wahrheit, sondern aufgrund ihrer verallgemeinerten Placebo-Effekte herausbildeten, sind sie auch so vielfältig und untereinander widersprüchlich. Jede menschliche Stammesgruppe hatte ihren spezifischen Schöpfungsmythos; Wilson (1998, 325) schätzt, dass es in der Geschichte der Menschheit etwa 100.000 verschiedene religiöse Glaubenssysteme gegeben hat. Diese wurden mit fortschreitend zivilisatorischer Vereinigung von Großfamilien zu größeren Verbänden bis hin zu Frühstaaten ebenfalls vereinheitlicht – teils eliminiert und teils aneinander angepasst, wobei *soziomorphe* Religionen (im Sinne von Topitsch 1979) bedeutend wurden. So findet man in Frühreligionen häufig die Deutung des Kosmos nach dem Muster einer Ahnenreihe, von Gott als Urahn bis zu den ältesten lebenden Sippenmitgliedern und den darunter stehenden Tieren, Pflanzen und sogar Mineralien – in diesem Vorläufer der Scala Naturae fallen Abstammung und Hierarchie in eins.

Zwei große Transformationsprozesse waren es, denen Frühreligionen unterlagen. Erstens ihre *Monotheisierung*, also die Reduktion der polytheistischen Götterwelt auf einen höchsten Gott, welche ihre Wurzel vermutlich in der monotheistischen Gotteslehre des ägyptischen Königreiches ca. 2500 v.C. besitzt, aus der die untereinander verwandten Religionen des Judentums, Christentums und Islams hervorgingen (Gehlen 1977, 167). Zweitens und in Verbindung damit ihre *Rationalisierung*, welche wir schon in den frühen Philosophien Chinas und Indiens und in vollem Ausmaß in der abendländischen Philosophie vorfinden, die im antiken Griechenland als der Wiege der Philosophie begann und in der neuzeitlichen *Aufklärungsphilosophie* weitere Transformationen erfuhr.

Auch in der abendländischen Philosophie wirkten kreationistische und teleologische Entwicklungsvorstellungen lange nach, während darwinistisches bzw. genuin evolutionäres Denken außerhalb der philosophischen Reichweite lag. Platon (427-348 v.C.) hat in seiner Lehre von den ewigen *göttlichen Ideen*, welche alles Irdische prä-determinieren, das kreationistische Paradigma in abstrakter Form reproduziert. Später stellte Plotin (203-269 n.C.) in seiner 'neuplatonistischen' Synthese von Vernunft und

Religion die christliche Gottheit an die Spitze aller platonischen Ideen. Aristoteles, der große Schüler Platons und Begründer wissenschaftlich orientierter Philosophie, hatte Platons Vorstellung einer göttlichen Ideenwelt bekanntlich abgelehnt und stattdessen die Konzeption einer der Natur immanenten Teleologie entwickelt, welche im nächsten Kapitel besprochen wird. Allerdings wurde das umfangreiche Wissen der Antike für lange Zeit nur im arabischen und persischen Raum tradiert und war bis ins 12. Jahrhundert dem mittelalterlichen Europa weitgehend unbekannt (s. Crombie 1977, 39-44). Die Philosophie des europäischen Mittelalters beschränkte sich daher lange Zeit auf eine Rationalisierung des Christentums und erfuhr erst ab dem 12. Jahrhundert einen Innovationsschub, als ganze Schiffsladungen von antiken Schriften ins mittelalterliche Europa transportiert wurden.

Damals war es das zentrale Streben der spätmittelalterlichen Scholastiker, die Lehren des als überragende Autorität anerkannten Aristoteles mit jenen des Christentums zu vereinen – was nur teilweise gelingen konnte. Dass diese Vereinbarung von kirchlichen und weltlich-rationalen Lehren dem katholischen Christentum so wichtig war, hat folgenden in der gegenwärtigen Kreationismusdebatte nach wie vor aktuellen Grund: gemäß der von Thomas von Aquin (1225-1274) ausformulierten *Übereinstimmungslehre* dürfen sich Vernunftwahrheiten und Offenbarungswahrheiten nicht in Widerspruch befinden. Denn Gott hat dem Menschen die Vernunft gegeben, um über die Vernunftwahrheiten zu höheren Offenbarungswahrheiten vorzudringen. Wenn also eine angebliche Vernunftkenntnis mit einer religiösen Doktrin in Widerspruch steht, muss entweder die angebliche Vernunftkenntnis falsch oder die religiöse Doktrin ein Irrglaube sein. Diese Übereinstimmungslehre ist noch heute eine wesentliche Grundlage des katholischen Christentums (vgl. die Enzyklika *Fides et Ratio* von Papst Johannes Paul II., 9-12, 30-40). Allerdings war die Übereinstimmungslehre nicht universell akzeptiert; sie war zwar die Auffassung des Dominikanerordens, aber nicht des Franziskanerordens. Die Philosophen des Franziskanerordens, wie z.B. der berühmte William von Ockham (1295-1349) trennten wissenschaftliche von religiösen Wahrheiten und lösten damit eine aufklärerische 'Frührevolution' des Spätmittel-

alters aus (vgl. Crombie 1977, 27f, sowie Umberto Eco's Roman *Der Name der Rose*).

Der Prozess der Aufklärung im westlichen Abendland war kompliziert und erstreckte sich vom 15. bis zum 19. Jahrhundert. Nicht nur wurde mittelalterliche Dogmatik zunehmend zum Hemmschuh der Entwicklung; die Sicherheit der christlichen Religion wurde auch von innen durch zunehmende Religionsstreite unterhöhlt (wie z.B. Katholizismus versus Protestantismus oder Calvinismus). Im England des 17. Jahrhunderts kristallisierte sich immer mehr die Notwendigkeit heraus, politische Fragen von Religionsfragen zu trennen. Die Entwicklung kulminierte in der Glorious Revolution von 1688, welche zur ersten parlamentarischen Demokratie (im Rahmen der englischen konstitutionellen Monarchie) führte. Die neue geistige Einstellung spiegelt sich trefflich in einer einflussreichen Schrift des Philosophen John Locke (1632-1704) aus dem Jahr 1695 mit dem Titel "Die Vernünftigkeit des Christentums". Locke führte darin aus, dass Konfessionsstreitigkeiten keinen vernünftigen Grund hätten und der Kern der christlichen Lehre durch reine Vernunft erkennbar sei. Damit läutete Locke eine weitere Wendung in der Transformation der Religion ein: die Wendung vom *Offenbarungsglauben* bzw. 'Fideismus', demzufolge die Grundlage des wahren Glaubens in autoritativen und auf Gottes Wort zurückgehenden Texten bzw. 'heiligen Quellen' liegt, hin zum Deismus oder *Vernunftglauben*. Im Zeitalter der Glaubenskriege wurden Offenbarungsdogmen immer fragwürdiger, und geistige Autoritäten schlossen sich zunehmend dem *Deismus* oder dem später sich davon abspaltenden *Theismus* an (s. Röd 1984, 149ff). Deismus wie Theismus vertreten eine natürliche vernünftige Religion; der Theismus glaubt darüber hinausgehend an einen persönlichen Gott, mit dem der Mensch in eine kommunikative Beziehung treten kann.

Obwohl sich Locke vom Deismus distanzierte, beriefen sich radikale deistische Freidenker auf ihn. Führende Kirchenvertreter erkannten die Gefahr, die vom Deismus ausging, denn wenn es jedermann unter Berufung auf die Vernunft gestattet ist, seine eigenen religiösen Lehren zu verbreiten, ist die Einheit der Religion bedroht. Dementsprechend wurden die Deisten von den Kanzeln der christlichen Kirchen als

Ungläubige verurteilt. Wie leicht religiöses Freidenken zu Materialismus und Atheismus führt, zeigte sich unter anderem in der Entwicklung der Philosophie im vorrevolutionären Frankreich. Letztlich scheiterten die Versuche, Gott und Religion durch reine Vernunft zu begründen. Diese Einsicht zeichnete sich jedoch erst deutlich am Ende der Aufklärungsepoche ab; etwa in der Schrift von Immanuel Kant (1724-1804) mit dem Titel "Religion innerhalb der Grenzen der bloßen Vernunft" (1793), worin der Offenbarungsglaube als Aberglaube bezeichnet wird und der Gottesglaube nicht als durch Vernunft, sondern durch das Bedürfnis nach Glückseligkeit pragmatisch begründet wird.

Trotz dieser Entwicklung haben kreationistische oder teleologischen Denkansätze in der rationalisierten Philosophie des 19. und 20. Jahrhunderts weiter fortbestanden. So war William Paleys "Natural Theology" von 1802 auch noch die Lieblingslektüre des jungen Darwin. Paleys Schrift war das Standardwerk des kreationistischen Design-Argumentes im 19. Jahrhundert. Paley argumentierte darin, würde jemand im Sand eine Uhr finden, so würde er zweifellos nicht annehmen, die Uhr sei durch eine Serie riesenhafter Zufälle ohne intelligente Ursachen entstanden. Ebenso wenig könne man das von der Natur annehmen: so wie wir glauben, die Uhr ist das Produkt eines Uhrenherstellers, sollten wir auch glauben, die Welt sei das Produkt eines Weltenschöpfers (vgl. Sober 1993, 30). Der Titel von Dawkins berühmtes Buch *Der blinde Uhrmacher* (1987) ist eine Anspielung auf Paleys Uhrenbeispiel. Versionen dieses Design-Argument findet sich freilich in den Schriften vieler früherer Autoren.

Noch vor Paleys Formulierung hatte David Hume (1711 - 1776) in seinen 'Dialoges on Natural Religion' (1779) das Design-Argument eingehend kritisiert. Ein schon bei Hume vorfindbares Gegenargument besagt, dass es zahllose *alternative* kreationistische Erklärungen gebe, welche durch die Tatsachen ebenso gut bestätigt wären wie die biblische Schöpfungslehre – beispielsweise könnten mehrere Götter in Kooperation, oder Götter in Kooperation mit Teufeln die Welt erschaffen haben (usw.). Diese Argumentationsstrategie benutzt gegenwärtig eine Gruppe von Studierenden in den USA, welche sich die "Church of the Flying Spaghetti Monster" nennt, um die

kreationistische Forderung, die biblischen Schöpfungsmythen in der Schule zu lehren, mit der Forderung ad absurdum zu führen, es sollte dann auch die Lehre ihrer Kirche gelehrt werden, derzufolge die Welt von einem fliegenden Spaghetti-Monster erschaffen worden sei (vgl. www.venganza.org/aboutr/open-letter).

In Anbetracht der Dominanz von Religionen in den gegenwärtigen Weltkulturen und den damit einhergehenden Gefahren des Fundamentalismus ist unser Erbe der Aufklärung ein sorgsam zu pflegendes und zu verteidigendes Gut (s. Kap. 17.6). Auch dieses Buch will hierzu etwas beisteuern, ohne deshalb alle Religionen in Bausch und Bogen zu verdammen – was auf Dawkins' Schrift 'der Gotteswahn' (2007) leider zutrifft. Gerade *weil* Religionen nicht aus rationalen Gründen geglaubt werden, gibt es so viele und oftmals einander widersprechende kreationistische Lehren. Nicht nur, wenn man die Vielzahl von Frühreligionen betrachtet – auch die große Zahl von christlichen und religiösen Sekten der Gegenwart, speziell in den USA, haben eine barocke Vielfalt an kreationistischen Lehren hervorgebracht. Mithilfe von Tab. 1-1 verschaffen wir uns zunächst einen groben Überblick.

Offizielle Kirchenlehren sind im Regelfall fideistisch orientiert; reformerische Gruppen oder Sekten wie etwa die Scientology dagegen häufig deistisch, vermischt mit eklektischen Zusatzhypothesen. Unter strengen Auslegungen verstehen wir sol-

	Offenbarung/Autorität		Vernunftreligion	
	Fideismus	Deismus (unpersönl. Gott)	Theismus (persönl. Gott)	
strenge Auslegungen	×	–	–	
liberale Auslegungen	×	×	×	

Tab. 1-1: Varianten des gegenwärtigen Kreationismus. Die Unterscheidung "liberale versus strenge Auslegung" ist gradueller Natur. Mit "–" markierte Positionen sind inkonsistent, denn strenge Auslegungen heiliger Schriften sind notwendigerweise fideistisch. Mit "×" markierte Positionen sind dagegen möglich bzw. konsistent.

che, welche die heiligen Schriften mehr oder weniger wörtlich auslegen. Liberalere

Auffassungen erlauben dagegen eine metaphorisch-gleichnishafte Auslegung, in der die Angaben in der heiligen Schrift (etwa Orts- und Zeitangaben) nicht wörtlich ausgelegt werden. Während sich die offizielle päpstliche Lehre des Katholizismus zu einer vergleichsweise liberalen Auffassung durchgerungen hat, werden heute in den USA von einigen lautstark auftretenden Kreationismusbewegungen wörtliche Bibelauslegungen propagiert, was einen starken Widerspruch zu naturwissenschaftlich etabliertem Wissen provoziert. Isaak (2002) unterteilt die gegenwärtigen kreationistischen Strömungen der USA, wesentlich feinkörniger als in Tab. 1-1, in folgende Positionen, welche von extrem absurden zu immer liberaleren Positionen fortschreiten (Isaak nennt auch jeweils die zugehörigen Adressen religiöser Vereinigungen):

1. Anhänger der Lehre der flachen Erde
2. Geozentristen (Erde im Mittelpunkt des Sonnensystems)
3. Junge-Erde-Kreationisten (Erde 6000- 100000 Jahre alt)
4. Alte-Erde-Kreationisten (vereinbaren die biblische Lehre auf unterschiedliche Weisen mit hohem Alter der Erde), darunter (4.1) Lücken-Kreationisten, und (4.2) Tag-entspricht-Ära-Kreationisten
5. Progressive Kreationisten (Gott kreiert in zeitlicher Reihenfolge)
6. Intelligent-Design-Kreationisten (berufen sich auf das Design-Argument)
7. Evolutionäre und theistische Kreationisten (Gott kreiert durch Evolution gemäß naturwissenschaftlicher Lehre).

Während sich Positionen 1-3 in krassem und Position 4 in teilweisem Widerspruch zu naturwissenschaftlichen Evidenzen befinden, sind die Positionen 5-7 durch Argumente gegen den Design-Charakter oder durch wissenschaftstheoretische Einwände kritisierbar (s. Kap. 5). Die Positionen 4 und 5 wurden erstmals im 17. Jahrhundert entwickelt, um Fossilenevidenzen mit biblischen Lehren vereinbar zu machen. Insgesamt zeigt allein die Vielfalt von einander widersprechenden kreationistischen Entwicklungslehren die Unsinnigkeit des Anliegens auf, religiöse Vorstellungen als gleichwertig mit Biologie in der Schule zu unterrichten: die "Kirche des Flying Spaghetti Monsters" hat diesen Punkt zweifellos richtig erkannt. Der Inhalt verbindlicher Allgemeinbildung kann nur in objektivem, d.h. durch empirische Evidenz intersubjektiv nachprüfbarem Wissen liegen, und nicht in ideologisch-weltanschaulichen Lehren, welche auf bloß subjektivem Glauben basieren.

1.3 Zielgerichtete Bildungskraft: Teleologie nach Aristoteles

Aristoteles (384-322 v.C.), der größte Wissenssystematisierer und Philosoph der Antike, hatte die Vorstellung einer göttlichen Ideenwelt abgelehnt. Stattdessen entwickelte er die Konzeption einer der Natur immanenten Zweckmäßigkeit bzw. Teleologie. Diese Konzeption läßt sich am besten im Rahmen der Aristotelischen Ursachenlehre verstehen. Aristoteles unterscheidet *vier Arten von Ursachen*, welche an allen Arten von Geschehnissen mehr oder weniger beteiligt sind:

<i>Aristotelische Ursachenart</i>	<i>Beispiel: Herstellung eines Möbelstücks</i>
Stoffursache, <i>causa materialis</i>	Das bearbeitete Holzmaterial
Formursache, <i>causa formalis</i> (Bewegungsgesetz):	Die Bewegung des Hobelns
Wirkursache, <i>causa efficiens</i> (auslösende Ursache):	Die Muskelkraft des Tischlers
Zweckursache, <i>causa finalis</i> (Teleologie):	Möbelstück, das der Tischler herstellen will.

Während die ersten drei Ursachenarten sich im Rahmen physikalischer (bzw. natürlicher) Kausalität verstehen lassen, hält Aristoteles Zweckursachen als vierte Ursachenart für unerlässlich, um zielgerichtete Entwicklungsprozesse in der Natur erklären zu können. Zweckursachen sind somit die Grundlage von Aristoteles' Teleologie (*telós* – das Ziel).

Mit Zweckursache meint Aristoteles nicht nur die subjektive Vorstellung des Zieles, also z.B. die Vorstellung des Möbelstückes im Bewusstsein des Tischlers, welche in zeitlich-vorwärtsgerichteter Weise wirkt – er meint das Ziel selbst. Aristoteles' Zweckursachen sind keineswegs auf menschliche Ziele beschränkt. Auch im Falle des Wachstums einer Pflanze ist es nach Aristoteles die vollendete Pflanzenform, welche als Zweckursache die keimende Pflanze antreibt bzw. zu sich hinzieht, ohne dass damit eine Absicht der Pflanze verbunden wäre. In sämtlichen natürlichen Entwicklungsprozessen seien solche Zweckursachen involviert. Der wesentliche Unter-

schied der Teleologie zum Kreationismus liegt somit darin, dass genuin-zielgerichtete Entwicklungen angenommen werden, ohne diese durch intelligente Erstursachen in Form eines göttlichen Kreators zu erklären.

Zweckursachen als Ursachentyp *sui generis* scheinen im modernen naturwissenschaftlichen Theoriengebäude allerdings keinen Platz zu haben. Natürliche (physikalische) Ursachen sind nämlich gemäß der Standardauffassung immer zeitlich *vorwärtsgerichtet*. Zweckursachen, also die anzustrebenden Ziele, liegen jedoch in der Zukunft und ziehen das vergangene bzw. gegenwärtige Geschehen auf eigentümliche Weise zu sich heran – ein derartiger zeitlich rückwärts gerichteter teleologischer Mechanismus kommt im natürlichen Kausalitätsgeschehen jedoch nicht vor.

Rückwärtskausalität ist die dominierende, aber nicht die einzige mögliche Interpretation von Zweckursachen. Alternativ kann man die teleologische Kausalität als eine zeitlich vorwärtsgerichtete *intelligente* und absichtsvolle *Kraft* auffassen, welche die gegenwärtigen Geschehnisse in Richtung auf ein höheres Ziel *hintreibt*. In jüngeren Versionen dieser Interpretation spricht man hier auch von *normativen* Entwicklungstheorien (Mayr 1982, 528), denen zufolge Entwicklung notwendigerweise zu immer höheren *Stufen* führt. Für das Erklimmen dieser Stufen werden verschiedene, aber grundsätzlich immer teleologische Kräfte oder Mechanismen angenommen, wie z.B. in dialektischen Entwicklungstheorien mit ihrer Lehre der zu höheren Stufen führenden 'Synthese von Widersprüchen'. Teleologische Kräfte erfordern die implizite Intelligenz, zu wissen, wo sich das Entwicklungsziel in Relation zum gegenwärtigen Zustand befindet, sowie die Absicht, dieses Ziel immer zu erreichen. Das Wirken einer teleologischen Kraft gleicht somit dem Wirken eines intelligenten und wirkungsmächtigen Subjekts. Zusammenfassend bewegt sich die Interpretation der Teleologie als intelligente-Kraft somit in die Richtung einer *pantheistischen* Version des Kreationismus, demzufolge die göttliche Schöpfungsmacht überall in der Natur vorhanden ist bzw. mit dieser in eins fällt.

Von teleologischen Theorien zu unterscheiden sind *Reifungstheorien* der Entwicklung. Ihnen zufolge entfaltet sich im Organismus nur das, was in seinen Keimanlagen

schon angelegt ist. Reifungstheorien zufolge ist in den Keimanlagen also schon alles enthalten, was die weitere Entwicklung bestimmt, solange die nötige Materie- und Energiezufuhr anhält, in Analogie zu einem Computerprogramm, das nur per Knopfdruck ausgelöst werden muss, um den weiteren Programmverlauf abzuspielen, sofern die Stromversorgung vorhanden ist. Zwischen einem organischen Wachstumsprozess und einem komplizierten mechanischen Prozess besteht dieser Sichtweise zufolge kein prinzipieller Unterschied: Reifungstheorien lassen sich problemlos im Rahmen der natürlichen zeitlich vorwärtsgerichteten Kausalität verstehen, und die Annahme teleologischer Kräfte wird dabei unnötig.

Man fragt sich, warum Aristoteles, der "philosophierende Biologe" (so Mayr 1982, 152), Wachstumsprozesse nicht im Sinne von Reifungstheorien interpretiert hat? In der Tat hatte Aristoteles dieses Problem überdacht, doch kam er dabei zum Schluss, dass eine reine Reifungstheorie zum Scheitern verurteilt sein müsse, denn sie müsse in folgende *Antinomie* führen (vgl. Crombie 1977, 150). Wenn nämlich alle Teile des Nachfolgers eines Organismus O bereits ansatzweise in O's Samen vorhanden wären, dann müsste auch der Samen von O's Nachfolger im Samen von O vorhanden sein. In gleicher Weise müsste aber auch der Samen von O's Nachfolgers bereits den Samen seines Nachfolgers enthalten, was bedeutet, dass auch der Samen des Nachfolgers von O's Nachfolger in O's Samen enthalten sein müsste, usw.² Somit entstünde ein unendlicher Progress von sich enthaltenden Samen, in Analogie zu einem Bild, das als Teil eine Kopie von sich selbst und somit eine unendliche Folge von immer kleiner werdenden Kopien enthält. Dies ist nach Aristoteles jedoch denkunmöglich, und daher lehnte er diese Auffassung ab. In der Reifung des befruchteten Samens müssten vielmehr Teile *neu* entstehen, ohne dass deren Entstehung schon durch die Keimanlagen prä-determiniert wurden, und dazu bedürfe es der teleologischen Kraft.

² Aristoteles nahm an, dass nur der männliche Samen die formgebenden Erbanlagen enthält, während das weibliche Ei nur das Substrat liefere. Galen (129-200 n. Chr.) war der erste, der Aristoteles in dieser Auffassung korrigierte.

Wie steht es um die Aristotelische Reifungsantinomie in moderner Sicht? Aristoteles hat darin recht, dass es für endliche Systeme (aus logischen Gründen) unmöglich ist, dass sie einen echten Teil enthalten, der mit ihnen selbst isomorph (strukturidentisch) ist und somit dieselbe Komplexität besitzt wie das Gesamtsystem. Denn weil das Gesamtsystem neben diesem Teil noch andere Teile besitzt (das ist mit 'Echtheit' eines Teils gemeint), muss seine Komplexität größer sein.³ Aus moderner Sicht löst sich das Problem dadurch auf, dass der wachsende Organismus ständig Komplexität bzw. 'negative Entropie' aus der Umgebung aufnimmt, in Form von 'Nährstoffen' und letztlich in Form von Sonnenenergie. Sein Entwicklungsprogramm dient dazu, diese aufgenommene Komplexität richtig einzubauen, sodass dieses Programm eine durchaus niedrigere Komplexität besitzen kann als der erwachsene Organismus, ohne physikalischen Gesetzen zu widersprechen.

Die Annahme von *Urzeugung*, also der spontanen Entstehung von primitiven Lebenskeimen aus unbelebter Materie (z.B. Schlamm), war ein konsequenter Bestandteil der Aristotelischen Teleologie, derzufolge sich die Natur aus primitiven anorganischen zu immer höheren organischen und schlussendlich vernünftigen Formen hinentwickelt. Im kreationistischen Weltbild ist die Annahme von Urzeugung dagegen nicht nötig, denn Gott hat die verschiedenen Lebewesen in separaten Schöpfungsakten geschaffen, sodass keine Notwendigkeit besteht, eine höhere Spezies aus einer niederen durch teleologische Prozesse hervorgehen zu lassen. Dennoch war der Glaube an die Möglichkeit von Urzeugung von der Antike bis in die späte Neuzeit weit verbreitet, zumal die Alltagserfahrung der spontanen Sprossung von Pflanzen aus reiner Erde, oder von Schimmelpilzen auf organischem Material, diesen Glauben zu stützen schien. Erst im 17. und beweiskräftig gar erst im 19. Jahrhundert wurde die Möglichkeit von Urzeugung widerlegt (s. Kap. 1.4).

Das biologische Klassifikationsprinzip des Aristoteles gründete sich auf der Lehre

³ Unendliche Systeme können echte Teile besitzen, zu denen sie isomorph sind – man denke z.B. an die bijektive Abbildung der natürlichen auf die geraden Zahlen. Doch natürliche Systeme sind immer endlich.

des *Essentialismus*. Dieser Lehre zufolge, die teilweise heute noch die Metaphysik bestimmt, lassen sich die Eigenschaften von sämtlichen 'Substanzen', seien es Gegenstände oder Organismen, in *essentielle* oder Wesenseigenschaften versus *akzidentelle* (d.h. mehr-oder-minder zufällige) Eigenschaften unterteilen. Die essentiellen Eigenschaften bestimmen das Wesen und die Identität des Gegenstandes und sind *historisch unwandelbar*. Im Fall biologischer Organismen werden die essentiellen Eigenschaften durch deren Artzugehörigkeit und somit durch deren Keimanlagen festgelegt, oder wie man heute sagen würde, vererbt. Alle Individuen derselben biologischen Art bzw. Gattung besitzen daher dieselben essentiellen Eigenschaften und unterscheiden sich nur in ihren akzidentellen Eigenschaften, welche dem Einfluss unterschiedlicher kontingenter Umgebungseinflüsse zu verdanken sind. Unterschiedliche biologische Gattungen, z.B. Katzen versus Hunde, Vögel versus Säugetiere, besitzen dagegen auch unterschiedliche essentiellen Eigenschaften.

Da essentielle Eigenschaften unwandelbar sind, ist dem Essentialismus zufolge eine Evolution von Spezies ausgeschlossen. Für Mayr (1981, Teil I) war der Essentialismus daher ein Haupthindernis für das vor-darwinistische Denken, zum evolutionären Denken vorzudringen. Allerdings ist der Essentialismus des Aristoteles weniger die Konsequenz seiner (speziellen) Teleologie als die Konsequenz seiner (allgemeinen) *Metaphysik*. Die Unterscheidung zwischen essentiellen versus akzidentellen Eigenschaften war wesentlich für die Festlegung der Identität von Dingen in der Zeit, sowie für die Unterscheidung zwischen Notwendigkeiten versus Zufälligkeiten in der Natur insgesamt. Im teleologischen Entwicklungsmodell legen die essentiellen Eigenschaften den Entwicklungsverlauf eines individuellen Organismus fest; im Modell der Urzeugung ist dagegen auch Raum für die *Neuentstehung* von essentiellen Eigenschaften vorgesehen. Wesentlich stärker als durch die Teleologie wird der Essentialismus biologischer Arten dagegen durch das *kreationistische* Modell gestützt. Denn diesem Modell zufolge wurde die essentiellen Eigenschaften vom Schöpfergott einstmals planvoll in die Organismen hineingelegt und liegen seitdem in diesen *unveränderlich* fest. Dementsprechend hat auch der im nächsten Kapitel besprochene

Linné seinen Essentialismus nicht auf die Aristotelische Teleologie, sondern auf den christlichen Kreationismus gegründet.

1.4 Beginnende Naturwissenschaft: Entwicklungstheorien vor Darwin

Der Stand des biologischen Wissens im Ausklang des Mittelalters hatte gegenüber dem antiken Wissensstand nicht wesentlich zugenommen. Anders als die Klassifikation der chemischen Substanzen war die aristotelisch-scholastische Klassifikation der Lebewesen und insbesondere die der Tiere unseren gegenwärtig üblichen Klassifikationen durchaus nahe – was wohl daran liegt, dass die natürliche Kognition des Menschen seit Urzeiten mit den ihn umgebenden Tieren und Pflanzen beschäftigt und daher gut darauf zugeschnitten war. So unterschied die bis ins 17. Jahrhundert gelehrte aristotelische Substanzontologie bzw. 'Chemie' lediglich vier Grundelemente, Wasser, Erde, Luft, und Feuer, welchen die vier heiligen Farben der Alchemie (weiß, schwarz, gelb, rot) sowie die vier Körpersäfte (Schleim, schwarze Galle, gelbe Galle,

		Enaima (Bluttiere, modern: Wirbeltiere)	
A. Lebendgebärende		<ul style="list-style-type: none"> 1. Mensch 2. Behaarte Vierfüßler (Landsäugetiere, klassifiziert nach: gespaltenem Huf, Zähnen usw.) 3. Cetacea (Seesäugetiere, von Albertus zu den Fischen gerechnet) 	<ul style="list-style-type: none"> 4. Vögel (geordnet nach Raubvögeln, Schwimmfüßlern usw.) 5. Schuppige Vierfüßler und Fußlose (Reptilien und Amphibien) 6. Fische (Gräten- und Knorpelfische)
B. Eierlegende (manchmal im Innern Eier, nach außen lebende Junge gebärend, wie manche Vipern und Knorpelfische)	<ul style="list-style-type: none"> a. mit vollkommenem Ei b. mit unvollkommenem Ei 		
		Anaima (Blutlose, modern: Wirbellose)	
Eierlegende	c. mit unvollkommenem Ei	<ul style="list-style-type: none"> 7. Malacia (Kopffüßler) 8. Malacostraca (Krustentiere) 9. Entoma (Insekten, Tausendfüßler, Spinnen, Eingeweidewürmer usw., Albertus' 'animalia corpora annulosa vel rugosa habentia') 	<ul style="list-style-type: none"> 10. Ostracoderma oder Testacea (Mollusken außer Kopffüßlern; Seeigel, Manteltiere) 11. Zoophyten (Seegurken, Seeanemonen, Quallen, Schwämme)
C. Würmergebärende, Gegliederte			
Erzeugt durch Zeugungsschleim, Knospung oder Urzeugung			
Erzeugt durch Urzeugung			

Tab. 1-2: Die Aristotelische Klassifikation der Tiere (mit Abwandlungen bis ins 18. Jahrhundert akzeptiert).

Blut) zugeordnet waren (vgl. Crombie 1977, 159f). Verglichen zu dieser aus heutiger Sicht abwegigen Chemie ist die aristotelische Klassifikation der *Tiere* auch heute noch in vieler Hinsicht plausibel und hat sich, so wie in Tab. 1-2 abgebildet, bis ins 18. Jahrhundert gehalten (vgl. Crombie 1977, 154).

Aristoteles' Unterscheidung zwischen Bluttieren und Blutlosen wurde erst von Lamarck in Wirbeltiere und Wirbellose umbenannt (Mayr 1982, 152). Die Nähe von Aristoteles' Klassifikation der Wirbeltiere zur heute akzeptierten Einteilungen ist bemerkenswert. Aristoteles' Klassifikation der Wirbellosen ist dagegen wesentlich weiter von heute akzeptierten Klassifikation entfernt. Dasselbe trifft auf die Klassifikation der Pflanzen zu. Sie war bei Aristoteles nur wenig entwickelt, wurde in der Antike von Theophrast (372-288) erweitert und darauf aufbauend vom spätmittelalterlichen Philosophen und Wissenschaftler Albertus Magnus (1206-1280) wie in Tab. 1-3 dargestellt (s. Crombie 1977, 145). Zentrale heutige Unterscheidungen wie die zwischen Nicht-Samenpflanzen und Samenpflanzen, und unter letzteren die zwischen nacktsamigen und bedecktsamigen, fehlen in dieser Klassifikation.

- I. *Blattlose* Pflanzen (größtenteils unsere Kryptogamen, d.h. Pflanzen ohne echte Blüte)
- II. *Blattpflanzen* (unsere Phanerogamen oder Blütenpflanzen, gewisse Kryptogamen)
 - II.1. *Rindenbildende* Pflanzen mit starrer Außenhülle (unsere Monokotyledonen, die nur *ein Keimblatt* haben)
 - II. 2. *Umkleidete* Pflanzen mit Jahresringen, ex ligneis tunicis (unsere Dikotyledonen, die *zwei Keimblätter* haben)
 - II.2a. Krautige
 - II.2b. Holzige

Tab. 1-3: Klassifikation der Pflanzen nach Albertus Magnus (wurde schon im 17. Jahrhundert erweitert).

Schließlich war die in Abb. 1-2 dargestellte Scala Naturae seit Aristoteles bis in die Neuzeit wissenschaftlich akzeptiert (s. Crombie 1977, 136).

Erst ab dem 16. Jahrhundert wurde die Biologie als eigenständige Wissenschaft überhaupt erst anerkannt. Bis ins 13. Jahrhundert interessierten sich die Gelehrten für Pflanzen primär aus medizinischen Gründen, während das Interesse an Tieren vor-

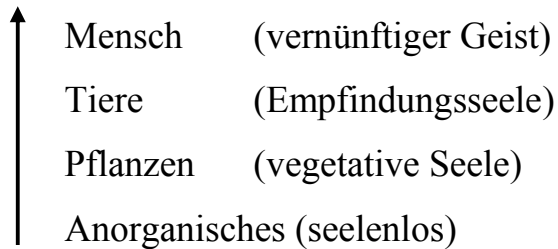
Entwicklungshöhe

Abb. 1-2: Die seit Aristoteles bis in die Neuzeit akzeptierte *Scala Naturae*.

wiegend dem Unterhaltungsbedürfnis entsprang. Exotische Tierschauen – die Vorläufer moderner Zoos – waren in Kaiserhäusern seit langem üblich; Klöster pflegten in ihren Gärten Sammlungen seltener Natur- und Zuchtpflanzen. Als einer der ersten begann der große Dominikanermönch Albertus Magnus (1206-1280) mit der wissenschaftlichen Klassifikation der Pflanzen um ihrer selbst willen.

Im mittelalterlichen Denken gerieten die beiden großen vor-darwinistischen Entwicklungstheorien, die Teleologie und der Kreationismus, nicht nur in Berührung, sondern auch in Konflikt. Seit der Antike war die *Wandelbarkeit* von Arten durch *Züchtung* bekannt. Sie passte bestens in die Aristotelische Teleologie, war aber mit der biblischen Schöpfungslehre streng genommen unvereinbar, denn Gott hatte die biologischen Arten ja nur einmal und dann aber auch schon vollkommen geschaffen. Um die Genesis mit der Wandelbarkeit von Arten in Einklang zu bringen, schlug schon der frühe christliche Theologe *Augustinus* (354-430) als Kompromiss vor, dass Gott die Lebewesen nur in ihren Keimen geschaffen hätte, worauf sie erst nach und nach in Erscheinung träten (Crombie 1977, 146ff). Albertus Magnus übernahm diesen Gedankengang und erklärte Arten, im Gegensatz zu übergeordneten Gattungen, für begrenzt wandlungsfähig.

Bis ins 16. und 17. Jahrhundert gingen die meisten Gelehrten gemäß der Lehre des Thomas von Aquin (s. Kap. 1.2) davon aus, dass das naturwissenschaftliche Wissen in Harmonie mit der biblischen Genesis stehen müsse. So berechnete Bishop Usher im 17. Jh. aufgrund der in der Genesis verzeichneten Stammbäume der Nachfahren

von Adam und Eva, dass die Welt vor ca. 4000 Jahren entstanden sein müsse. In seiner *Sacred Theory of Earth* von 1681 schlug Reverend Thomas Burnet vor, die *Sintflut* sei durch das Bersten der äußeren Erdkruste und Eruption subterranean Wassers ausgelöst worden, im Gegensatz zu konkurrierenden Erklärungsmodellen, welche Noahs Flut auf den Einschlag eines Kometen zurückführten. Auch die führenden Physiker dieser Zeit, wie Descartes, Huygens, Boyle oder Newton, waren strikte Kreationisten und Theisten (vgl. Mayr 1982, 303, 308, 314).

Doch es wurde immer schwieriger, das zunehmende empirische Wissen mit einer strikten Bibel-Auslegung zu vereinbaren. Es dämmerte die Einsicht herauf, dass die Erde eine sehr lange Entwicklungsgeschichte hinter sich haben und früher ganz anders ausgesehen haben musste als heute. Dabei spielte die *Geologie* als neue Wissenschaft, die sich Anfang des 18. Jahrhunderts herausbildet hatte, die entscheidende Rolle (s. Rudwick 2005). So erkannte man, dass Boden und Gestein aus (mehr oder weniger deutlich ausgeprägten) *Schichten* von Sedimentablagerungen bestanden, die sich Jahr für Jahr neu bildeten, und die oftmals nicht vertikal, sondern schräg oder horizontal verworfen waren, so als hätten an diesen Stellen erst nachträglich Gebirgsaufstülpungen stattgefunden. Letztere Hypothese wurde insbesondere dadurch belegt, dass man im Gestein hoher Berge oftmals Muschelfossilien und andere marine Ablagerungen fand, was bedeutete, dass diese Schichten einstmals Meeresboden waren. Die Schichtenstruktur der Erdoberfläche erlaubte erstmals eine unabhängige Abschätzung des Erdalters: da manche Schichtformationen bis zu 10 km Tiefe bzw. Ausdehnung aufwiesen, und durch Gesteinsablagerung jährlich nur Größenordnungen von wenigen Zentimetern hinzukommen konnten (was aus Fundstellen jüngeren Datums wie z.B. römischen Ausgrabungen bekannt war), ergaben Hochrechnungen ein viel längeres Erdalter, als es die Bibel lehrte. Im Jahr 1779, also zur Zeit von Linné, kalkulierte der mutige Buffon das Erdalter auf mindestens 168.000 Jahre, was damals als Häresie galt (vgl. Mayr 1982, 315f). Darauf aufbauend begründete 1795 James Hutton mit seiner 'Theory of Earth' die moderne Geochronologie.

Ende des 17. Jahrhunderts war auch die Anzahl der seit der Antike bekannten Fos-

silien beträchtlich gestiegen, und man begann sich zunehmend mit ihnen zu beschäftigen. Der Philosoph Leibniz ließ in seinen *Protogaea* von 1692 die Möglichkeit zu, dass einige Tierspezies auch vergehen und andere neu entstehen können, lediglich die göttlich vorgeformten Ideen solcher Spezies, die Monaden, seien ewig. Wesentlich konkreter deutete John Woodward 1695 alle damals bekannten Fossilien als Überreste der während der Sintflut ertrunkenen Tiere (s. Mayr 1982, 313, 317). Zugleich nahm aber auch das Wissen um die Unterschiedlichkeit der exotischen Fauna und Flora ferner Länder zu, und man fragte sich: wenn alle diese Pflanzen und Tiere von Arche Noahs Landeplatz, dem Berg Ararat, entsprungen sind, warum findet man dann in verschiedenen geographischen Regionen so sehr *verschiedene* Pflanzen und Tiere?

Zudem zeigte sich, dass auch die Fossilienfunde selbst geschichtet waren: in unterschiedlichen Gesteinsschichten waren jeweils *andere* Fossilien begraben. Als ad-hoc Erklärung dieses bemerkenswerten Sachverhaltes postulierten einige christliche Gelehrte, es hätte mehrere Sintfluten gegeben, und zugleich mehrere Kreationen, in denen Gott jeweils wieder neue und verbesserte Spezies geschaffen hatte, nachdem er die alten von einer Sintflut hinwegraffen ließ (Mayr 1982, 320). Zeitgenossen von Cuvier entwickelten die ähnlich gelagerte Lehre des *Progressionismus*, derzufolge nach jeder Katastrophe eine neue Kreation stattfand (ibid. 374; Rudwick 1972). Diese Beispiele zeigen erneut (vgl. Kap. 1.2), wie zahlreich die *mögliche* Varianten des Kreationismus sind, die man sich ausdenken kann, wenn man nach einen Kompromiss zwischen einer strengen und einer liberalen Auslegung der Heiligen Schrift sucht.

Die Grundlage der Entwicklung der Biologie als eigenständige Wissenschaft war das Wissen um die Vielfalt der Arten, welches sich seit dem 16. Jahrhundert rapide vermehrte. Aristoteles selbst erwähnte etwa 550 Tierarten, und die Kräutersammler der Renaissance kannten etwa ebenso viele Pflanzen (Mayr 1982, 135, 156; Crombie 1977, 155, 496). Dagegen nannte Gaspard Bauhin (1560-1624) schon 6000 und John Ray 1682 bereits 18.000 Pflanzenarten (ibid.). In der Zoologie kam man aufgrund der

erst 1750 entwickelten Tierpräservationsstechniken weniger schnell voran: John Ray nannte Ende des 17. Jahrhunderts jeweils mehrere Hunderte Spezies von Säugetieren, Vögeln, Fischen und noch wesentlich mehr Insektenspezies (Mayr 1982, 168, 170). Hinzu kam die Entdeckung der Mikroflora und -fauna durch die Erfindung des Mikroskops, welches den Gelehrten mikroskopische Bilder von Insekten und deren Eiern, Spermatozoen oder Bakterien lieferten (Singer 1959, 255, 283ff). Diese Erkenntnisse führten William Harvey, den Entdecker des Blutkreislaufes, und einige seiner Zeitgenossen zur erstmaligen Zurückweisung der Urzeugung: die spontane Keimung organischem Materials sei vielmehr der Existenz von unsichtbaren Keimen oder Eiern zu verdanken.⁴

Und damit gelangen wir zu *Carl Linnaeus* (1707-1778), oder kurz Linné, dem idealtypischen Hauptvertreter und zugleich Endpunkt des essentialistischen Paradigmas der biologischen Systematik. Um 1753 kannte Linné etwa 6000 Pflanzenarten und 4000 Tierarten; er schätzte deren Gesamtzahl auf jeweils 10.000. Linnés Schätzung war sehr vorsichtig; sein Zeitgenosse Zimmermann kam 1778 auf die wesentlich realistischere Schätzung von 150.000 Pflanzenarten und 7.000.000 Tierarten (Mayr 1982, 172). Der gewaltige Kenntniszuwachs über den biologischen Artenreichtum machte Bemühungen um effiziente Klassifikationssysteme bzw. Taxonomien erforderlich, welche bis dahin sehr spärlich waren. Klassifikationen haben (standardmäßig) die Form von *Verzweigungsbäumen*, d.h. es gibt eine Hierarchie von nach oben hin immer allgemeineren Ebenen, entlang derer sich die biologischen Kategorien bzw. 'Taxa' nach unten hin aufzweigen (s. Abb. 1-3). Linné begnügte sich in seiner Taxonomie mit nur vier Ebenen: *Klasse* als oberste Ebene, gefolgt von *Ordnung*, *Genus* (Gattung) und schließlich *Spezies* (Art) als der untersten Ebene (vgl. Mayr 1982,

⁴

Francesco Redi's Nachweis durch Erhitzen und luftdichtes Abschließen von organischem Material wurde von den Befürwortern der Urzeugungshypothese mit der Ad-hoc-Hypothese konterkariert, für Urzeugung sei die 'keimerzeugende Kraft der Luft' nötig. Diese Ad-hoc-Hypothese wurde später von Louis Pasteur (1822-1895) widerlegt, mittels eines raffiniert gebogenen aber offenen Glasröhrchens, welches das Einwehen von Keimen durch die Luft verhinderte. Vgl. Singer (1959), 286f., 463ff, und Crombie (1977), 512f.

174). Heutige Klassifikationen kennen dagegen sieben Ebenen (Reich, Stamm, Unterstamm, Klasse, Ordnung, Familie, Gattung, Art; vgl. Ridley 1993, 356). Abb. 1-3 illustriert das an einem Beispiel heutiger Klassifikation: die Spezies *Hund* wird zusammen mit Wölfen, Kojoten und Schakalen zum *Genus Canis*, der Hundartigen, zusammengefasst; die übergeordnete Ordnung sind die Carnivora bzw. Fleischfresser und die Klasse die Säugetiere.

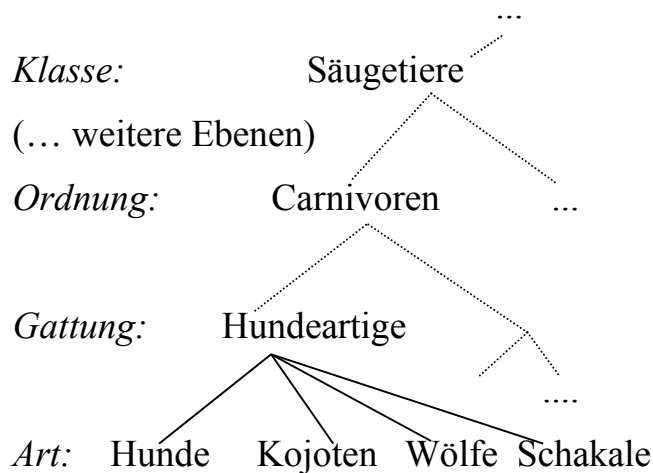


Abb. 1-3: Hierarchische Klassifikation – Verzweigungsbaum.

Linné war strikter Kreationist: wie er im Appendix von 1764 zu seinem Werk *Genera Planetarum* (1737) explizit ausführt, waren für ihn die Gattungen die Essenzen der biologischen Wesen, so wie sie Gott unwandelbar kreiert hat (vgl. Mayr 1982, 176, 200). Aus der Gattung heraus verzweigen sich unterschiedliche Arten durch ihre jeweiligen besonderen Merkmale bzw. 'differentia specifica'. Die höheren Taxa waren dagegen weniger bedeutend und wurden von Linné häufig nach Ökonomieprinzipien abgeändert. Dass Linné die Gattungen mit den Essenzen identifizierte, lag daran, dass es unterhalb der Gattungsebene, speziell bei den Pflanzen, zu *viele* Spezialisierungen in Arten gab (ganz abgesehen von Züchtungen), um all diese als zeitlose Essenzen gelten zu lassen. Ein Stück weit irdisch-akzidentelle Veränderbarkeit gegenüber dem göttlichen Plan musste also auch Linné zulassen, um der empirischen Komplexität gerecht zu werden. Auch die Methode der *binären* Klassifikation benutzte Linné nur bis zur Gattungsebene und ließ darunter *Vielfachverzweigungen* in Arten zu.

Für die Biologen seiner Zeit war das *Systema naturae* von Linné (1735, 10. Aufl. 1758) deshalb so bedeutend, weil er die Methode der systematischen Klassifikation logisch konsequent entwickelte und mit hoher empirischer Genauigkeit verband – er standardisierte die Nomenklatur, führte die Klassifikation der Pflanzen nach ihren geschlechtlichen Merkmalen, Staubgefäßen und Fruchtknoten ein, und vieles mehr. Linnés binäre und auf je einem Unterscheidungsmerkmal basierende Klassifikationsmethode erwies sich allerdings als zu beschränkt. 1763 erprobte Michel Adanson gemäß Linnés binärer Methode konstruierte artifizielle Pflanzenklassifikationen und kam zum Ergebnis, so würde man keine natürlichen Taxa erhalten, man müsse vielmehr mehrere Merkmale zur Bildung natürlicher Taxa heranziehen (s. Mayr 1982, 194). Adanson schlug vor, Linnés 'logische' Klassifikationsmethode durch eine bei den Arten beginnende 'empirisch-induktive' Klassifikation zu ersetzen.

Daran anknüpfend unterscheidet Mayr (1982, 159ff) innerhalb essentialistischer Klassifikationen zwischen den Methoden der *Abwärtsklassifikation* und der *Aufwärtsklassifikation*. Abwärtsklassifikation beginnt 'von oben' bei der Menge aller Lebewesen und versucht diese nach möglichst ökonomischen Unterscheidungskriterien in immer kleinere Gruppen einzuteilen, bis man bei den Arten anlangt. Aufwärtsklassifikation fängt dagegen 'von unten' bei den biologischen Spezies an und versucht über deren Merkmalsähnlichkeiten übergeordnete Klasse zu konstruieren. Mayr kritisiert die von Linné verwendete Methode der Abwärtsklassifikation als 'willkürlich', im Gegensatz zur Aufwärtsklassifikation, die näher an den biologisch relevanten Merkmalen ist. Doch diese Kritik ist nur teilweise berechtigt, denn auch Abwärtsklassifikation kann bei gutem biologischen Hintergrundwissen effiziente Allgemeinkategorien produzieren – ein Beispiel wäre die Aristotelische Abwärtsklassifikation in Bluttiere vs. Blutlose, die den Wirbeltieren versus Wirbellosen entspricht. Umgekehrt kann auch Aufwärtsklassifikation zu Willkürlichkeit führen, z.B. wenn superficielle Detailmerkmale wie "Behaartheit" herausgegriffen werden. Überdies können beide Methoden so kombiniert werden, dass sie sich in der Mitte treffen – in Abb. 1-3 beispielsweise bei den Carnivoren.

Wie Mayr (1982, 177) selbst ausführt, war Linné nicht nur kreationistischer Systematiker – er war zugleich sehr am empirischen Detail orientiert: für Linné sollte eine gute Klassifikation auch empirische *Identifikationsmethoden* liefern und somit *diagnostisch effizient* sein. Die diagnostische Effizienz einer Kategorie ist umso höher, je mehr relevante (diskriminative) Merkmale mit der Zugehörigkeit zu der Kategorie korrelieren (näheres in Kap. 2.5). Schon vor Linné, nämlich seit John Ray, waren sich die meisten Taxonomen darin einig, dass gute Klassifikationen in diesem Sinn diagnostisch effizient sein sollen, wobei unter den relevanten zumeist *anatomische* Merkmale verstanden wurden (s. Mayr 1982, 193).

Unter dem '*natürlichen*' System verstand man religionsbedingt zunächst jenes System, welches den *göttlichen Plan* am besten wiedergab. Doch als die Macht der Theologie zurückging, begann der Begriff der *Natürlichkeit* eines Klassifikationssystems interpretationsbedürftig zu werden. Viele empirisch orientierte Methodologen verstanden damals wie heute darunter nichts anderes als ein empirisch gut fundiertes, d.h. diagnostisch effizientes System (vgl. Mayr 1982, 199f). In stärker metaphysisch orientierten Methodologien der Gegenwart wird unter 'Natürlichkeit' einer Klassifikation ihre Orientierung an 'essentiellen Eigenschaften' verstanden. Wie in Kap. 2.5 argumentiert wird, läuft dieser Natürlichkeitsbegriff auf die Kohärenz mit einer vorausgesetzten *Hintergrundtheorie* hinaus, die uns sagt, welche Eigenschaften als 'essentiell' bzw. 'klassifikatorisch relevant' anzusehen sind.

War Linné der Höhepunkt der essentialistischen Biologie, so kommen wir nun zu Biologen, die Linnés Paradigma aushöhlten und unwissentlich die Evolutionstheorie vorbereiteten, obwohl die noch außerhalb ihrer theoretischen Reichweite lag. Ein bedeutender Zeitgenosse Linnés war (Georges-Louis Leclerc de) *Buffon* (1704-1788). 1776 kam Buffon der Evolutionstheorie erstaunlich nahe, als er spekulierte, dass Esel und Pferd gemeinsame Vorfahren haben könnten, und dann meinte, dies könnte theoretisch sogar auf Affe und Mensch zutreffen. Doch er weist diesen Gedanken augenblicklich wieder zurück, da die Offenbarung Gegenteiliges lehre (vgl. Mayr 1982, 332f).

In seiner *Naturgeschichte* von 1749 wandte Buffon gegen Linné ein, man könne die Gattungen nicht so scharf abgrenzen, wie Linné meinte (Mayr 1982, 334). In der Natur sei nämlich alles kontinuierlich, und Linnés Genera beruhten mehr-oder-weniger 'nominalistischen', also vom Menschen gemachten Abgrenzungen. Was Buffon hier gegen Linnés Genera einwendet, ist eine Version der Nominalismuskritik am biologischen Begriffsrealismus (s. dazu Box 2-3). Als Alternative schlug Buffon vor, biologische Gattungen ließen sich zumindest durch ihre *typischen* Eigenschaften charakterisieren. In der Terminologie der gegenwärtigen kognitiven Semantik optierte Buffon damit für eine *Prototypentheorie* der biologischen Arten, während Linné die klassische *Definitionsmethode* vertritt (vgl. Margolis 1999). Die klassische Definitionstheorie sagt, dass man die biologische Artzugehörigkeit durch eine Liste von einzeln notwendigen und zusammen hinreichenden Merkmalen scharf definieren kann (z.B. "x ist ein Tiger genau dann wenn x die-und-die Merkmale hat"). Die Prototypentheorie wendet ein, dies sei nicht möglich; vielmehr könne man so nur die 'normalen' bzw. typischen Artvertreter charakterisieren (normale Tiger haben ein typisches Streifenmuster, aber es gibt Ausnahmen wie z.B. weiße Albino-Tiger, usw.; vgl. Schurz 2010). Nur die Art, so Buffon, sei eine scharf abgrenzbare Kategorie, definiert durch gemeinsame Fortpflanzung. In Bezug auf Arten vertritt Buffon also den gegenwärtig breit akzeptierten 'biologischen' Artbegriff (ibid. 273f, sowie Kap. 2.5).

Eine bedeutende Vorbereitung für Darwin war ferner *Georges Cuvier* (1769-1832). Interessanterweise war Cuvier lebenslang Opponent von Evolution, obwohl gerade er die meisten Belege für die Evolution produzierte, auf die sich Darwin später stützte, insbesondere die genauere Untersuchung der Fossilien in den schon erwähnten Sedimentschichten, die im Pariser Becken besonders schön ausgeprägt waren. Cuvier fand im Pariser Becken die Strata (Schichten) des Tertiärs und beobachtete, dass jedes Stratum seine eigene Säugetierfauna hatte. Er zeigte auch, dass diese Fossilien nicht spontane Produkte des Felsens sein können (wie bis dahin manche annahmen). Dennoch lag Cuvier der Schluss auf die Evolution der Lebewesen fern; er blieb zeitlebens Essentialist und glaubte wie Linné, dass nur nicht-essentielle

Merkmale evolutionär variieren können (Mayr 1982, 363-5).

Cuvier war nicht nur ein Hauptbegründer der Paläontologie, sondern auch der erste Zoologe unter den Sezierern, welche sich bis dahin nur aus Medizinern rekrutierten. 1795 erkannte Cuvier durch Sezierungen, dass Linnés Klasse der *Vermes* ('Würmer') sehr heterogene Genera umfasste, und 1812 gelangte er dazu, das Reich der Tiere gemäß ihrem anatomischen Bauplan in vier Stämme einzuteilen, nämlich die Vertebraten (Wirbeltiere), Mollusken (Weichtiere), Articulaten (Gliederfüßler) und Radiaten (vgl. Mayr 1982, 182f, 460). Zum Vergleich: in der heutigen Systematik zerfällt das Reich der Tiere in insgesamt 17 Stämme, von denen die Vertebraten der 17. Stamm sind. Durch Cuviers neue Tiersystematik wurde erstmals die bis dahin akzeptierte durchgängige Scala Naturae in Frage gestellt, weil unter den vier Stämmen (evtl. abgesehen von den Vertebraten) keine klare Perfektionsskala mehr möglich ist. In der botanischen Klassifikation war die Annahme einer Scala Naturae noch weniger plausibel (ibid. 201ff). Dass freilich die Säugetiere und insbesondere der Mensch in der Hierarchie ganz oben standen, war weiterhin unbezweifelt.

Eine weitere 'Vorbereitung' des Darwinismus war die Unterscheidung zwischen bloßer *Analogie* versus echter *Affinität*. Die zugrundeliegende Rahmentheorie war die von *deutschen Naturphilosophen* wie Johann Wolfgang von Goethe (1749-1832), Lorenz Oken (1779-1851) und anderen entwickelte *idealistische Morphologie* (vgl. Mayr 1982, 202f, 457f), wonach alle Tierarten durch ihre anatomisch-morphologischen Baupläne essentiell charakterisiert seien. Affinitäten bestehen in Ähnlichkeiten hinsichtlich dieser essentiellen Merkmale. Beispielsweise sind die Pinguine den Walen bloß analog, aber den Vögeln affin, also essentiell mit ihnen verwandt. Meckel unterteile 1821 aufgrund dieser Theorie Cuviers Radiata in zwei ganz unterschiedliche Gruppen, die Stachelhäuter und die Rundwürmer. Und noch 1848 begründete Owen seine Skeletthomologielehre auf diese Weise.

Der morphologische Begriff der Affinität war ein Vorläufer des evolutionären Begriffs der *Homologie* als Merkmalsgleichheit aufgrund gemeinsamer Abstammung; er wurde jedoch noch in keinerlei Bezug zur Evolution gesetzt. Obwohl die

idealistische Morphologie von Evolution also weit entfernt war, traf sie dennoch einen evolutionstheoretisch bedeutsamen Punkt, denn anatomische Baupläne ändern sich evolutionär viel langsamer als andere Merkmale und sind daher in der Tat für viele weiteren Eigenschaften von Organismen grundlegend.

1.5 Die Entstehung der Darwinschen Evolutionstheorie

Ende des 18. Jahrhunderts gewannen der *Materialismus* und die anti-klerikale Aufklärung zunehmend an Einfluss, zunächst in Frankreich und etwas später in Deutschland. Mit dem Aufkommen materialistischer Denkweisen lag auch das Wort "Evolution" in der Luft. Sämtliche frühe materialistische Philosophen, von Diderot und Holbach bis Marx und Engels, bekannten sich zur 'Evolution', aber keiner von ihnen war wirklich evolutionstheoretisch im Sinne Darwins. Die Entwicklungstheorien dieser Philosophen waren mechanistische Reifungstheorien mit normativ-teleologischen Komponenten, welche eine intrinsische Tendenz zur zielgerichteten Höherentwicklung postulierten. Ein prominentes Beispiel ist die dialektisch-materialistische Evolutionstheorie von Marx und insbesondere Engels; ähnlich dachten auch idealistische 'Evolutionisten' wie z.B. J. F. Blumenbach, der Ende des 18. Jh. vom 'Bildungstrieb in der Natur' sprach, und dasselbe trifft auf weitere noch zu besprechende Zeitgenossen Darwins wie Spencer oder Lamarck zu.

England war kirchenfreundlicher als das Frankreich des 18. und frühen 19. Jahrhunderts, was auch daran lag, dass England die parlamentarische Revolution in gemäßigt-puritanischer Form wesentlich früher durchgemacht hatte. Unter Englands Wissenschaftlern dominierte die Einstellung eines liberalen Deismus, und es gab eine Allianz von zahlreichen wissenschaftlichen Kreisen mit der Kirche. Das schon in Kap. 1.2 anhand von Paleys Uhrenbeispiel erläuterte *Design-Argument* findet sich in den Schriften vieler englischer Gelehrter dieser Zeit. Freilich gab es auch im englischsprachigen Bereich empiristische oder materialistische Religionskritiker, wie den schon erwähnten David Hume. Auch Darwins Großvater Erasmus Darwin verfasste

spekulative Schriften zur Evolution, die allerdings weder im engeren Sinne evolutionstheoretisch waren, noch den Enkel Charles beeinflusst haben.

Der erste zumindest 'halbe' Evolutionist, der jedoch signifikant vom späteren Darwin abwich, war ein Assistent von Buffon, nämlich Jean Baptiste de *Lamarck* (1744-1829). Lamarck vertrat die These einer langsamen und kontinuierlichen Artenveränderung im Verlauf der Erdentwicklung, verbunden mit einer zunehmenden Vervollkommnung. Lamarck stützte seine These auf Fossilienvidenzen wie beispielsweise Ähnlichkeitsreihen von fossilisierten Muscheln, die in den gegenwärtigen Muscheln enden. Tatsächlich hatte man zu Lamarcks Zeit bereits zahlreiche ausgestorbene Spezies entdeckt, wie z.B. die Ammoniten (krebbsartige Tiere), später Mastodone (kleine Urelefanten) in Nordamerika und Mammuts in Sibirien, u.a.m. (vgl. Singer 1959, 329-332).

Die Tatsache, dass so viele Arten ausgestorben zu sein schienen, stand nicht nur in Konflikt mit der Heiligen Schrift, sondern konstituierte auch eine neue Facette des *Theodizeeproblems*, also des Problems, wie die Vollkommenheit Gottes mit dem Übel in der Welt vereinbar sei. Denn warum sollte ein perfekter, allwissender, allmächtiger und allgütiger Gott so viele von ihm geschaffene Spezies hinterher wieder aussterben lassen? Lamarcks evolutionäre Transformationstheorie bot hierfür eine geniale Lösung: die fossilen Spezies wären gar nicht ausgestorben, sondern hätten sich nur langsam in die heutigen Spezies transformiert (Lamarck 1809; vgl. Mayr 1982, 349).

Lamarck lehrte, die Veränderung der Lebewesen gehe nach zwei Kriterien vor sich. Erstens gebe es in der Natur einen intrinsischen Verbesserungsdrang, und zweitens besäßen Organismen einen ökologischen *Anpassungsdrang*, eine Anpassung der Organismen an die Besonderheiten ihrer Umgebung (Lamarck 1809; Mayr 1982, 353f). Lamarck stützte seine Hypothesen insbesondere auf die Beobachtung, dass Organe durch stetige Übung ihre Leistungskraft verbessern. Dabei nahm er an, dass auch erworbene bzw. erlernte Merkmale biologisch vererbt würden – dass also beispielsweise ein Sportler, der durch Training eine starke Muskulatur erwirbt, diese auch an seine Kinder weitervererbt.

Die These der Vererbung erworbener Merkmale wird auch *Lamarckismus* genannt, und sie ist aufgrund des heutigen Wissensstandes als weitgehend falsch anzusehen: *erworbene Merkmale* werden *nicht vererbt*, bis auf einige wenige *Ausnahmen*, die im Bereich der Epigenetik diskutiert werden (s. dazu Kap. 2.3). Signifikante Vererbung von erworbenen Merkmalen konnte bislang nicht beobachtet werden; die lamarckistische Agrarwirtschaft des Stalin-Gefolgsmanns Lyssenko erwies sich bekanntlich als kompletter Fehlschlag (vgl. de.wikipedia.org/wiki/Lyssenko). Dennoch gab es bis heute immer wieder lamarckistische Gegenströmungen zur akzeptierten genetischen Vererbungslehre. Wie auch Mayr (1982, 359) hervorhebt, ist es einseitig, wenn Lamarck heute vorwiegend für die lamarckistische Vererbungslehre und damit für seine Fehler zitiert wird und weniger für seine Leistungen – immerhin war er der erste Evolutionist, wenn auch noch mit schwach normativ-teleologischen Komponenten.

Bedeutenden Einfluss auf den jungen Darwin hatte der zu seiner Zeit führende Geologe *Charles Lyell* (1797–1875). In seinen *Principles of Geology* (1833) zeigte er minutiös, wie im Verlauf der Erdgeschichte Schichten mit Fossilien entstanden, Felsen durch Seen und Flüsse zerlegt und durch Gletscher aufgespalten werden, usw. Der junge Darwin hatte Lyells Buch auf seine Schiffsreise mitgenommen, und manche Autoren meinten, Darwin hätte Teile seiner Evolutionstheorie Lyell zu verdanken, aber diese Auffassung ist wohl inkorrekt. Denn Lyell vertrat den so genannten *Uniformitarismus*, demzufolge in der Entwicklungsgeschichte der Erde, in der belebten wie unbelebten Natur, überall dieselben Arten von Kräften wirken. Die Gerichtetheit dieses Entwicklungsprozesses oder einen Lamarckschen Perfektionsdrang wies Lyell jedoch zurück. Insofern Lyell der Teleologie eine Absage erteilte, bereitete er den Boden für Darwin vor. Lyell war jedoch Essentialist; eine historische Wandelbarkeit oder gar Evolution von Arten lehnte er ab. Er nahm lediglich an, dass Arten aussterben und gelegentlich auch neu entstehen können (vgl. Mayr 1982, 406f).

Fast zeitgleich mit Darwin haben zwei weitere Autoren die Lehre der 'Evolution' propagiert, allerdings ohne empirisch-wissenschaftliche Begründung. Der eine war

der Populärautor *Robert Chambers*, der 1844 unter einem Pseudonym "Mirambeaud" die These der 'Evolution' postulierte und dafür heftig attackiert wurde (s. Mayr 1982, 382). Der zweite und noch bekanntere war der Philosoph *Herbert Spencer* (1820-1903). Manche Spencer-Interpreten haben behauptet, Spencer habe Darwin vorweggenommen, und andere, er hätte die inhumanen sozialen Konsequenzen des Darwinismus aufgezeigt (vgl. Mayr 1982, 382, 385). Doch beides ist unrichtig. Seinen ersten Essay über Evolution schrieb Spencer 1852, also noch *bevor* Darwin seine 'Origin of Species' herausbrachte. Spencer verstand nur wenig von Biologie; er berief sich vorwiegend auf Chambers und Lyell, und seine philosophischen Prinzipien der Evolution sind häufig Leerformeln. Jedenfalls aber vertrat Spencer eine normativ-teleologische Entwicklungstheorie: Evolution implizierte ihm zufolge immer eine notwendige Progression zu Höherem, die allerdings nicht immer ohne Leid und Entbehrung auf Seiten der Schwächeren vor sich geht. Im Zusammenhang damit wurde Spencer als Erfinder des berüchtigten *Sozialdarwinismus* bekannt, der Vorstellung von Menschheitsentwicklung als Kampf um die Existenz und als Überleben des Stärkeren. Wie in Kap. 8 ausgeführt wird, ist der Spencersche Sozialdarwinismus allerdings eine Fehldeutung der darwinschen Evolutionstheorie.

Damit kommen wir zu *Charles (Robert) Darwin* (1809-1882), dem berühmten Begründer der Evolutionstheorie im engeren Sinne (für das folgende vgl. z.B. Mayr 1982, 394ff, sowie de.wikipedia.org/wiki/Darwin). Mit nur 22 Jahren, im Jahr 1831, trat Darwin seine berühmte Schiffsreise mit der *Beagle* an, welche auf ihrer 5-jährigen Weltumsegelung zahlreiche exotische Länder und Inseln ansteuerte (s. Abb. 1-4). Als Darwin seine Reise begann, war er tief religiös und von Paleys 'Natural Theology' sehr beeindruckt. Er berichtet in seinem Tagebuch, häufig aus der Bibel zitiert zu haben und dafür ausgelacht worden zu sein. Auf seiner Reise sammelte Darwin zahlreiche exotische Arten, insbesondere zahlreiche Vogelarten auf den Galapagos-Inseln. Nach seiner Rückkehr begann er, seine reichhaltigen Funde auszuwerten bzw. auswerten zu lassen. Zwei Jahre nach seiner Rückkehr legte Darwin seinen religiösen Glauben ab – und zwar *aufgrund* der aus seiner Reise hervorgegangenen wis-

senschaftlichen Einsichten. Wie war das möglich – was war geschehen?



Abb. 1-4 Stationen von Darwins Weltumsegelung
(de.wikipedia.org/wiki/Datei:Darwins_Weltumsegelung.png).

Darwin brachte von den Galapagos-Inseln interessant variierende Arten von Finken und Spottdrosseln mit. 1837 arbeitete der Ornithologe John Gould Darwins Vogelkollektionen auf und entdeckte, dass sich Darwins Spottdrosseln von Insel zu Insel spezifisch unterschieden; so spezifisch, dass man sie als separate Arten ansehen musste (s. Mayr 1982, 409).⁵ Zudem ließen sich zwischen spezifischen Merkmalausprägungen der Vögel und den ökologischen Besonderheiten ihrer Inseln auffallende Anpassungskorrelationen finden; beispielsweise hatten die Spottdrosseln dort größere Schnäbel, wo die Nüsse, von denen sie lebten, größer waren und somit dickere Schalen hatten, zu deren Knacken längere Schnäbel vorteilhaft waren (Ridley 1993, 212-214). Diese Befunde legten einen klaren Schluss nahe: dass die Spezies der Spott-

⁵ Man nennt oft Darwins Galapagos-Finken, doch seine Finkenkollektionen waren lückenhaft und beschädigt, sodass er seine Erkenntnisse zuerst an den Galapagos-Spottdrosseln gewann; später wurden auch die Galapagos-Finken untersucht.

drosseln vor langer Zeit einmal vom amerikanischen Festland auf die Galapagos-Inseln eingeflogen war, auf verschiedenen Inseln voneinander isolierte Populationen bildete, die sich nach und nach an die natürlichen Anforderungen ihrer Umgebung anpassten und sich dabei so stark veränderten, dass daraus schließlich verschiedene, untereinander nicht mehr reproduktionsfähige Spezies geworden waren. Dass sich die natürlichen Arten auf so offenkundige Weise wandelten und sich in neue Spezies aufspalteten, war ein derart starker Schlag gegen die christlich-kreationistische Weltanschauung, dass Darwins Weltanschauung in den Jahren 1837-38 eine Konversion durchmachte.

Darwin schrieb seine Einsichten allerdings erst wesentlich später zusammen und trug sie noch später vor – er war sehr genau und brachte seine Gedanken nur zögernd zu Papier. Sein zuerst erschienenenes Werk *Origin of Species* schrieb er 1858-1859 und publizierte es 1859, doch nur unter dem starkem Druck seiner Kollegen. Der volle Titel lautete: "On the Origin of Species by Means of Natural Selection (or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life)". *Natural Selection* schrieb er zwar noch früher, nämlich 1856-1858, brachte aber diese Schrift erst 1875 als sein drittes Hauptwerk heraus (hg. von R.C. Stauffer). Zuvor, nämlich 1871, erschien sein zweites Hauptwerk, *The Descent of Man and Selection in Relation to Sex*, das den vergleichsweise größten Skandal auslöste, da er darin seine Evolutionstheorie auf den Menschen als Abkömmling des Affen anwandte.⁶

Darwins grundlegende Hypothese war die Entstehung von neuen Arten aus Varietäten bzw. 'Rassen' durch anhaltende geographische Separation. Dabei wird der Begriff der 'Rasse' bei Darwin, so wie auch im vorliegenden Buch, selbstverständlich immer nur im wertfrei-biologischen Sinn als 'genetische Variante innerhalb einer Spezies' verstanden. Darwins Hypothese war schon bei einigen Autoren vorformuliert (z.B. 1825 bei Leopold von Buch; vgl. Mayr 1992, 411). Doch erst Darwin hatte die-

⁶ Berüchtigt ist die Polemik von Wilberforce, Bischof von Oxford, der den Darwin-Verteidiger T.H. Huxley sarkastisch fragte, ob er nun mütterlicherseits oder väterlicherseits von einem Affen abstamme (s. Dennett 1997), 466.

se Hypothese genau ausformuliert und begründet. Darwins Schlüsselbeobachtungen waren folgende:

(1.) immer wieder eintretende Migrationsbewegungen von Populationen in neue Regionen, wenn Ressourcen der alten Umgebung knapp werden,

(2.) die langsame Anpassung an veränderte Umgebungsbedingungen und der schleichende Übergang von extrinsischen (z.B. geographischen) zu intrinsischen Fortpflanzungsbarrieren – d.h., sind zwei Vögelpopulationen über viele Tausend Jahre geographisch getrennt, dann haben sie sich zwischenzeitlich so stark modifiziert, dass sie sich untereinander nicht mehr fortpflanzen können; sowie schließlich

(3.) die aufgrund der *Diversität* von Umgebungen bzw. 'ökologischen Nischen' einhergehende adaptive *Multiplikation* von Spezies in Form eines sich immer weiter verzweigenden Abstammungsbaumes (vgl. Mayr 1982, 411-414).

In Abb. 1-5 ist der Unterschied zwischen der Darwinschen Evolutionstheorie als Verzweigungsbaum gegenüber der Lamarckschen Auffassung einer kontinuierlichen Artentransformation schematisch darstellt. Die vertikale Achse entspricht dabei der Zeitrichtung, die horizontale einer graduellen Anordnung von Merkmalen. Linien, die nicht bis in die Gegenwart reichen, entsprechen ausgestorbenen Spezies.

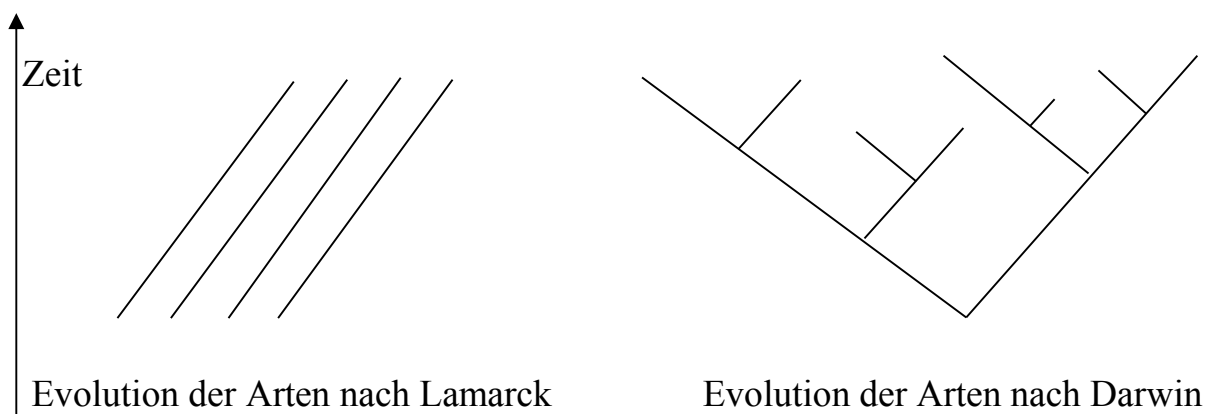


Abb. 1-5: Vergleich der Evolutionstheorien von Lamarck und Darwin.

Es ist eine harmlose Idealisierung, den Darwinschen Abstammungsbaum mittels *binärer* Aufspaltungen zu zeichnen, da man immer annehmen kann, eine Aufspaltung der Mutterpopulation in mehr als zwei Tochterpopulationen habe jeweils zu ein we-

nig verschiedenen Zeiten stattgefunden – von der Auswanderungspopulation der Spottdrosseln landete beispielsweise zuerst eine Subpopulation auf Insel 1 und erst danach eine auf Insel 2, usw.

Darwin referierte ab 1837 immer wieder auf sein demnächst erscheinendes Spezies-Buch, ohne es geschrieben zu haben; er wollte zuvor seine Reputation als Systematiker erhöhen (s. Mayr 1982, 421). Zeitgleich mit Darwin wurde die Evolutionstheorie auch von *Alfred R. Wallace* (1823-1913) entwickelt, wenngleich in wesentlich bescheidenerer Ausarbeitung und Begründung. Nach detaillierten Beobachtungen der Fauna und Flora im Amazonasgebiet und im Malaiischen Archipel schrieb Wallace (1855) seinen Aufsatz "On the Law which has Regulated the Introduction of New Species", worin er ausführte, wie durch anhaltende geographische Separation neue Spezies entstehen (Mayr 1982, 418f). Mayr zufolge war Wallace ein Bewunderer von Darwin und nicht eifersüchtig; Darwin wiederum erkannte an, dass Wallace von ihm unabhängig denselben Gedanken entwickelt hatte (ibid. Mayr 498, 422).⁷ Lyell und Hooker präsentierten Wallaces Aufsatz zusammen mit Extrakten eines Essays von Darwin aus dem Jahre 1844 und einen Brief Darwins von 1857 im Jahre 1858 der Linné-Gesellschaft. Obzwar sich zunächst wenig Reaktion einstellte, drängten Lyell und Hooker 1858 Darwin dazu, ein Abstract zu seinem geplanten Spezies-Buch zu schreiben, aus welchem schließlich der 1859 publizierte *Origin of Species* hervorging.

Das Besondere an Darwin waren die Überzeugungskraft seiner gleichermaßen tiefsinnigen wie umfassenden Begründungen. In seinem *Origin* führt Darwin folgende *Fossil-Evidenzen* für seine These der verzweigenden Evolution durch gemeinsame Abstammung an (vgl. Mayr 1982, 433ff):

(i) zahlreiche Fossilien (z.B. die urzeitlichen Ammoniten und Trilobiten) sind heute ausgestorben,

⁷

S. auch de.wikipedia.org/wiki/Alfred_Russel_Wallace. Die gelegentlich geäußerte These, Darwin hätte Wallaces Ideen gestohlen (z.B. www.welt.de/wissenschaft/article2081922/), ist jedoch kaum haltbar (s. U. Kutschera 2008).

(ii) je älter ein Fossil ist (gemäß den geologischen Schichten), desto weniger ähnlich ist es den Tieren der Gegenwart,

(iii) die Fossilien von zwei aufeinander folgenden geologischen Schichten sind einander ähnlicher als die von entfernten Schichten, und schließlich

(iv) die ausgestorbenen Fossilienformen auf einem Kontinent sind den lebenden Arten desselben Kontinents ähnlicher als den von anderen Kontinenten.

Zusammengefasst korreliert also die Ähnlichkeit unter den lebenden wie den fossilisierten Spezies mit ihrem erdgeschichtlichen Zeitabstand sowie mit der (in der Zeit zurückgelegten) geographischen Distanz ihrer Lebensräume bzw. Fundorte. Die Erklärung, die Darwin dafür gab, war eben seine evolutionäre Hypothese der Aufspaltung von Spezies mit gemeinsamer Abstammung durch reproduktive Isolierung. Der hypothetische Schluss, den Darwin hier zog, ist ein Musterbeispiel für den sogenannten *Schluss auf die beste Erklärung*, auch *Abduktion* genannt (s. Box 1-1; näheres in Schurz 2006, 2008a).

Wie Darwin mehrfach hervorhob, ist die Fossilienevidenz sehr lückenhaft – damals um ein Vielfaches lückenhafter als heute. Zwar gab es auch zu Darwins Zeit spektakuläre Funde neuer Fossilien (z.B. 1861 den 'Urvogel' *Archaeopterix*). Dennoch fehlten zahlreiche hypothetisch postulierte fossile Zwischenglieder der Evolution. Daher war Darwin bemüht, seine Hypothesen durch weitere, von Fossilienevidenz unabhängige Arten von Evidenzen zu stützen.⁸

Eine zweite Gruppe von Evidenzen waren die Fakten der *Biogeographie*, welche im Verlauf der zunehmenden Fernreiseaktivitäten zusammengetragen wurden. So stellte der schon erwähnte Wallace 1876 fest, dass die Tiere Südamerika und Australiens, sowie die Eurasiens und Nordamerikas, einander ähnelten. Dies passte zur der schon zuvor (1847 von Hooker) aufgestellten Hypothese einer frühen Landverbindung zwischen diesen (Sub-)Kontinenten. Die Erkenntnis der Kontinentalverschiebung setzte sich allerdings erst viel später durch; bis 1940 dominierte die statische

⁸ Für das folgende vgl. Mayr (1982), 426-476, insb. 430, 445, 455, 470.

In der Wissenschaftstheorie unterscheidet man zwischen drei Schlussarten:

1) Mittels der *Deduktion* erschließt man aus mehreren (allgemeinen und/oder besonderen) Prämissen nur solche Konklusionen, die mit *Notwendigkeit* bzw. in allen möglichen Situationen ('Welten') daraus folgen. Deduktive Schlüsse sind daher sicher, aber nicht gehaltserweiternd; ihre Konklusion enthält keine Information, die nicht schon implizit in den Prämissen steckt. *Beispiel*: Alle Menschen sind sterblich, Sokrates ist ein Mensch, daher ist Sokrates sterblich.

2) Mittels der *Induktion* extrapoliert man bisher konstant beobachtete Regelmäßigkeiten in die Zukunft, bzw. generalisiert sie zu allgemeinen Gesetzen. *Beispiel*: Alle (oder r% aller) bisher beobachteten Raben waren schwarz, also sind alle Raben (bzw. r% aller Raben) schwarz. Induktive Schlüsse sind nicht notwendig, sondern unsicher, aber dafür ist ihre Konklusion gehaltserweiternd. Mit induktiven Generalisierungsschlüssen lässt sich zwar von Einzelbeobachtungen auf empirische Gesetzeshypothesen schließen, nicht aber auf wissenschaftliche Theorien, welche neue (sogenannte) *theoretische* Begriffe enthalten, denn die Konklusion induktiver Schlüsse enthält nur solche Begriffe, welche auch in den Prämissen enthalten sind.

3) Mit der *Abduktion* bzw. dem *Schluss auf die beste Erklärung* ist das letztere möglich. Dabei schließt man von einer beobachteten Wirkung auf eine vermutete Ursache. Im einfachsten *Beispiel* schließt man von einer sich dahinschlängelnden Sandspur auf eine Sandvipere, die hier vorbei kroch, wobei die Gesetze über die Erzeugung von Kriechspuren bekannt sind. In Darwins komplexen Abduktionsschlüssen wird von Ähnlichkeitsreihen zwischen fossilen Skeletten und deren Korrelation mit Sedimentschichtaltern auf deren evolutionären Stammbaum geschlossen. In wissenschaftlichen Modellabduktionen kann das Gesetz auch (teilweise) unbekannt sein, z.B. wenn man von den konstanten Mengenproportionen bei chemischen Reaktionen auf die molekulare Struktur der Materie schließt.

Box 1-1: Deduktion, Induktion und Abduktion

Kontinentaltheorie, welche frühere Kontinentalverbindungen auf Meeresspiegelveränderungen zurückführte (s. Kap. 2.4).

Als dritte Gruppe von Evidenzen führte Darwin schließlich jene gemeinsamen morphologischen Merkmale an, auf welche sich auch die erwähnte idealistische Morphologie gestützt hatte. So besitzen alle Warmblütler einen gemeinsamen Skelettbau-

plan, haben sie nicht nur Haare, Herz, Lunge, Leber und Nieren gemeinsam, und die naheliegende Erklärung hierfür ist erneut die Hypothese ihrer gemeinsamen Abstammung. Noch beeindruckender sind die morphologischen Gemeinsamkeiten im *Embryonalstadium*: beispielsweise entwickeln Säugetierembryos Kiemenansätze, die sie später wieder verlieren (was 1827 Carl Ernst von Baer erstmals gezeigt hatte). Allerdings postuliert Darwin keine strenge Parallele zwischen der *Ontogenese* bzw. Individualentwicklung und der *Phylogenese* bzw. Evolution. Eine solche Parallele lehrte 1821 J. F. Meckel und begründet sie durch die universale Scala Naturae; 1866 griff Ernst Haeckel dieses Parallelgesetz in Form seines 'biogenetischen Gesetzes' wieder auf, und ähnliche Parallelgesetze wurden für andere Bereiche formuliert. Zurecht verhielt sich Darwin gegenüber solchen strikten und letztlich normativen Parallelhypothesen reserviert, da sie keine evolutionstheoretische Grundlage besaßen und empirisch nicht abgesichert waren. Er begnügte sich mit der evolutionären Erklärung der embryonalen Parallelitäten zwischen entfernten Spezies durch deren Abstammung von gemeinsamen Vorfahren, woraus folgte, dass auch deren unterschiedliche Embryonalstadien sich aus den Embryonalstadien ihres gemeinsamen Vorfahren herausdifferenziert haben mussten.

In seinem *Origin* entwickelte Darwin seine Theorie der Stammesgeschichte der Lebewesen durch Artenaufspaltung über die Mechanismen der Variation, Anpassung und reproduktiven Isolierung. Es blieb darin weitgehend offen, *wie* Variationen und Anpassungsleistungen zustande kommen. Diese Prozess könnten auch kreatio-nistisch, teleologisch, oder lamarckistisch erklärt werden. Darwin lehnte diese Erklärungsansätze aufgrund ihrer empirischen Unfundiertheit ab. Jedoch lieferte er seine eigene Erklärungshypothese für Variation und gerichtete Anpassung erst in seinem Buch *Natural Selection* nach, dessen Publikation er am längsten hinausgezögert hatte, weil die empirische Fundierung seiner dort vertretenen Selektionshypothese vergleichsweise am schwierigsten war.

Den Zugang zur Selektionshypothese fand Darwin über den Demographen *T. R. Malthus* (1766-1834), der bezugnehmend auf die damalige Überbevölkerung Eng-

lands zum ersten Mal das Gesetz des (im ungebremsten Fall) *exponentiellen Bevölkerungswachstums* formulierte und, darauf aufbauend, eine politische Ökonomie entwickelte, in deren Zentrum das Konzept des *Überlebenskampfes* stand. Mayr (1982, 492) betont zwar, dass Darwin nur Malthus' Wachstumsgesetz und nicht seine politische Ökonomie übernahm; dennoch taucht im Untertitel von Darwins *Origin* der Begriff "Struggle for Life" auf. Dies bescherte Darwin zahlreiche Missverständnisse und unberechtigte Kritiken, da die meisten Leser den "Überlebenskampf" als einen Kampf im wörtlichen Sinne verstanden, während Darwin damit immer nur eine *Konkurrenz* um Nahrungsbeschaffung und letztlich um Fortpflanzungsmöglichkeiten verstand, welche auch mit friedlichen und kooperativen Mitteln ausagiert werden kann (näheres s. Kap. 8.4).

Darwins Argumentation für das Wirken der natürlichen Selektion bestand aus folgenden Schritten (vgl. Mayr 1982, 479ff):

(1.) Das erste Ausgangsfaktum ist die *hohe Geburtenrate* von deutlich mehr als einem Nachkommen pro Elternteil, die nicht nur bei den meisten Tieren, sondern auch beim Menschen beobachtet worden war. Daraus ergibt sich das *exponentielle Wachstumsgesetz*, welches besagt, dass sich ohne natürliche Bremsung durch erhöhte Sterblichkeit (z.B. aufgrund Nahrungsknappheit) jede Population mit einer über 1 liegenden Geburtenrate sich beschleunigt vermehrt, sodass die Bevölkerungszahl nach nur kurzer Zeit in astronomische Höhen schnellen würde. Dabei ist die Geburtenrate g die Anzahl der Nachkommen pro Kopf: für $g = 2$ würde sich beispielsweise die Bevölkerung jede Generation verdoppeln, und im allgemeinen Fall g -fachen, d.h. es gilt $N(n) = g^n \cdot N(0)$ (s. Erläuterung zu Abb. 1-6). Abb. 1-6 zeigt exponentielle Wachstumskurven für verschieden effektive Geburtenraten $g > 1$, links in gewöhnlicher und rechts in logarithmischer Darstellung. Nur für $g = 1$ befindet sich die Population im Gleichgewicht.

(2.) Das zweite Ausgangsfaktum besteht darin, dass trotz der hohen Geburtenraten die Populationsgröße eine durch natürliche Ressourcenbegrenzung (Nahrung und Lebensraum) vorgegebene *Oberschranke* nicht überschreiten kann.

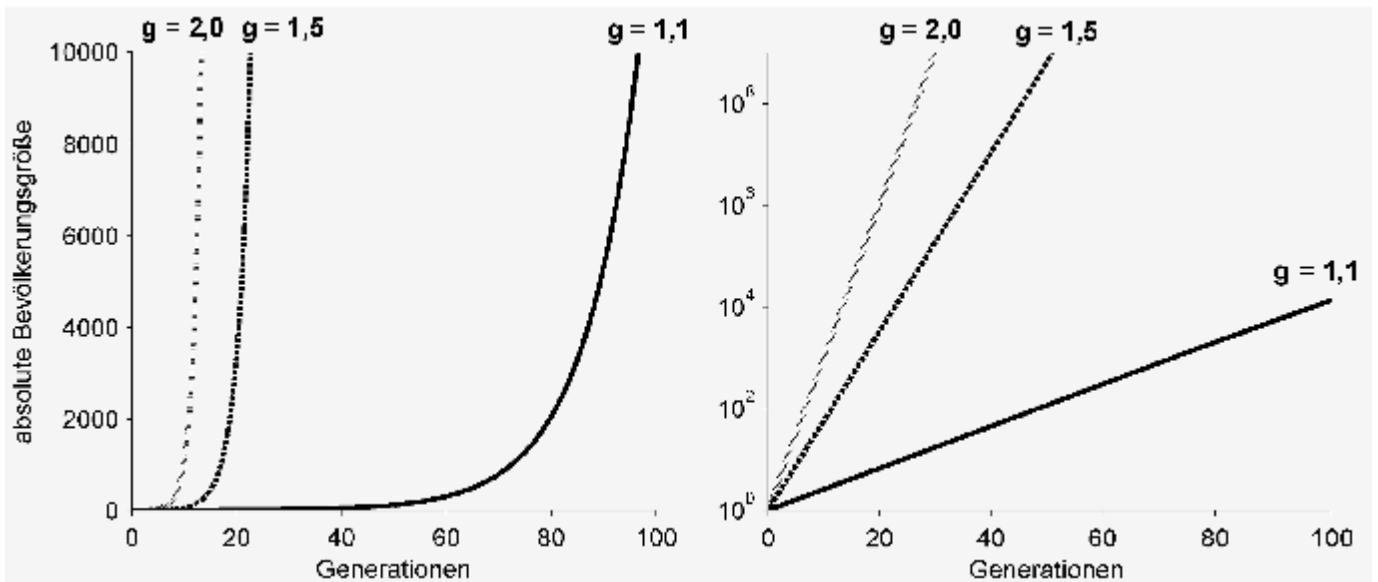


Abb. 1-6: Exponentielle Wachstumskurven. $H(n) = g^n \cdot H(0)$. $H(n)$ = Bevölkerungszahl (absolute Häufigkeit) nach n Generationen in Vielfachen des Startwertes $H(0) = 1$. Links in linearer, rechts in logarithmischer Skala. Für verschiedene 'effektive' Geburtenraten g (Anzahl nachkommenerzeugender Nachkommen pro Kopf). Programmiert mit *MatLab*.

(3.) Folglich gibt es, sobald die Bevölkerung an ihrer natürlichen Obergrenze angelangt ist, einen 'Kampf ums Dasein', in dem es nur mehr wenigen Populationsmitgliedern gelingen kann, fortpflanzungsfähige Nachkommen großzuziehen. Es stellt sich die Frage, wer diesen Kampf gewinnt.

(4.) Nun sind, als drittes empirisches Faktum, keine zwei Individuen einer Spezies einander völlig gleich – es gibt vielmehr überall kleine *Variationen*, welche kleine Unterschiede in den Reproduktionschancen bewirken, und viele dieser Variationen sind *vererbbar*. Daraus ergab sich

(5.) Darwins letztllicher Schluss: es gibt *natürliche Selektion*. D.h., in einer gegebenen Umgebung begünstigen gewisse vererbare Merkmale die effektive Fortpflanzungsfähigkeit – also die Fähigkeit zu überleben *und* seinerseits fortpflanzungsfähige Nachkommen zu zeugen *und* großzuziehen. Individuen, welche Träger dieser vorteilhaften Merkmale sind, besitzen (wie man sagt) eine höhere *Fitness*, d.h. sie erzeugen mehr Nachkommen als ihre Konkurrenten. Natürliche Selektion erhöht somit in jeder

Generation den Populationsanteil der fitteren Individuen und eliminiert damit nach und nach die weniger fitten Individuen.

Die obige Beschreibung der natürlichen Selektion erklärt die sukzessive Veränderung der Merkmalsverteilung innerhalb einer Population zugunsten immer fitterer Varianten; aber sie erklärt noch nicht direkt das Entstehen evolutionärer Verzweigungen. Diese ergeben sich jedoch ganz zwanglos aus den im *Origin* gemachten Beobachtungen Darwins: sobald eine Teilpopulation in eine andere Umgebung mit anderen Selektionsparametern auswandert, geht dort die natürliche Selektion in eine andere Richtung – man erinnere sich Darwins Spottdrosseln auf den unterschiedlichen Galapagos-Inseln – und nach hinreichend vielen Generationen haben sich die zwei Teilpopulationen so weit auseinander entwickelt, dass sie sich nicht mehr untereinander fortpflanzen können.

Als weiteres Argument fügte Darwin den Vergleich mit der *künstlichen Selektion* hinzu, also der Züchtung von Pflanzen und Tieren durch den Menschen, deren Wirksamkeit seit Jahrtausenden bekannt sei. Später betont Darwin sogar, dass er auf die Wirksamkeit der natürlichen Selektion erst durch die Analogiebeziehung zur künstlichen Selektion gekommen sei (Mayr 1982, 486). Allerdings *beschleunigt* die künstliche Selektion das Tempo der natürlichen Selektion um ein Vielfaches, da der Mensch viel rigider selektiert: angenommen eine Variante A besitzt gegenüber Variante B geringe Selektionsvorteile, die in natürlicher Selektion 100 Generationen brauchen würden, um zur Elimination von B zu führen, so züchtet der Züchter schon nach der ersten Tochtergeneration nur Variante A weiter, mit dem Effekt einer hundertfachen Beschleunigung.

Der Begriff des "struggle for existence" war vor Darwin im 17. Jahrhundert in Gebrauch: für Linné und Herder bestand dieser 'struggle' allerdings lediglich darin, Missgeburten bzw. 'Ausrutscher' der Natur zu korrigieren. Die Idee von Selektion im Sinne einer *bewahrenden* Selektion (vgl. Kap. 6.1) hat eine lange Geschichte: Empedokles, Lukrez, Diderot, Rousseau, Maupertius und Hume verstanden unter natürlicher Auslese immer nur die Elimination schlechter Artvertreter im Dienste der Arter-

haltung (Mayr 1982, 483, 489). Aber niemand hätte vor Darwin daran gedacht, dass auf diese Weise auch *neue* Arten entstünden und die natürliche Evolution insgesamt erklärt werden könnte. Mayr (ibid. 487) zufolge lag der entscheidende denkerische Fortschritt Darwins im Übergang vom *Essentialismus* zum *Populationsdenken* ('population thinking'). Während der Essentialismus vom Glauben ausgeht, der Natur gehe es um die Bewahrung der natürlichen Arten, setzt Populationsdenken bei der Population als einer Gruppe von individuell unterschiedlichen Artgenossen an, welche sich die ökologische Umgebung teilen. Der unmittelbare Angriffspunkt der natürlichen Selektion ist nicht die Art oder Rasse, sondern vielmehr das *Individuum* bzw. genauer gesagt seine vererbaren Merkmale (und nach Dawkins 1998 seine 'Gene'; s. Kap. 6.2.1). Es gibt in der Evolution keinen intrinsischen Drang zur Arterhaltung, und schon gar nicht zur Rassenerhaltung. Eine Abweichung eines Individuums oder einer Teilpopulation vom innerartlichen Durchschnitt wird vielmehr genau dann positiv selektiert, wenn sie dem Individuum bzw. der Teilpopulation Reproduktionsvorteile einbringt; eben deshalb gab es ja in der Evolution so viele Artaufspaltungen. Zum Populationsdenken gehört ferner auch Darwins Einsicht, dass die evolutionäre Selektionsgesetze keine *strikten* (ausnahmslosen) sondern lediglich *statistische* Gesetze seien (vgl. Mayr 1982, 433; näheres in Kap. 7.4).

Last but not least hatte Darwins Evolutionstheorie auch einschneidende Konsequenzen für die Methoden der biologischen *Klassifikation*. Da natürliche Verwandtschaften oder Homologien nun auf gemeinsame Abstammung zurückzuführen waren, sollte die natürliche Klassifikation der Lebewesen in Spezies und höhere taxonomische Kategorien ihrer gemeinsamen Abstammungsgeschichte folgen. In der Tat orientierten sich die Klassifikationssysteme nach Darwin an der Abstammungsgeschichte als klassifikatorische Leitlinie, doch diese Leitlinie war nicht leicht durchzuhalten, da Klassifikationen auch diagnostisch effizient sein sollen und gemeinsame Abstammung sich zwar oft, aber *nicht immer* in diagnostisch relevanten Gemeinsamkeiten niederschlägt. Auf diese Schwierigkeiten biologischer Klassifikationssysteme, welche bis in die Gegenwart anhalten, kommen wir in Kap. 2.5 zurück. Bereits Darwin

sah diese Schwierigkeiten. Wie er im *Origin* ausführte, würde das Kriterium der sexuellen Reproduktion nicht immer eine adäquate Speziesdefinition abgeben; Spezies evolvieren und seien deshalb nicht streng definierbar, weshalb keine Speziesdefinition alle Biologen befriedigen könne (vgl. Mayr 1982, 267f).

2. The Modern Synthesis: von Darwin bis zur biologischen Evolutionstheorie der Gegenwart

Darwins Theorie der Abstammung mit Variation war schnell akzeptiert, doch seine Theorie der natürlichen Selektion wurde zunächst massiv bezweifelt. Beispielsweise wurde eingewandt, das Postulat natürlicher Selektion sei reine Spekulation, oder eine bloße Metapher (vgl. Mayr 1982, 520-525). Insbesondere erschien es unvorstellbar, wie viele minimale (und geeignet selektierte) Variationen gänzlich neue Arten erzeugen könnten. Das hauptsächliche Gegenargument besagte (z.B. bei Bateson 1886; s. Weber 1998, 26), dass *rudimentäre Vorformen* neuer Organe, wie z.B. sehr kleine Flügelchen eines mutierten Dinosauriers, für die Fitness völlig *wertlos* seien und daher niemals hätten herausselektiert werden können. Eine gezielte 'Makromutation' sei hier erforderlich, und dasselbe gelte etwa für andere Makrotransformationen wie z.B. die Entstehung von vierfüßigen Landtieren aus Fischen (usw.). Hier lag ein Erklärungsnotstand der Darwinschen Theorie vor, auf den sich zahlreiche Alternativtheorien zum Darwinismus beriefen. Mayr (1982, 525ff) nennt drei hauptsächliche Gruppen von Alternativtheorien, die zu Darwins Zeiten und danach diskutiert wurden:

(1.) *Saltationistische* Theorien, denen zufolge die Evolution immer wieder Sprünge macht. Weitverbreitet waren die Lehren von Bateson (z.B. 1894) und Vries (z.B., 1901), welche zwei Arten von Variationen unterschieden: *Mikrovariationen* verschieben die Spezies-Grenzen und sorgen für die Elimination von dysfunktionalen oder letalen Mutationen; *Makrovariationen* erzeugen dagegen neue Spezies. Sogar der getreue Darwin-Schüler Thomas H. Huxley wandte gegen Darwins Selektionstheorie ein, keinem Tierzüchter wäre jemals die Züchtung einer neuen Spezies gelun-

gen (vgl. Mayr 1982, 522, 542-550; Weber 1998, Kap. 2.2-3, 136).

(2.) *Neo-Lamarckistische* Theorien verdankten ihre Verbreitung ebenfalls dem Zweifel daran, dass die natürliche Selektion der *zufälligen* Mutation des Erbguts ausreiche, um die Geordnetheit und Zielgerichtetheit der Natur zu erklären. Sie nahmen verschiedene individualgeschichtlich wirksame Adaptions- oder Lernmechanismen an, deren Resultate erst sekundär in das Erbmaterial eingehen, von der Vererbung erlernter Eigenschaften bis zur Vererbung von Effekten einer sogenannten 'Umweltinduktion.' Darunter wurde ein direkt formender Einfluss der Umgebung auf Organe verstanden, demzufolge die Strömung des Wassers die Fischflossen, oder der Steppenboden die Pferdehufe geformt hätte.

(3.) *Orthogenetische* Theorien – eine Spielart normativer Entwicklungstheorien – nahmen teleologische (bzw. finalistische) Kräfte an oder behaupteten eine intrinsische Perfektionsskala, welcher die Entwicklung folgt. Zu Darwins Zeit waren es unter den Biologen insbesondere Nägeli (1865) und Eimer (1888), welche teleologische Prinzipien verteidigten. Eimer nannte sein Perfektionsprinzip 'Orthogenesis'; später sprach Berg von Nomogenesis, Osborn von Arostogenesis und Teilhard de Chardin vom 'Omega-Prinzip' (s. Dennett 1997, 445).

Wie in Kap. 6.2.6 ausgeführt wird, ist bei solchen 'Alternativen zu Darwin' sorgfältig zu unterscheiden, welche davon in einer verallgemeinert-darwinistischen Evolutionstheorie Platz haben, und welche der verallgemeinerten Evolutionstheorie oder sogar naturalistischen Grundprinzipien (z.B. solchen der Kausalität) widersprechen. Letzteres trifft nur auf Gruppe 3 der teleologischen Theorien zu, während es sich bei den Theoriengruppen 1 und 2 um empirisch überprüfbare Theorien handelt, die in der verallgemeinerten Evolutionstheorie Platz hätten, jedoch empirisch nicht bestätigt werden konnten. Die Vertreter aller drei Gruppen von Alternativtheorien beriefen sich auf die genannten Erklärungslücken der Evolutionstheorie zu Darwins Zeit. In diesem Kapitel wird dargestellt, wie die post-darwinistische Entwicklung der Evolutionsbiologie bis hin zur Gegenwart diese Erklärungslücken nach und nach auffüllte. In dieser postdarwinistischen Entwicklung kam es zur sogenannten 'Modern Synthe-

sis', d.h. zu einer Synthese von zuvor unabhängigen Teilbereichen der Evolutionsbiologie.

2.1 Mendel und die Mechanismen der biologischen Vererbung

Zu Darwins Lebzeiten war die biologische Evolutionstheorie noch keineswegs vollständig entwickelt. Die größte Lücke, die klaffte, war das weitgehende Unwissen über den *Mechanismus* der biologischen Vererbung. Man wusste, dass sich zahlreiche Merkmale von Eltern auf Kinder vererbten, doch auf welcher biologischen Grundlage sollte dies funktionieren? Mitte des 19. Jahrhunderts entstand die *Zelltheorie*: es war ein sensationeller Befund, dass sich alle Teile von Organismen aus Zellen zusammensetzten (Schleiden, Schwann und Graham), und dass Zellen nur aus Zellen entstehen konnten (Pasteur und Virchow). 1870 wurde die *Mitose*, d.h. die gewöhnliche (somatische) *Zellteilung* entdeckt, und nur sieben Jahre später die *Meiose*, d.h. die Ausbildung der Geschlechtszellen, ohne noch verstanden worden zu sein. Damit waren zwar wesentliche Grundlagen gelegt, aber ein Wissen über den biologischen Vererbungsmechanismus fehlte.

Darwin (1874) vertrat die Hypothese des Pangenismus, derzufolge spezifische Organzellen spezifische Erbkörperchen, sogenannte Germule, produzierten, die bewirkten, dass daraus während der Mitose Organzellen desselben Typs entstanden, und die sich überdies im Körper verteilten, in den Geschlechtszellen sammelten und von dort an die Nachkommen weitergegeben wurden. Die später akzeptierte Theorie, dass eine gemeinsame Erbsubstanz als Ganzes von Nachkomme zu Nachkomme weitergereicht wird, war gemäß Stanford (2006, 60f) eine außerhalb von Darwins Vorstellungskraft liegende Alternativerklärung. Die eigentliche Schwierigkeit lag darin, zu erklären, wie die gleiche Erbsubstanz unterschiedliche Organzellen hervorbringen kann, die ihrerseits nur Organzellen gleichen Typs hervorbringen (Magenzellen produzieren Magenzellen, Leberzellen Leberzellen, usw.). Die heutige Erklärung hierfür ist die Epigenetik (s. Kap. 2.3) und lag zweifellos außerhalb der damaligen Vorstellungs-

kraft.

1893 prägte der führende Genetiker August Weismann den Begriff des *Keimplasmas* als die für die Vererbung zuständige Zellsubstanz. Er vermutete, jedes vererbba-re Merkmal eines Organismus werde durch ein gewisses genetisches Partikel, ein so-geanntes 'Biophor', kodiert. De Vries sprach stattdessen von 'Pangenen' als Weiter-entwicklung der Darwinschen Theorie.⁹ De Vries und Weismann nahmen Darwins Transporthypothese, derzufolge die Biophoren von Körperzellen in Geschlechtszellen wandern, zurück, behielten die anderen Komponenten jedoch im wesentlichen bei. Während beide glaubten, dass Biophoren bzw. Pangene nicht nur im Zellkern, son-derm auch im Zellplasma in Vielzahl vorhanden seien, führte Waldeyer 1888 zwar die Bezeichnung *Chromosom* für die neu entdeckten länglichen Strukturen im Zellkern ein, ohne aber deren Funktion für die Vererbung erkannt zu haben.

Darwin hatte die Möglichkeit einer (lamarckistischen) Vererbung erworbener Merkmale als biologisch unbedeutend angesehen, weil sich dafür kaum empirische Belege finden ließen, sie aber nicht ausgeschlossen (Mayr 1982, 689). Darüber hin-aus glaubte Darwin, wie die Mehrheit der Biologen seiner Zeit, an eine geschlechtli-che *Mischvererbung* ('blending inheritance'), derzufolge sich die genetischen Anlagen von Vater und Mutter zu einer Art Mischanlage vereinen würden. Weismann war da-gegen ein Gegner des Lamarckismus und sprach sich auch gegen blending inheritan-ce aus, weil diese nicht die vorfindbare Genotypen-Vielfalt erklären könne – bei fort-gesetzter Mischvererbung dürften in einer Population zuletzt nur 'mittlere Anlagen' übrig bleiben (vgl. Ridley 1993, 35). Er kam damit zwar nahe an den Mendelismus heran, machte aber eine Reihe aus heutiger Sicht mehrere falsche Annahmen, die ihn daran hinderten, zu Mendels Einsichten zu gelangen – wie z.B. dass nicht jede Zelle alle Biophoren enthalte, dafür aber dieselben Biophoren in multiplen Kopien, und dass Vater und Mutter ihre Biophoren in unterschiedlichen Zahlenverhältnissen an die Kinder weitervererben. Bekanntlich wurde das Vererbungsproblem erstmals

⁹ Vgl. Weber (1998), 41; Stanford (2006), 108; Mayr (1982), 674, 703, 708.

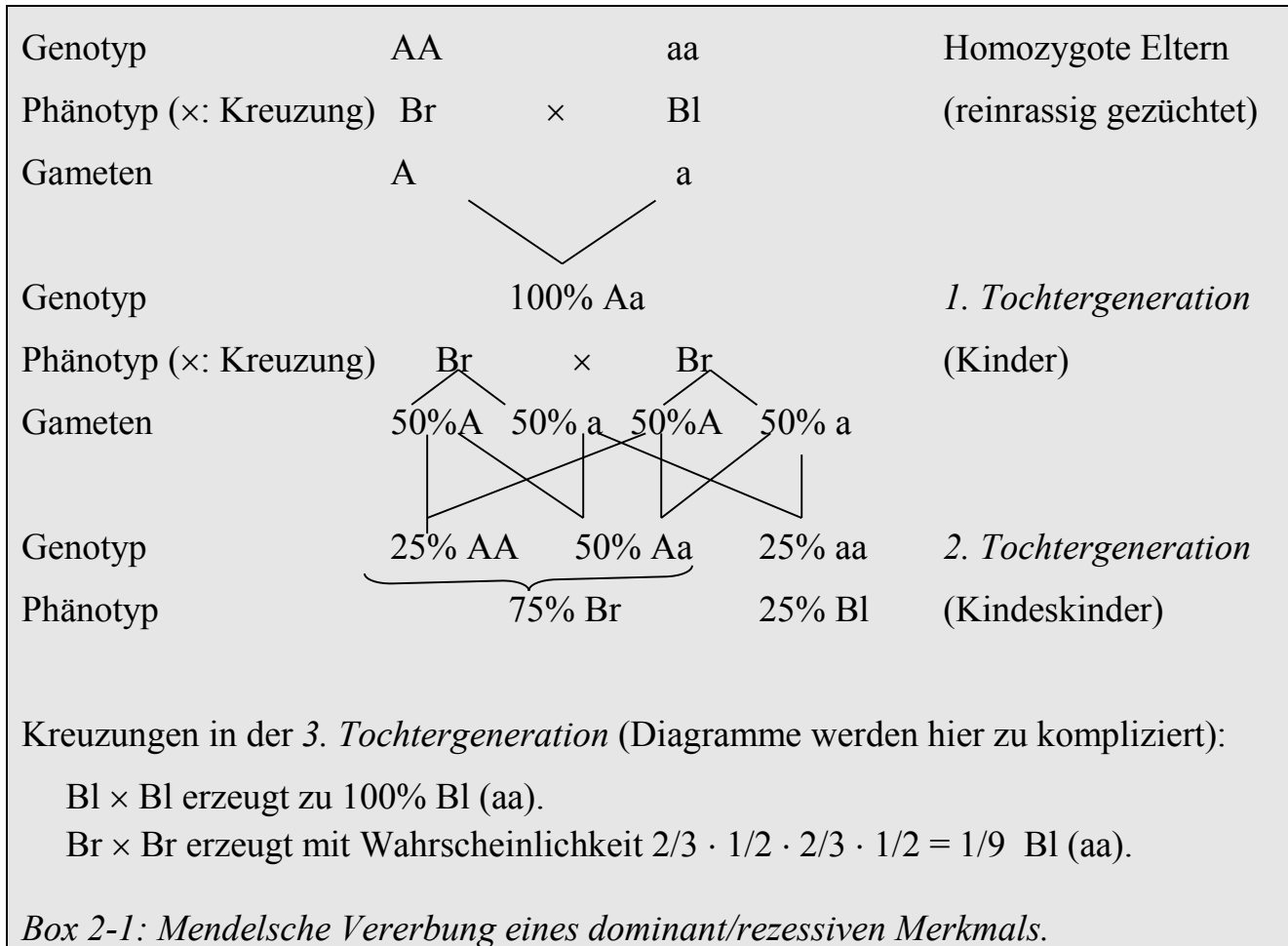
durch Gregor Mendel (1822-1884) gelöst. Bevor wir darauf eingehen, sei der leichteren Verständlichkeit halber zunächst die aus Mendels Einsichten hervorgehende moderne Sicht der geschlechtlichen Vererbungsmechanismen knapp erläutert.

Für vererbare phänotypische Merkmale, z.B. braune versus blaue Augenfarbe, gibt es gewisse ursächlich verantwortliche *Gene* oder genauer gesagt Genvarianten – sogenannte *Allele*: sagen wir Allel A für Augenfarbe 'Braun' (Br) und Allel a für 'Blau' (Bl). Derselbe Buchstabe 'A' versus 'a' deutet an, dass es sich um Allele desselben Gens bzw. desselben genetischen Locus (Ortes) am Chromosom handelt, der das Attribut 'Augenfarbe' determiniert. Im Kern jeder Zelle befinden sich die schon erwähnten Chromosomen, die aus Strängen von sehr vielen Genen bestehen und in ihrer Gesamtheit das sogenannte *Genom* (des jeweiligen Organismus) bilden. Der Kern jeder somatischen Zelle bzw. Körperzelle enthält jedes Chromosom und damit jedes Gen zweimal, eines stammt vom väterlichen und das andere vom mütterlichen Elternteil; man sagt auch, der Chromosomensatz ist *diploid*. Die diploide Genkonstellation eines (sich geschlechtlich vermehrenden) Organismus nennt man auch den *Genotypen*. Häufig, aber nicht immer, ist eines der beiden Allele eines Organismus *dominant* und das andere *rezessiv*; in diesem Fall wird der entsprechende Phänotyp vom dominanten Allel allein bestimmt. In unserem Beispiel ist das Braun-Allel A gegenüber dem Blau-Allel dominant. Damit ergeben sich folgende drei Kombinationsmöglichkeiten aus Mutter- und Vaterallelen:

Genotyp:	AA	Aa (= aA)	aa
Phänotyp (Augenfarbe):	Br	Br	Bl

Man nennt gleiche Allelpaare ('AA', 'aa') auch *homozygotisch* und ungleiche ('Aa') auch *heterozygotisch*. Während der Bildung von Geschlechtszellen oder *Gameten*, also Eizellen im Weibchen resp. Samenzellen im Männchen, wird der diploide Chromosomensatz nun *halbiert*: auf mehr-oder-weniger *zufällige* Weise geht entweder das mütterliche oder das väterliche Chromosom in den Kern der Geschlechtszelle.

Man sagt auch, Geschlechtszellen besitzen nur den *haploiden* Chromosomensatz, und nennt diesen Vorgang geschlechtliche Zellteilung oder *Meiose* (im Gegensatz zur ungeschlechtlichen Zellteilung oder *Mitose*). Ausgehend von homozygoten Eltern un-



terschiedlicher phänotypischer Sorte gehorcht die Vererbung eines Merkmals wie die Augenfarbe über drei Generationen hinweg der in Box 2-1 dargestellten Vererbungsstatistik, welche von Mendel erstmals – wenngleich nicht in diesen einfachen Worten – entdeckt wurde.

Mithilfe dieses Grundwissens lassen sich Mendels Experimente nun leicht erklären. Mendel führte seine Kreuzungsexperimente mit Erbsenpflanzen durch, die er sorgfältig ausgewählt hatte: er benutzte nur Sorten, die sich untereinander kreuzen (hybridisieren) ließen, wobei bei allen von ihm ausgewählten Attributen jeweils ein Merkmal *dominant* war, z.B. rotblütig (dominant) vs. weißblütig (rezessiv). Schließ-

lich sorgte er durch Selbstbefruchtung dafür, dass die Elterngeneration homozygot bzw. 'reinrassig' war, indem er nur solche Pflanzen auswählte, die bei Selbstbefruchtung immer nur dasselbe Merkmal produzierten (s. Mayr 1982, 712, 714). Mendel beobachtete nun die in Box 2-1 angeführten statistischen Verteilungen der *Phänotypen* (man bedenke, dass nur diese beobachtbar sind), wobei ihm folgende Fakten auffielen. (Fakt 1:) Die 1. Tochtergeneration hatte uniform nur das dominante Merkmal, während das rezessive Merkmal verschwand. (Fakt 2:) In der 2. Generation tauchte jedoch das rezessive Merkmal mit einer Häufigkeit von 1/4 wieder auf. (Fakt 3:) Wenn man rezessive Merkmalsträger der 2. Generation untereinander kreuzte (Bl × Bl), dann blieb das rezessive Merkmal uniform erhalten. (Fakt 4:) Selbstbefruchtung dominanter Merkmalsträger der 2. Generation zeigte, dass diese zu 1/3 aus reinrassigen und 2/3 aus gemischtrassigen Pflanzen bestand. (Fakt 5:) Kreuzte man dominante Merkmalsträger der 2. Generation, dann tauchte das rezessive Merkmal in der 3. Generation mit einer Häufigkeit von 1/9 auf. Es war Mendels geniale Leistung, eine Erklärung für die prima facie *rätselhaften* statistischen Fakten 1-5 gefunden zu haben, welche aus folgenden zwei Hypothesen bestand:

(1.) Die genetischen Anlagen für ein gegebenes Merkmal kommen jeweils *doppelt*, vater- und mutterseits vor, und nur *eine* dieser Anlagen gelangt durch zufällige Auswahl in die eigenen Geschlechtszellen – um eine Multiplikation von Erbanlagen zu vermeiden, muss in der Meiose eine haploide Reduktion erfolgen.

(2.) Es findet keine 'Vermischung' des väter- und mütterlichen Erbteiles statt, sondern beide bleiben im Organismus erhalten, wobei – jedenfalls in Mendels Experimenten – immer ein Erbanteil den anderen dominierte und den Phänotyp bestimmte.

Es handelte sich um einen raffinierten Abduktionsschluss (im Sinne von Box 1-1), welchen Mendel hier anstellte: die beiden Annahmen erklären sämtliche in Box 2-1 erläuterten statistischen Kreuzungsergebnisse auf elegante Weise. Sowohl die Zahlenverhältnisse als auch das bemerkenswerte Verschwinden des rezessiven Merkmals in der 1. und sein Wiederauftauchen in der 2. Generation sind so eigenwillig, dass eine andere als Mendels Erklärungsmöglichkeit kaum vorstellbar erscheint. Durch diesen

Erklärungserfolg waren also die Mendelschen Hypothesen als hervorragend bestätigt anzusehen, obwohl sie zu Mendels Zeit noch reine Hypothesen waren und insbesondere die Haploidisierung des Chromosomensatzes in der Meiose erst wesentlich später von Morgan experimentell nachgewiesen wurde (s. Mayr 1982, 761).

Die Mendel-Episode ist auch wissenschaftsgeschichtlich höchst interessant. Mendel war Student des Botanikers Unger; er war zwar Mönch, aber in seiner Denkweise nicht esoterisch, sondern wissenschaftlich und weltzugewandt. 1865 trug Mendel die Resultate seiner Experimente vor der *Natural History Society* vor und publizierte sie 1866 in mehreren internationalen Zeitschriften. Dennoch blieben seine Resultate die folgenden 35 Jahre ignoriert. Während die führenden englischsprachigen Genetiker dieser Zeit vergebens nach einer Lösung des Vererbungsproblems suchten, schlummerte diese Lösung in den Bibliotheken vor sich hin, offenbar weil sich diese führenden Genetiker nicht dazu herabließen, den Aufsatz eines wenig bekannten Botanikers aus Deutschland ernsthaft zu studieren (vgl. Mayr 1982, 710ff, 725). 1864 musste Mendel seine Forschungen beenden, weil sein Erbsensamen durch einen Virus infiziert wurde. 1871 wurde er dann zum Abt seines Klosters gewählt und konnte seine Forschungen nicht weiterführen. Erst im Jahr 1900 erfolgte der Durchbruch: *de Vries* hatte in eigenen Experimenten dieselben statistischen Verhältnisse wie Mendel gefunden; während seiner Forschungen stieß er auf Mendel und musste enttäuscht berichten, dass seine Arbeiten durch denselben vorweggenommen worden waren. Dasselbe passierte Carl Correns, der berichtet, dass ihm die Mendelschen Verhältnisse 1899 wie eine 'Erleuchtung' eingefallen seien, und ebenso erging es Erich Tschermak im Jahr 1900. Erst ab dieser Zeit begann der sogenannte *Mendelismus* der Vererbung, und etwas später führte Bateson die Begriffe des 'Gens', 'Allels', der Heterozygote' und 'Homozygote' ein (ibid. 728, 733). Diese bemerkenswerte wissenschaftsgeschichtliche Episode hinterlässt ein etwas zweifelhaftes Bild vom wissenschaftlichen Informationsfluss und legt uns die Frage vor, wie viele bislang unentdeckte *Mendels* es denn im Schatten der Rampenlichtsphäre heutiger Eliteuniversitäten wohl noch gibt oder gegeben hat.

Es dauerte eine Weile, bis die Mendelsche Vererbungstheorie kohärent ausgereift war, denn zwei spezielle Annahmen Mendels sind nicht immer erfüllt. Erstens die *Dominanzannahme*: nicht immer ist eines beider Allele dominant; in anderen Fällen (z.B. bei Größenmerkmalen) sind die Merkmale 'semi-dominant' bzw. 'semi-rezessiv'; d.h. der resultierende Phänotyp liegt etwa in der Mitte der beiden elterlichen Phänotypen. Solche Merkmale schloss Mendel experimentell aus. Zweitens die *Unabhängigkeit*: Mendel führte seine Experimente mit *mehreren* Merkmalen durch und wählte dabei nur solche Merkmale, die sich *unabhängig* vererbten. Er wusste, dass dies nicht

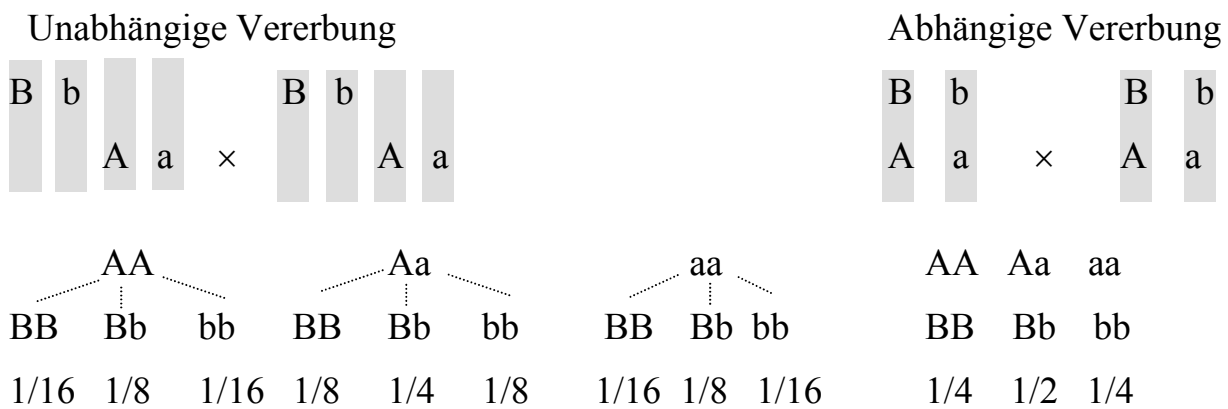


Abb. 2-1: Unabhängige versus abhängige Vererbung.

immer der Fall war; manche Merkmale schienen in der Vererbung aneinander *gekoppelt* zu sein ('genetic linkage'). Aus moderner molekulargenetischer Sicht erklärt sich gekoppelte Vererbung einfach dadurch, dass die verantwortlichen Gene am *selben* Chromosom sitzen, während sich Merkmale nur dann unabhängig vererben, wenn ihre Gene an verschiedenen Chromosomen sitzen – so wie in Abb. 2-1 dargestellt:

Die chromosomale Interpretation der Mendelschen Regeln für unabhängige Vererbung wie abhängige Vererbung durch Zufallsauswahl der elterlichen Chromosomen in der Meiose wurde 1902 erstmals von *Sutton* vorgeschlagen (s. Weber 1998, 52). Die Sache sollte sich aber als noch verwickelter erweisen. In den ersten Jahren des 20. Jahrhunderts studierten de Vries, Boveri, Bateson und andere Farb- und Formmerkmale von Blumen, fanden dort aber weder unabhängige noch völlig abhängige Vererbung (Mayr 1982, 764). Schon de Vries und Boveri postulierten zur Erklärung

dieses Befundes einen Genaustausch zwischen mütter- und väterlichem Chromosom. Dieselbe Erklärung, nur genauer und besser abgesichert, wurde etwas später von Thomas Morgan geliefert, dessen Arbeitsgruppe (die 'Morgan-Schule') die Vererbungsgesetze anhand der Fruchtfliege *Drosophila* studierten, welche mit ihren nur vier Chromosomenpaaren ein ideales Studienobjekt war. Morgan konnte sämtliche an Pflanzen festgestellten Gesetze der unabhängigen und abhängigen Vererbung bestätigen. Anhand der gekoppelten Vererbung zweier *Drosophila*-Merkmale, normalgrauer vs. schwarzer Körperfarbe und normalen vs. Stummelflügeln, stellte Morgan jedoch fest, dass die Kopplungen unvollständig waren und in etwa 9% der Fälle dennoch ungekoppelte Merkmalsvererbungen auftrat. Morgan erklärte dies durch die von Janssen beobachteten 'Chiasmata', das sind gelegentlich auftretende Überkreuzungen der gepaarten Chromosomen während der Meiose: in solchen Überkreuzungen komme es, so Morgan, zum sogenannten *Crossing Over*, d.h. dem Austausch ganzer Chromosomenabschnitte zwischen mütterlichem und väterlichem Chromosom, wie in Abb. 2-2 anschaulich dargestellt.¹⁰

Morgan hatte zwei geniale Einfälle. Erstens sollte die Anzahl der erhaltenen Kopplungsgruppen (= Gruppen gekoppelter Gene) genau der Chromosomenanzahl entsprechen, was 1914 Muller für *Drosophila* bestätigen konnte. Zweitens sollte die Häufigkeit von Überkreuzungen zwischen zwei am selben Chromosom sitzenden Genen mit ihrem Abstand am Chromosom korrelieren, wodurch die Möglichkeit eine *Genkartierung* für die *Drosophila*-Chromosomen entstand. Diese konnte in den 1930er Jahren in eindrucksvoller Weise direkt bestätigt werden, anhand der Riesenchromosomen in den Speicheldrüsen der *Drosophila*-Larven, an denen im Mikroskop durch Einfärbungen Chromosomenabschnitte unterscheidbar waren, welche den Abschnitten auf der Genkartierung (zwischen jeweils zwei benachbarten Überkreuzungspunkten) gut entsprachen (s. Weber 1998, 57, 60).

¹⁰

Vgl. Mayr (1982), 744-761, Weber (1998), 56; Ridley (1993), 31; Linder-Biologie (1992), 14f.

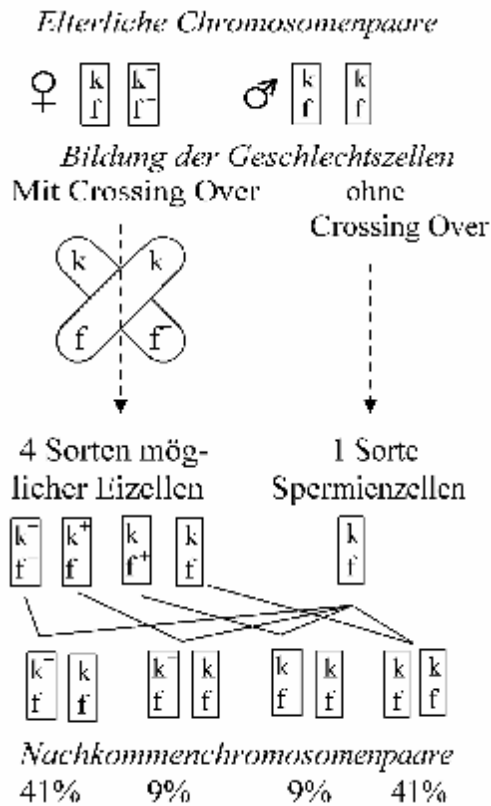


Abb. 2-2: Gekoppelte Vererbung mit 9% Crossing-Over. Von normal-grauer Körperfarbe (k) vs. rezessiv schwarzer Körperfarbe (k^+) und normalen Flügeln (f) versus rezessiven Stummelflügeln (f^+) (verändert nach Linder-Biologie 1992, 15).

2.2 Theoretische und empirische Populationsgenetik

Trotz der Fortschritte in der Vererbungslehre bereitete es nach wie vor Schwierigkeiten zu verstehen, wie eine Vielzahl kleiner und blinder Mutationen des Erbmateriale zu nachhaltig gerichteter Evolution führen können. Selbst Weismann nahm um die Wende zum 20. Jahrhundert eine Art 'gerichteter Variation' an, weil es ihm als zu unplausibel erschien, dass zufällige Mutation und Selektion im Mikromaßstab zu Makromutationen wie dem Übergang von Wasser- zu Landlebewesen führen könne, oder zu ganzheitlichen Anpassungsleistungen wie der Nachahmung ('Mimikry') bei Schmetterlingen, welche das komplette Farbmuster eines anderen giftigen Schmetterlings imitieren (s. Lunau 2002). Weismann hat in diesem Zusammenhang einen für die moderne Evolutionstheorie bedeutenden und nicht-lamarckistischen Erklärungsansatz, indem er nämlich annahm, dass nicht nur die Variationen selbst, sondern auch die *Variationsrate* von Merkmalstypen bzw. entsprechenden Chromosomabschnitten selektiert wird. So hat die Evolution für die Formen der Wirbeltiergliedmaßen und

noch mehr für die Farbmuster von Schmetterlingen eine hohe Variabilität begünstigt, damit sich diese Organismen schnell wechselnden Umwelterfordernissen anpassen können. Ich nenne diesen Effekt den *Weismann-Effekt*, und er ist ein Unterfall dessen, was die 'Evolution der Evolutionsfähigkeit' genannt wird (s. Kap. 6.2.5). Für Weismanns Zeitgenossen erschien allerdings auch dieser 'Weismann-Effekt' noch nicht ausreichend, um das Wunder komplexer Adaptionsprozesse zu erklären; selbst Rensch und Mayr vertraten bis in die 1920er Jahre neo-lamarckistische Positionen (Mayr 1982, 554).

Einen entscheidenden Durchbruch für die Glaubwürdigkeit der Evolutionstheorie bewirkten die Fortschritte in der theoretisch-mathematischen sowie in der empirisch-experimentellen Populationsgenetik. Durch die Vereinigung von Darwins Evolutionslehre, Mendels Vererbungslehre und der theoretischen und experimentellen Populationsgenetik entstand in den 1930er und 1940er Jahren dasjenige, was seit dem Buch von J. Huxley (1942) die *moderne Synthese* ('modern synthesis') in der Evolutionstheorie genannt wird. Für viele gegenwärtige Evolutionsbiologen (z.B. Ridley, Allen und Sober)¹¹ sind die 'Helden' dieser modernen Synthese die Begründer der mathematischen Populationsgenetik – in erster Linie R. A. Fisher (1930), J. B. S. Haldane (1892-1964) und S. Wright (1931, 1968ff). Ich schließe mich diesem Standpunkt an, ohne die empirische Seite deshalb zu missachten. Mayr (1942) kritisierte hingegen die mathematische Populationsgenetik als 'realitätsfern' und schrieb den Hauptanteil an der 'neuen Synthese' den empirischen Populationsgenetikern zu, namentlich Dobzhanski (1937), Simpson, Rensch und sich selbst (vgl. Mayr 1982, 568; Weber 1998, 13f). Mayr (1959) schrieb sogar eine Polemik gegen die 'Bohnsackgenetik', wie er die mathematische Populationsgenetik herabwürdigend bezeichnete. Gegen diese verfasste jedoch Haldane (1964) eine treffende Gegenschrift, in der er die Bedeutung mathematischer Evolutionsmodelle mit mathematischen Modellen der Physik verglich. Heutzutage zweifelt kaum ein Evolutionsbiologe mehr an der Nützlichkeit po-

¹¹ S. Ridley (1993), 16, 83; Allen (1998), 126ff; Sober (1993), 92. Vgl. Weber (1998), 11f.

pulationsgenetischer Modelle, und man darf sagen, dass der Streit Mayr vs. Haldane zugunsten Haldanes ausging ist (so auch Crow 2001). Bedeutend war vorallem die enge *Verbindung* von theoretischer und empirischer Populationsgenetik, im Sinn empirischer Überprüfungsversuche, die besonders auf Dobzhansky (1937) zurückgeht. Weber (1998, 102ff) sieht daher in ihm den Hauptbegründer der neuen Synthese.

Ich selbst sehe in Mayrs Polemik nur eine Instanz des in allen naturwissenschaftlichen Disziplinen anzutreffenden und eher irrationalen Konfliktes zwischen 'Empirikern' und 'Theoretikern'. Mayrs Polemik sollte auch deshalb nicht so heiß gegessen werden, weil der spätere Mayr selbst die bahnbrechende Bedeutung der Populationsgenetik hervorhebt, welche Rensch und ihn sowie viele andere veranlassten, ihren Neo-Lamarckismus aufzugeben (Mayr 1982, 554, 793). Worin bestanden aber diese bahnbrechenden Einsichten?

2.2.1 Mathematisch-theoretische Populationsgenetik. Zum einen ermöglichte die mathematisch-theoretische Populationsgenetik die Weiterentwicklung der teils nur vage-metaphorisch beschriebenen Evolutionstheorie zu einer wissenschaftlichen Theorie mit überprüfbaren empirischen Voraussagen. Zum anderen bildete sie die Basis für die *verallgemeinerte* (nicht auf Gene beschränkte) Evolutionstheorie, der wir uns in Kap. 6.3 zuwenden. Hier geben wir nur eine knappe informelle Darstellung der Populationsgenetik, während ihre eingehende Behandlung in Kap. 13 erfolgt. Schon 1915 zeigte Norton zur Überraschung aller, dass bereits ein kleiner selektiver Vorteil eines Allels gegenüber einem konkurrierenden Allel genügt, um nach vergleichsweise wenigen (10-100) Generationen *drastische* Veränderungen der Genfrequenzen zu bewirken. Diese Ergebnisse wurden ab 1918 von Fisher und ab den frühen 1920er Jahren von Haldane und Chetverikov ausgebaut (Mayr 1982, 554). Pars pro toto erläutern wir hier zwei Beispiele: die auf Haldane zurückgehende mathematische Analyse von Selektion mit Rückmutation, und Fishers raffinierte Erklärung des 1:1-Häufigkeitsgleichgewichtes der Geschlechter.

Angenommen zu einem Allel A bildet sich ein konkurrierendes Allel B (am selben

genetischen Locus) heraus, das dominant oder rezessiv sein mag, aber einen geringen Selektionsvorteil besitzt. Z.B. stehe B für die etwas längeren Beine einer Antilopenpezies, welche höhere Fluchtgeschwindigkeit vor Räubern verleiht. mathematisch wird der relative Fitnessnachteil der nachteilhaften Variante B durch einen Selektionskoeffizienten s ausgedrückt, der das Verhältnis des Fitnessnachteils von B zur Fitness von A ausdrückt. Zudem nehmen wir an, es gibt eine gewisse geringe Rückmutationswahrscheinlichkeit m : $B \rightarrow A$, d.h. das vorteilhaftere Allel degeneriert mit geringer Wahrscheinlichkeit m (z.B. 10^{-5}) in das alte Allel zurück. Dann wird der B-Prozentsatz an der Gesamthäufigkeit der Allele jede Generation etwas ansteigen, weil B-Individuen den Räubern besser entfliehen und dadurch mehr Nachkommen zeugen können als A-Individuen. Die mathematische Berechnung der daraus resultierenden Differenzgleichung wird in Kap. 13.1.1 behandelt und ergibt das Resultat, dass nach einer hinreichend hohen Anzahl von Generationen das vorteilhafte Allel B *fast-universal* geworden sein wird. D.h. der Grenzwert seiner Häufigkeit (für n gegen unendlich) wird nahe bei 100% liegen, während das nachteilige Allel A fast verschwunden ist, und sein geringer Prozentanteil nur mehr durch Rückmutationen aus B-Individuen erzeugt wird. Der Funktionsverlauf ist in Abb. 2-3 dargestellt.

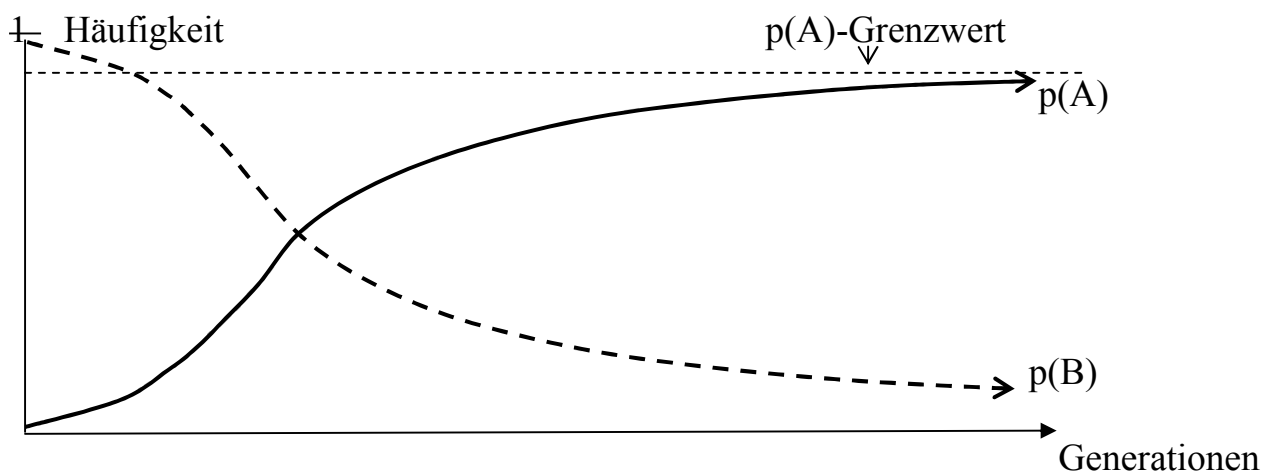


Abb. 2-3: Selektion eines vorteilhaften Allels A mit geringer Rückmutation zu B.

Die Durchsetzung des B-Allels gelingt allerdings nur, wenn B nicht schon im An-

fangsstadium durch Rückmutation ausstirbt. Wenn B rezessiv ist, kann dies sehr leicht geschehen, da dann B seine positive Selektion nur im homozygoten Zustand (BB) entfalten kann, der ausgehend von einer Punktmutation erst durch geeignete Paarungen in Folgegenerationen entstehen kann (zur genauen mathematischen Analyse s. Kap. 13.2.2, sowie Ridley 1993, 93-95). Zur selben Konsequenz wie Haldane gelangte auch Chetverikov. Er beschäftigte sich besonders mit der Tatsache, dass Mutanten zuerst nur heterozygot auftreten und daher, wenn sie rezessiv sind, phänotypisch verborgen bleiben. Er spekulierte, dass Organismen viele solcher verborgener rezessiver Mutanten besitzen müssten, und konnte bei 239 wilden *Drosophila*-Weibchen 32 Loci mit rezessiven Mutanten nachweisen (Mayr 1982, 557).

Die evolutionäre Durchsetzung eines vorteilhaften Allels bzw. Phänotyps nennt man auch *Monomorphismus*. Es war damals aber auch schon bekannt, dass sich unter spezifischen Bedingungen auch ein sogenannter balancierter *Polymorphismus* ausbilden kann, worin sich die Häufigkeiten mehrerer Allele die Waage halten (s. Kap. 13.3). Ein spezieller Fall eines solchen Polymorphismus ist das annähernd konstante 1:1-Gleichgewicht der Geschlechter, das sich in fast allen Populationen vorfindet. Hierfür lieferte erstmals Fisher eine berühmte Erklärung, die seitdem in allen Lehrbüchern der Evolution zu finden ist (vgl. Ridley 1993, 295; Sober 1993, 17; Skryms 1999, 7; Wilson 1975, 316f).

Zunächst sei klargestellt, was Fishers Erklärung erklärt und was nicht. Bekanntlich besitzen weibliche Individuen zwei X-Chromosomen und männliche ein X- und ein Y-Chromosom. Unter der Annahme, dass die Aufteilung des männlichen X- und Y-Chromosoms in der Meiose gleichwahrscheinlich erfolgt, und Eltern in gleichem Maße für ihre ♀- wie ♂-Nachkommen sorgen, produziert jedes Elternpaar im Schnitt gleich viele reproduktionsfähige ♀- wie ♂-Nachkommen, d.h. ♂ ist gar kein erbliches Merkmal. Unter dieser Annahme wird jede Generation, unabhängig von ihrem ♂-♀-Verhältnis, schon in der nächsten Generation Nachkommen im ♂-♀-Verhältnis von 1:1 gezeugt haben (ein Spezialfall des Hardy-Weinberg-Gesetzes; s. Kap. 12.3).

Das eigentliche Problem, an dem Fisher anknüpfte, bestand darin, dass die Sterbe-

häufigkeit vor der Fortpflanzung bei Männern üblicherweise höher ist als bei Frauen, insbesondere in Kriegszeiten. Daher wäre zu erwarten, dass es in jeder Generation weniger Männer als Frauen gibt – dem war aber nicht so. Vielmehr belegten Einwohnerstatistiken die erstaunliche Tatsache, dass dort, wo die ♂-Mortalitätsrate besonders hoch ist, auch mehr ♂ als ♀ geboren werden. Warum ist das so?

1710 leitete John Arbuthnot, Leibarzt der englischen Königin, daraus einen Beweis für die göttliche Vorsehung ab. Nicht einmal Darwin konnte diesen Sachverhalt erklären (s. Skyrms 1999, 1-3); erst Fisher gelang der Durchbruch. Das ♀:♂-Verhältnis der Nachkommen ist nämlich nicht bei allen Individuen 1:1, vielmehr gibt es gewisse 'M-Erbanlagen' (so nennen wir sie), welche dazu führen, mehr ♂- als ♀-Nachkommen zu produzieren. Analog gibt es W-Anlagen, welche zu mehr ♀- als ♂-Nachkommen führen. Die M-Anlagen sind mit dem ♂-Geschlecht korreliert und treten daher häufiger bei ♂ auf, und analog die F-Anlagen häufiger bei ♀. Unter Bedingungen eines Frauenüberschusses können sich Männer im Schnitt nun häufiger reproduzieren als Frauen; sie bringen daher mehr M-Anlagen in die nächste Generation als Frauen entsprechende F-Anlagen, was bewirkt, dass die Häufigkeit der M-Anlagen in der nächsten Generation gestiegen ist. Dies wiederum bewirkt, dass in der übernächsten Generation, d.h. unter den Enkelkindern, mehr ♂ als ♀ erzeugt werden, und somit der Frauenüberschuss kompensiert wird, solange, bis sich ein Gleichgewicht einpendelt. Dieses ist unter Bedingungen eines konstanten Männerunterschusses dann gegeben, wenn die Häufigkeit von M-Anlagen etwas größer als die von F-Anlagen ist. Und damit war das, was Arbuthnot für göttliche Vorsehung hielt, populationsgenetisch erklärt.

Fishers Erklärung besaß übrigens den weiteren Vorzug, auch erklären zu können, warum sich das 1:1-Geschlechterverhältnis selbst in Harems-Gesellschaften einpendelt, wogegen Arbuthnot annahm, das 1:1-Verhältnis sei nur unter dem göttlich vorgesehenen Gesetz der Monogamie stabil. Spätere Untersuchungen haben übrigens gezeigt, dass Fishers Argument nur gilt, wenn in der Population ein 'globaler Reproduktionsmarkt' vorherrscht. Ist die Reproduktion auf eine kleine Nachbarschaft be-

schränkt, im Extremfall der Inzucht auf die eigenen Geschwister, so kann sich auch ein nichtsymmetrisches Geschlechterverhältnis von mehr Weibchen als Männchen als optimal herausstellen – damit konnte man Abweichungen vom symmetrischen Geschlechterverhältnis erklären (s. Ridley 1993, 296f).

In anderen Arbeiten zeigte Fisher, wie viele einzelne Genmutationen mit kleinem phänotypischen Effekt gerichtete Evolution auf der Ebene von Makrovariationen bewirken können. Fisher und Wright arbeiteten schließlich auch die Rolle der sogenannten *Zufallsdrifte* in der Evolution heraus: nicht jede evolutionäre Veränderung beruht auf natürlicher Selektion, sie kann auch auf selektionsneutralem Zufall beruhen. Dazu zählt z.B. das zufällige Aussterben eines Allels in einer zu kleinen Auswanderungspopulation (Mayr 1982, 555); zu Zufallsdriften rechnet man aber auch funktionell konsequenzenlose, so genannte *neutrale* Mutationen.

2.2.2 Empirische ('ökologische' und experimentelle) Populationsgenetik. Wie erwähnt zweifelten Ende des 19. Jahrhunderts viele Biologen daran, dass kontinuierliche Mikromutationen zu Makromutationen führen konnten. Bateson, ein Vertreter des erwähnten Saltationismus, hatte das Auftreten diskontinuierlicher Makrovariationen wie z.B. die plötzliche Verdoppelung der Anzahl von Gliedmaßen dokumentiert und postulierte, dass Makromutationen und Mikromutationen auf unterschiedlichen Prozessen beruhten (vgl. Weber 1998, 23-29). Die mathematische Populationsgenetik hatte danach zwar die theoretische Möglichkeit erwiesen, dass Mikroevolution auf Mendelscher Basis innerhalb evolutionär betrachtet kurzer Zeitspannen zu scheinbar sprunghaften Makrovariationen führen kann. Aber konnte die Effizienz kontinuierlicher Mikroevolution auch empirisch nachgewiesen werden?

Um dies herauszufinden, begannen 'ökologische' Populationsgenetiker, Mutationen in der Natur zu studieren. Schon 1918 hatte Goldschmidt das Auftreten von Dunkel-Mutationen bei Faltern in Industriegebieten mit hohen Rauchemissionen beobachtet und damit die Wirksamkeit von Mutation und Selektion in der Natur dokumentiert (s. Kap. 12.4.1.; Ridley 1993, 97). Sumner untersuchte in den Jahren 1910-1920 vierzig unterschiedliche Merkmalsvarianten bzw. Rassen der Springmaus. Er

stellte fest, dass Kreuzungen unterschiedlicher Rassen diverse *intermediäre* Typen ergaben (s. Weber 1998 76-80). Sumner schloss daraus, dass für eine Merkmalsvariante viele Gene verantwortlich sein müssten (Polygenie). Viele kleine und auf Allel-Ebene diskontinuierliche Mendel-Mikromutationen führen also zu einer kontinuierlichen Merkmalsreihe, deren Anfangs- und Endglieder zueinander im Verhältnis einer Makrovariation standen. Die damals übliche Unterscheidung zwischen kontinuierlicher und diskontinuierlicher Evolution, so Sumner, sei daher fragwürdig.

Ein wenig später begannen experimentelle Populationsgenetiker (insbesondere solche der Morgan-Schule), Mutationen künstlich zu erzeugen. 1927-30 gelang es Muller, durch Röntgenbestrahlung die Mutationsrate bei *Drosophila* von 0,1% auf 10% anzuheben (Mayr 1982, 801). Der junge E. Mayr bezweifelte die Relevanz laborerzeugter Mutationen für die natürliche Selektion. Doch Muller konnte zeigen, dass radioaktive Bestrahlungen dieselben Mutationen hervorriefen, die man auch in der Natur vorfindet, wobei sich unter den (künstlichen oder natürlichen) Mutanten tatsächliche auch einige wenige 'makromutationale Monster' im Sinne von Bateson fanden. Während die meisten Mutationen die Vitalität herabsetzten, führte einige zu erhöhter Vitalität, was ein Beleg für die Effizienz künstlich erzeugter Mutationen in der natürlichen Evolution war (s. Weber 1998, 66-69, 85f).

Damit waren die Grundlagen für die Synthese von theoretischer und empirischer Populationsgenetik gelegt, die Dobzhansky (1937) vornahm. In seiner Studie über Mutanten von *Drosophila pseudoobscura* zeigte Dobzhansky mithilfe von Genmarkern, dass sich alle Rassen dieser Gattung durch die unterschiedliche Reihenfolge von 8 Genen auf einem Chromosom unterschieden (Weber 1998, 98f), und somit sämtliche Mutationen durch den Mechanismus der Chromosominversion erklären ließen. Anhand von Marienkäfern wies Dobzhansky 1933 nach, dass die Mutationen ihres roten Panzers in verschiedenen Gattungen auf gleichen genetischen Loci mit gleichen Allelen beruhten. Aufgrund seiner Befunde wandte sich Dobzhansky gegen die Annahme von unterschiedlichen Mechanismen für Mikro- und Makrovariationen (s. Weber 1998, 94f, 98f, 107). Gegen den Saltationismus brachte er schließlich auch

ein wahrscheinlichkeitstheoretisches Argument vor: angenommen nämlich, dass ein Makromerkmal auf vielen (z.B. 10) Genen beruht, die jeweils eine geringe unabhängige Mutationswahrscheinlichkeit (von z.B. 10^{-4}) besitzen, dann würde die Wahrscheinlichkeit einer Makrovariation einen astronomisch kleinen Wert betragen, in unserem Beispiel $(10^{-4})^{10} = 10^{-40}$ (eine Eins 40 Nullen hinter dem Komma) – und das ist zu unwahrscheinlich, um in der Natur vorzukommen.

2.3 Genetischer Code und epigenetische Steuerung

Die chemische Entschlüsselung der Erbsubstanz wird nicht mehr zur 'modern synthesis' im engeren Sinn gerechnet. Dennoch gehört sie zur modernen Synthese der Evolutionstheorie im weiteren Sinn, da erst dadurch die einheitlichen Grundlagen der biologischen Evolution auf molekularer Ebene erkannt wurden, wodurch eine Reihe von Streitfragen, z.B. um unterschiedliche Mutationsmechanismen, beantwortet werden konnten. Anfang des 20. Jahrhunderts war zwar schon bekannt, dass Chromatin hauptsächlich aus DNS (Desoxyribonukleinsäure, englisch DNA) bestand, doch die meisten Biologen dachten, ein DNS-Molekül sei viel zu simpel aufgebaut, um etwas so komplexes wie die Vererbung der gesamten genetischen Information bewerkstelligen zu können (vgl. Mayr 1982, 813-7, 820). In den 1930ern entstand aber die Theorie der chemischen *Polymere* bzw. Makromoleküle. So wie Proteine, wie man erkannt hatte, sich aus vielen Tausenden von (chemisch verbundenen) Aminosäuren zusammensetzen, welche komplexe dreidimensionale Strukturen bilden können, so könnte ja auch das Erbmaterial aus DNS-Polymeren, also vielen DNS-Molekülen, gebildet sein. Mehrere Forschergruppen versuchten nun fieberhaft, die Makrostruktur der DNS herauszufinden. Einen entscheidenden Hinweis erbrachten Chargaffs Befunde um 1950, dass das Verhältnis der Nukleotide Adenin zu Thymin und Purin zu Pyrimidin im Chromatin bei nahezu 1:1 lag, was kein Zufall sein konnte. 1953 gewannen schließlich Watson und Crick das Rennen mit ihrem berühmten Doppelhelixmodell der DNS, das in Abb. 2-4 dargestellt ist.

Eine DNS-Kette wie in Abb. 2-4a besteht aus Iterationen von je einem Phosphorsäurerest (eingezeichnet als Kreis), einem Zuckermolekül, der Desoxyribose (eingezeichnet als Fünfeck) sowie einem von vier (basischen) Nukleotiden oder kurz 'Basen': Adenin (A), das sich nur mit Thymin (T) bindet, und Cytosin (C), das sich nur mit Guanin (G) bindet. Die sogenannte RNS oder Ribonukleinsäure ist ein chemisch etwas weniger stabiler evolutionärer Vorfahre der DNS, der Ribose statt Desoxyribose und Uracil (U) statt Thymin enthält (s. Siewing 1978, 119). Ein Chromosom besteht aus zwei komplementär aneinander gebundenen DNS-Strängen (Abb. 2-4b), die beim Menschen aus ca. 3 Milliarden Basenpaaren bestehen. Der DNS-Doppelstrang ist in Form einer Doppelhelix geschraubt, die sich ihrerseits um gewisse Proteine namens Nukleosomen windet und durch diese Mehrfachspiralisierung eine enorm kompakte Form einnimmt.¹² Entschraubt hätte ein menschlicher Chromosomen-Faden

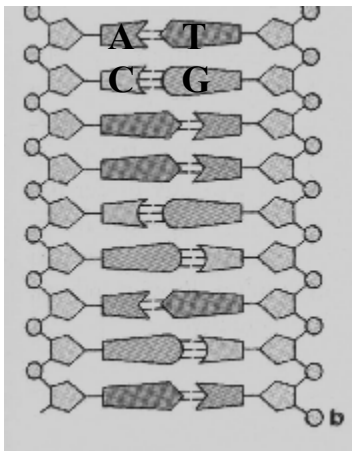


Abb. 2-4 (a): DNS-Struktur (verändert nach Linder-Biologie 1992, 31.1b). Komplementäre Nukleotide: A bindet sich nur mit T, C nur mit G.

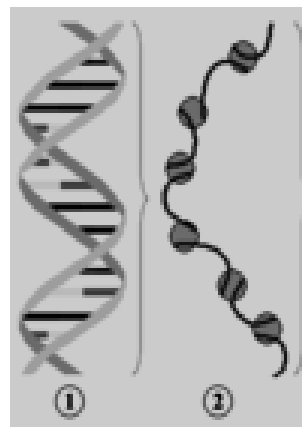


Abb. 2-4 (b): Chromosom-Spiralisierung (de.wikipedia.org/wiki/Chromosom). (1): Doppelhelixstruktur. (2): Spiralisierung um Nukleosomen.

eine Länge von ca. einem Meter (1 m), denn er besitzt ca. $3 \cdot 10^9$ Basen von je ca. $3 \cdot 10^{-10}$ m Länge. Im Zellkern ist der Strang auf Bruchteile von Mikrometern ($= 10^{-6}$

¹² S. Ridley 1993, 25; Karlson et al. 2007, Kap. 5-6. Die Mehrfachspiralisierungshypothese (z.B. in Linder-Biologie 1992, Abb. 30.2) ist bislang allerdings Spekulation (vgl. de.wikipedia.org/wiki/Chromosom).

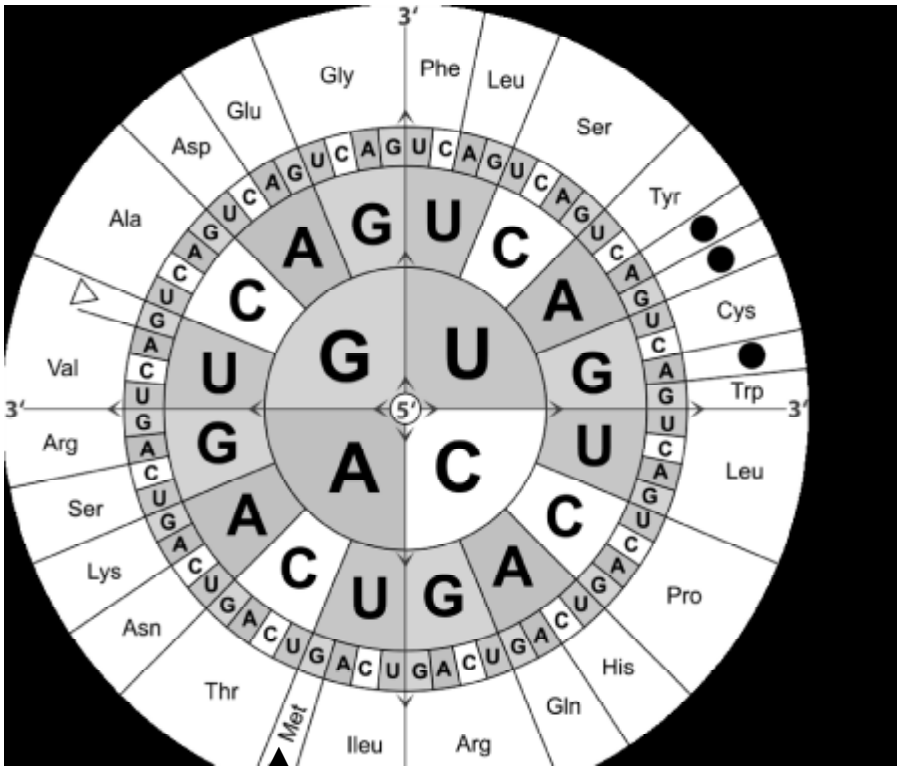
m) zusammengeschrubt. Nur zum Zwecke der Replikation und Transkription (s. Abb. 2-6) schraubt sich der Faden partiell auf.

Die eindeutig zugeordnete Bindungsmöglichkeit zwischen den Nukleotiden A-T einerseits und C-G andererseits ermöglicht die exakte *Replikation* bzw. Vervielfachung der genetischen Information. Die Replikation der DNS findet während jeder Zellteilung statt. Sie wird durch Enzyme gesteuert, die den DNS-Doppelstrang aufspalten, woraufhin sich an beide Teilstränge komplementäre Nukleotidbasen (plus entsprechende Zucker- und Phosphatreste) anlagern, die im Kernplasma herumswimmen. Dadurch entstehen zwei neue Doppelstränge, die den alten genau kopieren, wodurch in jeder Zellteilung die genetische Information erhalten bleibt.

Die in einem DNS-Strang enthaltene genetische Information wird dadurch wirksam, dass jeweils drei Basen hintereinander ein sogenanntes *Basentriplett* oder auch *Codon* bilden, welches genau eine *Aminosäure* bindet. Aminosäuren sind ihrerseits die Grundbausteine von Proteinen, welche mehr oder weniger die gesamte makromolekulare 'Maschinerie' des Lebens bilden – als sogenannte *Enzyme* katalysieren sie chemische Reaktionen und steuern damit den Stoffwechsel; sie bewerkstelligen den hormonellen, immunologischen und neuronalen Informationstransfer; sie bilden das Grundsubstrat von diversen Gewebearten wie Membranen, Muskelgewebe oder Stützgewebe, usw.

Die Basentriplett-Aminosäuren-Zuordnung ist das Herzstück des sogenannten *genetischen Codes*, der in Abb. 2-5 dargestellt ist. Es gibt zirka 20 Aminosäuren (AS), aus denen natürliche Proteine aufgebaut sind (bis auf ein paar Ausnahmen; vgl. Karlsson 2007, Kap. 2). Da aus drei Basen $3^4 = 64$ verschiedene Triplettts bzw. Codons gebildet werden können, enthält der genetische Code in der 3. Base eine Redundanz – dieselbe Aminosäure kann durch verschiedene Triplettts gebunden werden (s. Ridley 1993, 26). Zusätzlich kodieren gewisse Triplettts, statt einer AS, eine Start- oder Stoppanweisung beim Informationsableseprozess.

Die *genetische Proteinsynthese* ist in Abb. 2-6 dargestellt. Sie besteht aus zwei Teilprozessen. In der *Transkriptionsphase* spult ein Enzym die DNS teilweise auf



2-5: Genetischer Code und Redundanz. Aminosäuren in Buchstaben-Abkürzung. Z.B. 'Glu' für Glutaminsäure, kodiert durch die Basentriplets (von außen nach innen) AAG und AUG (AUG = Start-Codon (mRNS) (siehe http://de.wikipedia.org/wiki/Genetischer_Code)).

und lagert einzelne RNS-Nukleotide an, die einen komplementären Einfachstrang bilden, die so genannte messenger-RNS (mRNS). Diese wandert durch die Kern-

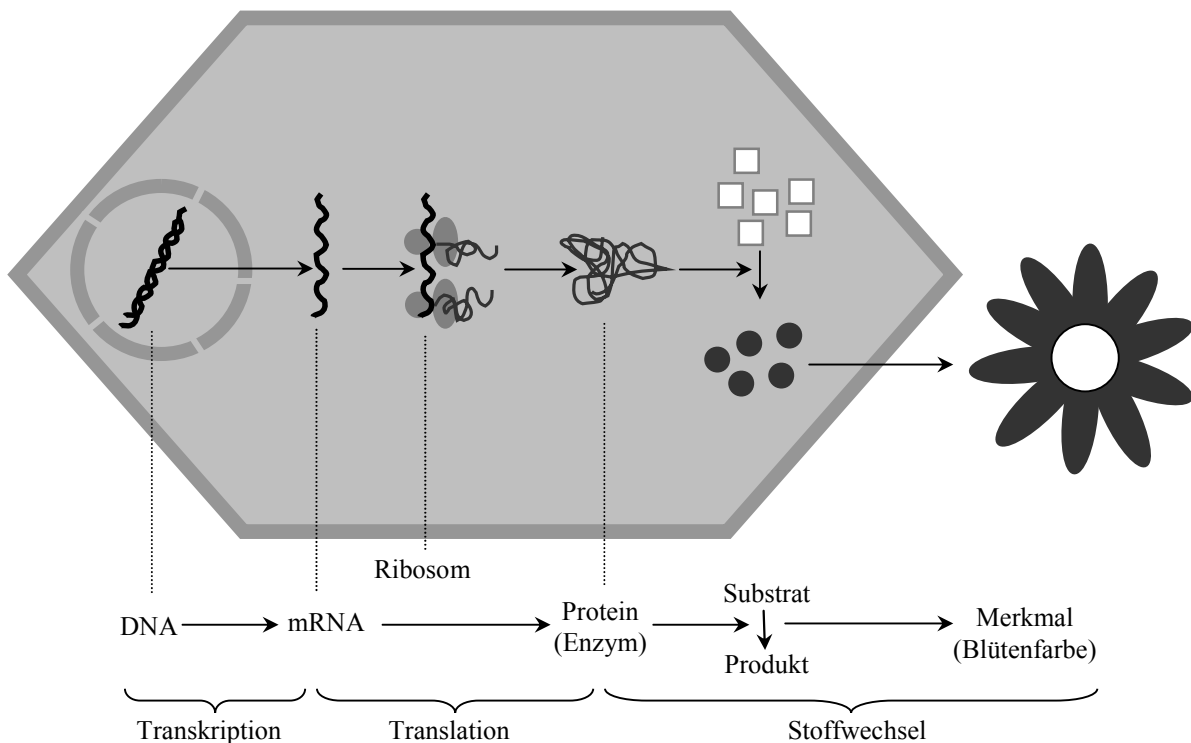


Abb. 2-6: Proteinsynthese (verändert nach Linder-Biologie 1992, Abb. 33).

membran in das Zellplasma zu den Ribosomen, den Orten der Proteinsynthese (Ribosomen bestehen ihrerseits aus Proteinen und ribosomaler RNS, kurz rRNS). Im Zellplasma schwimmen nun einzelne Bausteine der sogenannten transfer-RNS (tRNS) herum, die jeweils aus einem RNS-Basentriplett bestehen, das mit einer zugeordneten Aminosäure beladen ist. Die tRNS-Bausteine lagern sich am Ribosom an die mRNA komplementär an, wobei die daran befindliche Aminosäure jeweils an den bereits gebildeten Polypeptidstrang andockt und das tRNS-Molekül wieder frei wird.

Es gibt zwei Definitionen des 'Gens', erstens die *molekulare* und zweitens die *funktionale*. Gemäß der molekularen Definition ist ein Gen ein solcher Teil eines DNS-Stranges, der ein Polypeptid bzw. Protein kodiert, jeweils abgegrenzt durch Start- und Stopp-Codon. Man nennt ein solches Gen auch 'Cistron'. Für die Vererbungslehre wichtiger ist die funktionale Definition, wonach ein Gen ein solcher DNS-Abschnitt ist, der für die Entstehung eines phänotypischen Merkmals wie z.B. der Augenfarbe (ursächlich) verantwortlich ist. Die funktionale Gendefinition ist erstens oft vage, da die Individuierung 'eines' phänotypischen Merkmals oft vage ist. Zweitens ist sie oft uneindeutig – nämlich in allen solchen Fällen, wo für ein Merkmal mehrere DNS-Abschnitte verantwortlich sind (Polygenie), oder wo umgekehrt ein DNS-Abschnitt für mehrere Merkmale verantwortlich ist (Polyphenie). Bislang konnten erblichen Merkmalen bzw. funktional definierten Genen nur in wenigen, aber sehr bedeutsamen Fällen klar abgegrenzte Chromosomenabschnitte zugeordnet werden – z.B. ist bekannt, dass Normabweichungen in gewissen Genen gewisse Erbkrankheiten bewirken (zu weiteren Problemen der funktionalen Gendefinition s. auch Dawkins 1998, 62f und El-Hani 2007).

Durch moderne DNS-Sequenzierer ist die DNS-Sequenz menschlicher Chromosomen mittlerweile vollständig entschlüsselt.¹³ Versteht man unter 'Code' den *semantischen* Code, also die Bedeutungszuordnung, so ist der genetische Code dennoch bis-

¹³ Das 'human genome project': www.ornl.gov/sci/techresources/Human_Genome/home.shtml.

lang nur auf unterster Ebene, der Zuordnung zwischen Basentriplets und Aminosäuren, vollständig bekannt. Man kennt zwar aufgrund charakteristischer Anfangs- und Endsequenzen (sowie anderer Methoden) auch alle Abschnitte, die strukturellen bzw. proteinkodierenden Genen entsprechen. Doch auf höherer Ebene ist die Zuordnung der Cistronen zu den Funktionen, funktionellen Genen bzw. phänotypischen Merkmalen noch weitgehend unbekannt, obwohl auch hier das Wissen stetig zunimmt.

Ein typisches Polypeptid bzw. Protein hat zirka 100-300 Aminosäuren. Ein molekulares Gen benötigt also ca. 1000 Basen, um ein Protein zu codieren. Noch vor 10-15 Jahren schätzte man die Anzahl der molekularen Gene im Menschen auf ca. 100.000 (vgl. Ridley 1993, 27). Mittlerweise aber weiß man, dass es nur ca. 23.000 proteinkodierende (molekulare) Gene gibt (siehe en.wikipedia.org/wiki/Human_genome). Insgesamt besitzt nur ca. 1,5 % der DNS proteinsynthetisierende Funktion. Da das menschliche Genom aus etwa $3 \cdot 10^9$ Basenpaaren besteht, ergibt dies ca. 1.500 Basenpaare pro Cistron. Die Funktion des restlichen Anteils der DNS ist größtenteils unbekannt. Man weiß zwar, dass ein hoher Prozentsatz der DNS *redundant* und funktionslos ist. Doch die frühere Auffassung, dass über 90% der DNS solche Junk-DNS sei, wird heute wieder in Frage gestellt. Man kennt beispielsweise einige proteinkodierende DNS-Abschnitte, die *regulatorische* Funktion besitzen und bewirken, dass derselbe DNS-Abschnitt abhängig von epigenetischen Faktoren (s. unten) unterschiedliche Proteine kodieren kann. Ein dafür verantwortlicher Mechanismus ist das Spleißen, in dem dieselben mRNA oder tRNA Teilsequenzen in verschiedenen Weisen zusammengeklebt werden, um verschiedene Proteine zu erzeugen (Ast 2005).

Mutationen des Erbmateri als passieren vorwiegend während der ungeschlechtlichen oder geschlechtlichen Zellteilung; nur die letzteren sind vererbungsrelevant. Während die in Kap. 2-2 erläuterten *genetische Rekombinationen* häufig stattfinden und zu neuen Allelkombinationen bzw. Genomvarianten führen, treten echte Mutationen, also Neuentstehungen von Allelen, vergleichsweise selten auf. Experimentell ermittelte Mutationsraten betragen bei Mäusen 10^{-6} bis 10^{-5} pro genetischem Locus und Nachkommen (Ridley 1993, 75f). Es gibt verschiedene Mutationsarten, die un-

terschiedliche Wahrscheinlichkeiten besitzen (s. Ridley 1993, 74ff): Punktmutationen (Nukleotidaustausch), chromosomale Mutationen (Auslassung, Duplikation, Inversion oder Translokation eines DNS-Teilstranges) und Genommutationen (Chromosomensatzvervielfachung). Das heißt, Mutationen sind chemisch gesehen nicht gänzlich zufällig. Es gibt lediglich keine Gerichtetheit der Mutationen in Bezug auf die Selektionserfordernisse der Umgebung oder in Bezug auf erworbene Merkmale – zumindest gibt es dafür bislang keinerlei empirische Evidenz – und nur in diesem Sinn sind biologische Mutationen *blind*, d.h. unabhängig von den selektiven Kräften der Umgebung. Die jüngsten nachgewiesenen Mutationen beim Menschen sind die Mutation des Microcephalins im Gehirn vor ca. 37.000 Jahren (gleichzeitig mit der Entwicklung von Kunst, Kultur und Religion) und die Laktoseverdaunungs-Mutation vor ca. 10.000 Jahren im kaukasischen Raum (noch heute können nicht alle Erwachsenen Milchzucker verdauen; vgl. <http://de.wikipedia.org/wiki/Mutation>).

Mutationen in funktionslosen DNS-Abschnitten sind ohne phänotypischen Effekt und daher selektiv *neutral*. Neutrale Mutationen führen zu einer ungeheuren Diversität der DNS: in den neutralen Chromosomenabschnitten besitzt jeder Mensch individuell charakteristische Basensequenzen, welche (mittlerweile nicht nur in der Kriminologie) zum Zwecke der genetischen Identifikation von Personen verwendet werden. In analoger Weise gibt es bei jedem Protein *neutrale* Aminosäuren, die nicht in den sogenannten 'funktionalen', d.h. chemisch wirksamen, Abschnitten des Proteins liegen, sondern lediglich statische Funktion besitzen und somit durch andere Aminosäuren austauschbar sind. Neutrale Aminosäuren mutieren wesentlich schneller als funktionale Aminosäuren. Kimura (1968) studierte Mutationsraten von neutralen Aminosäuren und stellte fest, dass sie mit einer einigermaßen gleichbleibenden Rate mutieren. Kimura sprach hier von einer *molekularen Uhr* der Evolution (Ridley 1993, Kap. 7). Man kann diese Uhr zur unabhängigen evolutionären Altersbestimmung von Organismen und ihrer spezifischen Proteine verwenden und damit evolutionäre Hypothesen wesentlich verlässlicher bestätigen als dies zuvor möglich war (näheres dazu in Kap. 3.3.3). Die Einsicht, dass es in der Evolution viele keiner Selektion un-

terliegende zufällige Prozesse, sogenannte *Zufallsdrifte* gibt, hat in der jüngeren Evolutionstheorie zu einem Umdenken gegenüber einem übersteigertem Adaptionismus früherer Jahre geführt (s. auch Kap. 6.2.6).

Wie man seit mehreren Jahrzehnten weiß, werden Proteine und letztlich erbliche Merkmale nicht durch die Gene allein produziert, sondern immer nur zusammen mit biochemischen Steuerungsmechanismen, welche mit den Genen interagieren: den sogenannten *epigenetischen Steuerungssystemen*. Für multizelluläre Organismen ergibt sich die Notwendigkeit epigenetischer Steuerung aus der Existenz von *spezialisierten* Körperzellen (Haut-, Leber-, Nervenzellen etc.), welche verschiedene Funktionen ausüben, obwohl sie im Kern denselben diploiden Chromosomensatz besitzen. Dies ist nur deshalb möglich, weil auf den DNS-Doppelsträngen jedes Zellkerns viele sogenannte Repressormoleküle sitzen, welche die jeweiligen DNS-Abschnitte blockieren. Dies hat zur Folge, dass jeder DNS-Doppelstrang ein spezifisches *Aktivierungsprofil* besitzt, welches nur gewisse Gene für Kopierfunktionen aktiviert und andere unterdrückt. Diese Aktivierungsprofile und die Mechanismen ihrer Veränderung machen die epigenetischen Steuerungssysteme aus.

Bei den Repressormolekülen kann es sich z.B. um Proteine, Histonmodifikatoren, Interferenz-RNS oder Methylgruppen handeln.¹⁴ Epigenetische Steuerungssysteme lösen Darwins Problem mit der Vererbung (s. Kap. 2.1), nämlich wie erklärt werden kann, dass aus Hautzellen nur Hautzellen, und aus Leberzellen nur Leberzellen (usw.) herauswachsen. Embryonale Stammzellen sind noch nicht in Körperzellen ausdifferenziert und eben deshalb für medizintechnologische Zwecke (wie z.B. der Züchtung von Organen) so begehrt. Wie Szathmáry und Wolpert (2003, 275f) herausarbeiten, spielte für die Evolution von multizellulären Organismen die Tatsache eine entscheidende Rolle, dass etliche Einzeller schon epigenetische Steuerungssysteme besessen haben. Ein Beispiel sind die Milchsäurebakterien, deren epigenetische Steuerung des Laktose-Stoffwechsels gut verstanden ist: ein bestimmtes Gen G_1 produziert ein Re-

¹⁴ S. de.wikipedia.org/wiki/Epigenetik und de.wikipedia.org/wiki/DNA-Methylierung.

pressor-Protein P_1 , welches das eigentliche den Laktosestoffwechsel regulierende Gen G_2 blockiert. P_1 wiederum bindet mit dem 'Induktormolekül' Laktose: wenn also Laktose in die Zelle eindringt, wird P_1 inaktiv und dadurch Gen G_2 aktiviert, welches dann zwei Enzyme produziert, die die Laktoseverdauung bewerkstelligen (s. Szathmáry und Wolpert 2003, 274f).

Die jüngst viel diskutierte DNS-Methylierungen scheinen einen wesentlichen Anteil an den DNS-Aktivierungsmustern auszumachen. Von einer Reihe von Krankheiten, wie z.B. Krebs, Diabetes oder multiple Sklerose, ist aufgrund ihres unterschiedlichen Auftretens bei eineiigen Zwillingen bekannt, dass sie *auch*, aber nicht *nur* genetisch bedingt sind. So vermutet man, dass das Auftreten solcher Erbkrankheiten auf fehlerhafte Methylierungsmuster zurückzuführen ist, welche nicht mehr in der Lage sind, die entsprechenden DNS-Abschnitte zu hemmen. Die Aktivierungsmuster unseres Erbgutes werden auch durch unsere Erfahrungen bzw. unsere Biographie bestimmt. Man vermutet, dass traumatische Erlebnisse eine Veränderung chromosomaler Aktivierungsmuster in unseren Gehirnzellen bewirken, welche nachhaltige psychische Veränderungen wie z.B. leicht auftretende Angstzustände bewirken können (s. Bauer 2004).

Krebstumore können eventuell durch Vererbung fehlerhafter Methylierungsmuster von Krebszellen auf deren somatische Tochterzellen erklärt werden. Die Tatsache, dass das geklonte Schaf Dolly früh an Arthritis und anderen Alterskrankheiten litt, könnte damit erklärt werden, dass durch das Klonen einer somatischen Erwachsenalzelle auch ein Erwachsenen-Aktivierungsmuster mitvererbt wurde (vgl. Dennies 2003). Damit sind wir bei einer zentralen Frage, der Vererbbarkeit von Methylierungsmustern. Höchstwahrscheinlich vererben sich diese während der somatischen Zellteilung bzw. Mitose. Aber können sie auch in die Keimbahn gelangen, d.h. sich während der Meiose auf die Geschlechtszellen und damit auf die Nachkommen vererben?

Um diese Fragestellung zu pointieren, unterscheiden wir zwischen *Epigenetik im schwachen Sinn*, welche das Vorliegen epigenetischer Steuerungssysteme innerhalb

der Entwicklung eines Organismus behauptet und gänzlich unbestritten ist, und *Epigenetik im starken Sinn*, welche zusätzlich die Vererbbarkeit von epigenetisch erzeugten DNS-Aktivierungsmustern behauptet und umstritten ist. Epigenetik im starken Sinn wäre ein zumindest partiell *lamarckistischer* Effekt, da hierbei erworbene Merkmale auf die Nachkommen vererbt würden – allerdings nur in der 'partiellen' Form von Aktivierungsmustern für genetische Merkmalspotentiale, die schon zuvor durch nichtlamarckistische Evolution entstanden sein müssen. Obzwar das Leitparadigma der biologischen Evolutionstheorie bis vor kurzem die Existenz lamarckistischer Effekte bestritt, weil solche nicht nachgewiesen werden können, berichteten in jüngerer Zeit einige Mediziner und Biologen von empirischen Evidenzen für stark epigenetische (und somit lamarckistische) Effekte. Kaati (2002) liefert Evidenzen dafür, dass Personen, deren Großmutter einer nicht genetisch bedingten Überernährung ausgesetzt gewesen war (was man wusste, weil diese eine nicht überernährte eineiige Zwillingschwester hatte), ein erhöhtes Diabetesrisiko und Herzkreislaufisiko besitzen. Molinier et al. (2006) zeigten einen lamarckistischen Effekt in Bezug auf die Mutationsrate: unter Stress entwickeln Pflanzen eine höhere Mutationsrate und vererben diese an Nachkommen weiter. Einen direkten experimentellen Nachweis lieferte Morgan et al. (1999) bei Mäusen, bei welchen ein Allel namens 'Avy', das gelbliche Hautfarbe erzeugt, durch eine bestimmte Diät blockiert werden kann. Nicht nur hatten genidentische Avy-Mäuse, die unterschiedliche Nahrung einnahmen, unterschiedliche Hautfarbe – ihre Hautfarbe vererbte sich sogar statistisch auf ihre Nachkommen unmittelbar nach der Geburt weiter, obwohl alle ihre Nachkommen das Avy-Allel besaßen.

Wenn sich diese Befunde zugunsten der Epigenetik im starken Sinn erhärten würden, so wäre dies eine durchaus revolutionäre Erkenntnis. Dennoch ist zu betonen, dass damit nur gezeigt wäre, dass *einige wenige* erworbene Merkmale (in der erläuterten partiellen Weise, d.h. über Aktivierungsmuster) vererbt werden können. Keineswegs wäre damit der pauschale Lamarckismus wiederbelebt, demzufolge alle erworbenen Merkmale 'irgendwie' vererbbar sind.

2.4 Zwischen Stagnation und Revolution: Eckdaten biologischer Evolution

Die wichtigsten Eckdaten der biologischen Evolution auf unserem Planeten gemäß heutigem Wissensstand sind in Box 2-2 zusammengefasst. Unser Universum entstand gemäß gängiger Kosmologie vor ca. 13,7 Milliarden Jahren durch einen Urknall (Weinberg 1977); unser Sonnensystem vor etwa 5 Milliarden Jahren, und 500 Millionen Jahre später unser Planet Erde. Die ersten stabilen Gesteine (Zirkone) bildeten sich vor ca. 4,2 Milliarden Jahren, und seit ca. 4 Milliarden Jahren wurde unsere Erde nicht mehr von Kometen behagelt (Ward und Brownlee 2000, 60, 231). Sehr 'bald' danach, vor ungefähr 3,8 Milliarden Jahren, kam es vermutlich auch schon zum Beginn des Lebens in Form der primitivsten Einzeller, der sogenannten Prokaryonten. Immerhin 3,6 Milliarden Jahre alt sind die ältesten nachweisbaren Prokaryonten in Form von Stromatolithen (Kalkkrusten), die von Vorfahren unserer heutigen Blaualgen gebildet wurden (ibid. 57; Linder-Biologie 1992, 109f).

Es gibt zwei Arten von Einzellern, Prokaryonten und Eukaryonten. Prokaryonten sind 0,2 – 5 Mikrometer (10^{-6} m) groß und die primitivsten Einzeller: sie bestehen nur aus einer Zellmembran, in der RNS-Doppelstränge zusammen mit Ribosomen frei herumschwimmen (zur Erinnerung, RNS ist der evolutionäre Vorfahre von DNS). Archaeobakterien und die photosynthesebetreibenden und kolononiebildenden Blaualgen sind die wichtigsten Prokaryontenstämme (Linder-Biologie 1992, 109). Die Atmosphäre vor $3 \cdot 10^9$ Jahren enthielt noch keinen Sauerstoff. Viele von den damaligen Prokaryonten abstammende Bakterien betreiben heute noch anaeroben (sauerstofffreien) Stoffwechsel; einige Archaeobakterien halten extreme Bedingungen aus (z.B. Temperaturen über 100 Grad in der Nähe unterirdischer Vulkane). Es waren auch die Blaualgen (und nicht die mehrzelligen Pflanzen), welche in Milliarden von Jahren nach und nach die Sauerstoffatmosphäre erzeugten (s. Ward und Brownlee 2000, 68, 98).

$14 \cdot 10^8$ Jahre: Urknall.
 $5 \cdot 10^8$ J.: unser Sonnensystem.
 $4,5 \cdot 10^8$ J.: Planet Erde.
 $4,2 \cdot 10^8$ J.: erste stabile Gesteine. Abklingen des Kometenhagels.
 $3,8 \cdot 10^8$ J.: erste Prokaryonten (Einzeller ohne Zellorganellen). Sauerstofflose Atmosphäre (Kohlendioxid, Stickstoff). *Explosionsphase* der Prokaryonten.
 $1,5 \cdot 10^8$ J.: Anreicherung der Atmosphäre mit Sauerstoff (produziert durch Blaualgen)
 $1,5 \cdot 10^8$ oder $0,8 \cdot 10^8$ J.: erste Eukaryonten (große Einzeller mit Zellorganellen). *Explosionsphase* der Eukaryonten. Bisherige Annahme: $1,5 \cdot 10^9$ Jahre. Alternativannahme: erst $0,8 \cdot 10^9$ Jahre; zuvor Riesenbakterien.
 $700 \cdot 10^6$ J.: erste Vielzeller.
 $600 \cdot 10^6$ J.: kambrische *Explosion* der Vielzeller.
 $500 \cdot 10^6$ J.: ersten Wirbeltiere, Fische.
 $400 \cdot 10^6$ J.: Tetrapodische Fische. Übergang zum Landleben (genügend Sauerstoff in Atmosphäre).
 $400 - 250 \cdot 10^6$ J.: *Explosionsphase* der Landlebewesen (Koevolution von Tieren und Pflanzen: Skorpione, Proto-Amphibien, Amphibien und Reptilien, Insekten; Farne, Schachtelhalme, Bärlappgewächse, später Nadelhölzer).
 $250 - 70 \cdot 10^6$ J.: Zeit der Saurier (*Explosionsphase*): Erste Säugetiere. Ab $100 \cdot 10^6$ Blütenpflanzen.
 $70 \cdot 10^6$ J.: Aussterben der Saurier. *Explosionsphase* der Säugetiere. Erste Vögel. Erste (kleine) Primaten (Affen).
 $5 \cdot 10^6$ J.: erste Hominiden bzw. Hominini (Abtrennung Schimpanse – Menschen vom gemeinsamen Vorfahr).
 $2 - 1 \cdot 10^6$ J.: Homo habilis, dann homo erectus; primitivste Steinwerkzeuge
 150.000 J.: Homo sapiens.
 70.000 J.: *Explosion* der Werkzeugentwicklung (Sprache). Homo sap. 'out of Africa'.
 10.000 J. v. C.: Viehzucht und Ackerbau. *Explosion* von Menschengesellschaften.
 5.000 v. C.: erste Hochkulturen.
 1000 v. C.: erste Wissenschaft.
Seit 300 J.: moderne Wissenschaft und Zivilisation; jüngste *Explosionsphase*.

Box 2-2: Eckdaten zur Makroevolution (10^n = Zahl mit n Nullen)

Alle anderen Einzeller und alle Zellen mehrzellige Organismen sind dagegen Eu-

karyonten. Das sind etwa 1000 mal größere Zellen als Prokaryonten, die einen Zellkern enthalten, in dem sich Chromosomen (mit DNS statt RNS) befinden, sowie eine Reihe weiterer 'Zellorgane', die sogenannten Organellen. Dazu zählen die in allen Eukaryonten vorhandenen Ribosomen (zuständig für Proteinsynthese), die Mitochondrien (zuständig für chemischen Stoffwechsel), ferner das endoplasmatische Retikulum und der Golgi-Apparat sowie unterschiedliche Arten von Plastiden, z.B. Chloroplastiden, welche die Photosynthese bewerkstelligen (Ridley 1993, 24).

Bei der DNS bzw. RNS als Reproduktionsmechanismus handelt es sich um eine *universale Homologie* aller Lebewesen, d.h. eine Gleichartigkeit aufgrund gemeinsamer Abstammung von den Ur-Prokaryonten. Injiziert man beispielsweise die mRNA eines Kaninchens für Hämoglobin (das Protein der roten Blutkörperchen, welches Sauerstoff bindet) in das Bakterium *Escherichia Coli*, so erzeugt dieses Bakterium Kaninchen-Hämoglobin. Dies zeigt in beeindruckender Weise, wie gleichartig dieser Mechanismus bei allen Lebewesen funktioniert (s. Ridley 1993, 46).

An den ersten zwei Milliarden Jahren Lebens auf unserem Planeten, also über 50% seiner Evolutionszeit, sind zwei Dinge auffallend: erstens, wie 'schnell' die Prokaryonten entstanden, und zweitens, wie lange die Eukaryonten benötigten. Während 'nur' 2-3 Millionenjahre bis zum Einsetzen der Prokaryonten-Explosion vergingen, passierte in den nächsten 1,5 Milliarden Jahren sozusagen fast gar nichts. Die Prokaryonten bildeten eine Welt für sich (zur Vielfalt der heute noch lebenden Prokaryontenstämme de.wikipedia.org/wiki/Evolution). Dagegen war der evolutionäre Sprung zu Eukaryonten offenbar sehr schwierig, und vielleicht schwieriger als der Übergang von den Eukaryonten zu mehrzelligen Organismen. Warum?

Die DNS der Mitochondrien heutiger Eukaryonten ähnelt der RNS der Prokaryonten. Aufgrund dieses Tatbestandes und anderer Fakten vermutet man gemäß der *Endosymbiontenhypothese*, dass die Mitochondrien der ersten Eukaryonten dadurch entstanden, dass größere Prokaryonten Bakterien verschluckten (gewisse Amöben tun dies noch heute), die dann im Zellplasma symbiotisch Stoffwechsel betrieben und sich als Zellorganelle mitreplizierten. Auf ähnliche Weise, so die Vermutung, sind

auch die weiteren Zellorganellen entstanden.¹⁵

Nun ist aber die Zellmembran der Prokaryonten nicht so durchlässig wie die heutiger Eukaryonten. Vielmehr enthält die Bakterienzellmembran *Murein* als feste Stützschiicht, die viel starrer ist als die Eukaryontenzellmembran und im Gegensatz zur letzteren nur kleinere Moleküle, aber keine Riesenmoleküle oder gar kleine Prokaryonten durchlassen kann. Damit aus prokaryontischen Zellen eukaryontische Zellen werden konnten, die Phagozytose betreiben konnten (also ganze Prokaryonten verschlucken konnten), mussten die Prokaryonten zunächst die starre Zellwand aufgeben. Doch die starre Zellwand *schützte* die Prokaryonten vor diversen schädlichen Einflüssen, während komplexere Schutzmechanismen der Eukaryonten, wie primitive Wahrnehmung und Fortbewegung, den Prokaryonten nicht zur Verfügung standen. Die Prokaryonten mussten daher zunächst ein *Fitnessstal* durchwandern, also sich verletzlicher machen, um von ihrem bisherigen Fitnessgipfel auf einen noch höheren Fitnessgipfel, den der Eukaryonten, zu gelangen (Maynard-Smith und Szathmáry 1996, 122-126). Diese Notwendigkeit des Durchlaufens von Fitnessstälern erklärt die lange Stagnationszeit, bevor die Eukaryontenebene erreicht und eine neue Explosionsphase der Evolution eintreten konnte (zu Fitnessstälern s. Kap. 4.2.3).

Zum Entstehungszeitpunkt von Eukaryonten gibt es derzeit zwei konkurrierende Hypothesen. Gemäß der älteren Standardhypothese entstanden die ersten Eukaryonten vor ca. 1,5 - 1,8 Milliarden Jahren. Gemäß einer jüngeren Alternativhypothese könnten sie jedoch erst wesentlich später entstanden sein, vor ca. 800 Millionen Jahren – denn nur für diese Zeit gibt es einigermaßen sichere Spuren, wogegen es sich bei den versteinerten Spuren angeblicher Eukaryonten vor $1,5 \cdot 10^9$ Jahren auch um Spuren von jüngst gefundenen *Riesenbakterien* handeln könnte, die ebenfalls Eukaryontenmaße annehmen können (s. Cavalier-Smith 2002). Für die Alternativhypothese spricht noch ein weiterer theoretischer Grund: für die alsbald danach erfolgende schnelle Ausbreitung der Vielzeller ist die (im vorigen Kapitel erläuterte) epigeneti-

¹⁵ Vgl. Linder-Biologie (1992), 109; Maynard-Smith und Szathmáry (1996), 126, 140; Ward und Brownlee (2000), 85ff; Siewing (1978), 160.

sche Steuerung der Zellspezialisierung notwendig, welche sich bereits bei einigen Eukaryonten findet, z.B. bei Flagellaten, Schimmel-, Schleim- und Hefepilzen (Szathmáry und Wolpert 2003, 272, 275f).

Die ersten Vielzeller entstanden vor etwa 700 Millionen Jahren, und schon 100 Millionen Jahre später kam es zur schnellen Ausbreitung derselben über die ganze Erde, der sogenannten 'kambrischen Explosion', benannt nach der erdgeschichtlichen Periode des 'Kambriums'.¹⁶ Bald danach kam es zur Entstehung des ersten Landlebens – der Sauerstoffgehalt der Meere und der Atmosphäre war für aeroben Stoffwechsel nun hinreichend hoch. Die weiteren in Box 2-2 angeführten Eckdaten sind

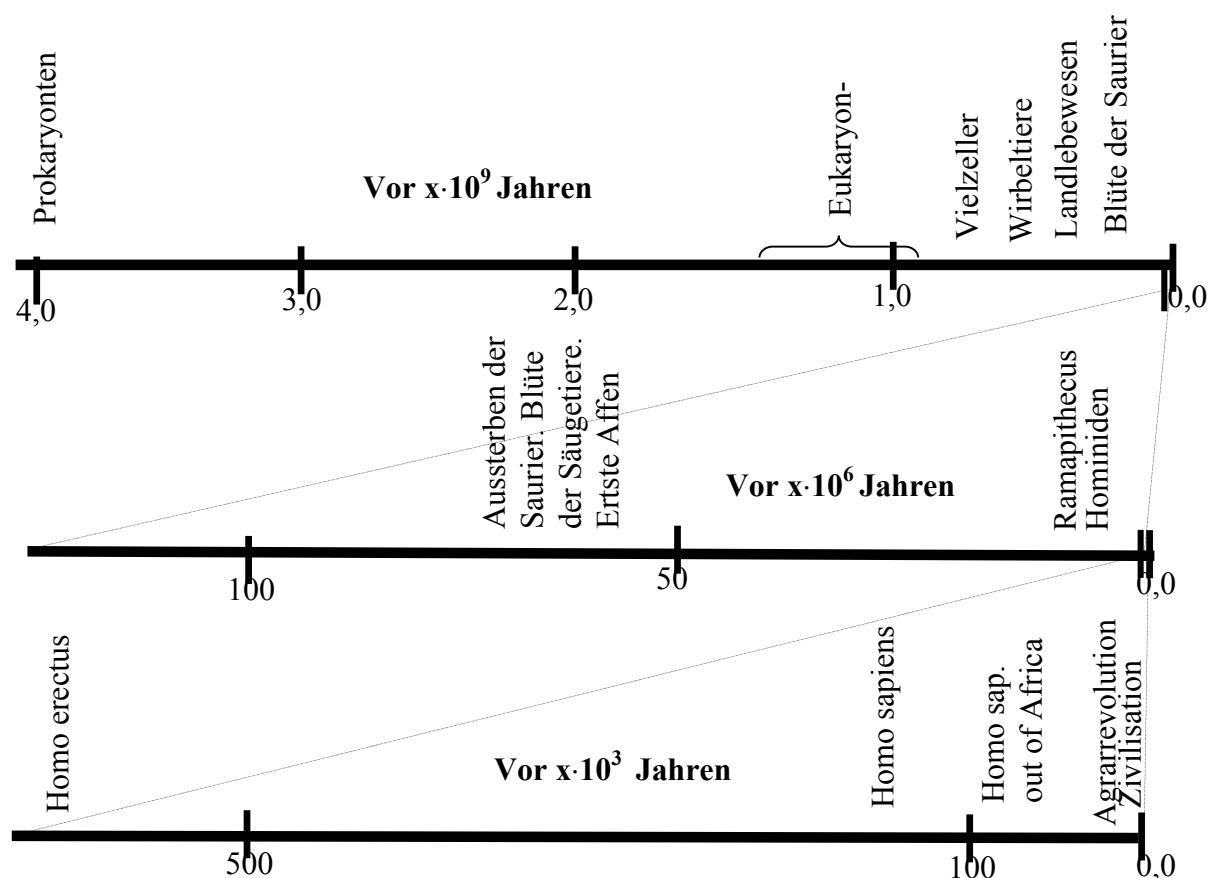


Abb. 2-7: Exponentielle Zeitfenster der Makroevolution (nach Box 2-2).

¹⁶

In der Geologie verwendet man Bezeichnungen für erdgeschichtliche Perioden, die sich aus gewissen Fundstätten ableiten – die wichtigsten: Präkambrium (-600), Kambrium (590-500), Ordovizium (500-440), Silur (440-400), Devon (400-360), Karbon (360-290), Perm (290-240), Trias (240-210), Jura (210-140), Kreide (140-70), Tertiär (70-2), Quartär (2-jetzt) (vgl. Kleesattel 2002, 13).

weitgehend bekannt und kaum erläuterungsbedürftig. In welchem Ausmaß das Tempo der Evolution, aus der Perspektive des Menschen, eine exponentielle Beschleunigung erfahren hat, zeigt Abb. 2-7: die Geschichte der zivilisierten Menschheit spielt sich erst in den letzten Jahrtausenden ab; die Evolution von den ersten Affen zum Menschen in Jahrmillionen, die Evolution des Lebens dagegen in Jahrmilliarden. Wie sehr Evolution Diversifizierung bedeutet, zeigt der (stark vereinfachte) Stammbaum aller Lebewesen in Abb. 2-8.

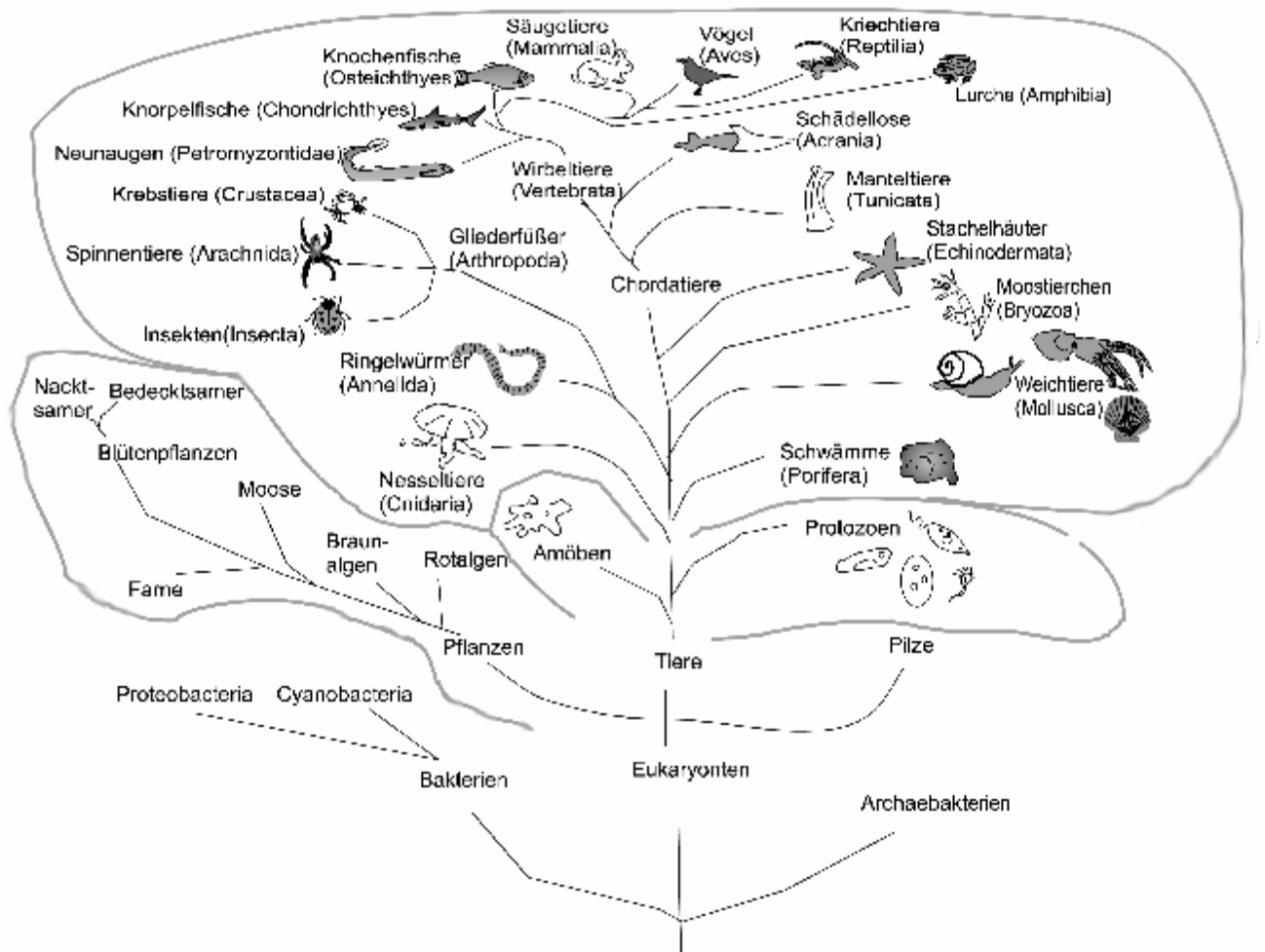


Abb. 2-8 Stammbaum der Lebewesen (verändert nach [http://schuetz.sc.ohost.de/Bio-logie/Evolution/Stammbaum der Lebewesen.pdf](http://schuetz.sc.ohost.de/Bio-logie/Evolution/Stammbaum%20der%20Lebewesen.pdf)).

Für das Verständnis der geographischen Verbreitung mehrzelliger Spezies seit der kambrischen Explosion war weiterhin die Erkenntnis der Kontinentalverschiebung bedeutsam, welche sich erst in den 1960er Jahren durchsetzte. Die Theorie der Kon-

kontinentaldrifts wurde zwar bereits 1915 von Wegener aufgestellt, aber lange Zeit abgelehnt, weil es keine plausible Erklärung für die geologischen Kräfte gab, welche solches hätten bewirken können. Stattdessen dominierten Modelle von Landbrücken durch Eiszeiten oder Meeresspiegelveränderungen, um zu erklären, warum so viele Spezies auf *allen* Kontinenten zu finden waren (Mayr 1982, 449f). Erst in den 1960er Jahren konnte ein plausibler Mechanismus der Kontinentalverschiebung in Form der Plattentektonik gefunden werden: danach wird die Bewegung der Landplatten auf den schwereren Meeresplatten durch die rotierende Bewegung des Erdmagma angetrieben, welche auch das Magnetfeld der Erde erzeugt (näheres s. Kap. 5.1; Ward und Brownlee 2000, 195-7). Bald danach war die jährlich nur Zentimeter betragende Kontinentalbewegung mithilfe von Satellitenbildern präzise messbar.

Abb. 2-9 zeigt den Superkontinent Pangäa vor etwa 300 Jahrmillionen, der vor 200 Millionen Jahren in zunächst zwei Teile auseinanderbrach: Laurasien, aus dem

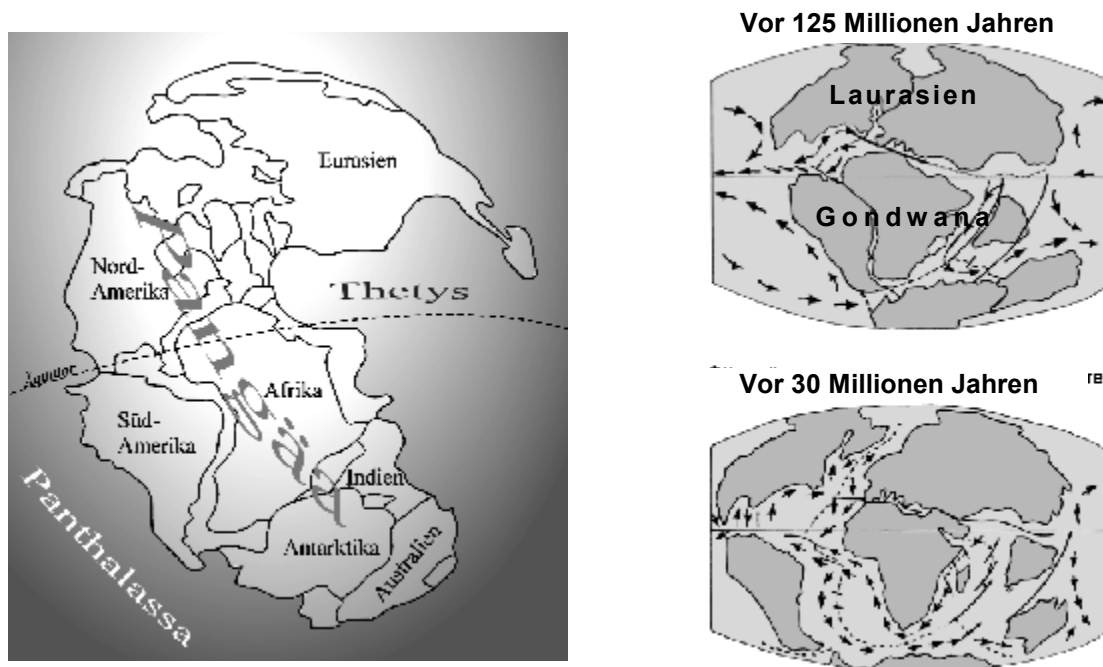


Abb. 2-9: Kontinentalverschiebung. Links: Vor 300 Millionen Jahren gab es nur einen Kontinent, Pangäa. Darin eingezeichnet die den heutigen Kontinenten entsprechenden Teile (de.wikipedia.org/wiki/Kontinentaldrift). Rechts: Pangäa zerbricht und bildet durch Kontinentalverschiebung die heutigen Kontinente (verändert nach Ridley 1993, 486).

Nordamerika und Eurasien hervorgingen, sowie Gondwana, aus dem Südamerika, Afrika, Australien und Neuseeland entstanden (zur Geschichte der 'Urkontinente' und ersten Landmassen vor Pangäa siehe en.wikipedia.org/wiki/List_of_supercontinents). Pangäa war die Zeit der Saurier. Sämtliche damals lebenden Tier- und Pflanzenspezies konnten sich über alle heutigen Erdteile verbreiten. Noch heute ähneln sich Spezies auf weit entfernten Kontinenten (wie Südamerika und Australien) aufgrund ihrer ehemaligen Verbundenheit (näheres in Kap. 3.2).

Die meisten mehrzelligen Spezies, die eine längere Zeit erfolgreich waren, sind irgendwann ausgestorben. Oft ist das Aussterben die direkte Folge eines katastrophalen Umweltereignisses (wie ein Kometeneinschlag oder eine Dürreperiode), oder das Resultat eines puren Zufallsdriftes (z.B. eine Abnahme der Populationszahl), welches mit externen Katastrophen fatal zusammenwirkt. Die Annahme, dass die Aussterbewahrscheinlichkeit einer Spezies das Resultat von nicht-adaptionsistischen Prozessen, also Zufallsprozessen oder externen Ereignissen ist, wird durch die empirische Tatsache gestützt, dass die Häufigkeit von Spezies mit ihrer Existenzdauer negativ-exponentiell abnimmt. Daraus folgt, dass die Aussterbewahrscheinlichkeit einer Spezies, wenn sie sich einmal evolutionär etabliert hat, pro Zeiteinheit in etwa konstant bleibt und sich durch weitere Adaption nicht verringert. Bei Säugetieren beispielsweise haben nur wenige Spezies länger als 10 Millionen Jahren existiert; einige brachten es bis zu 50 Millionen Jahren; bei Knochenfischen und Reptilien sind die Speziesexistenzzeiten etwas länger (vgl. Ridley 1993, 594f).

Bemerkenswert an der Makrogeschichte des Lebens ist, dass sich regelmäßig Phasen der Stagnation und Phasen der Explosion ablösten. Innerhalb der Evolutionstheorie gibt es keinen Gegensatz von *Evolution* und *Revolution*: auch revolutionäre Diskontinuitäten sind evolutionstheoretisch erklärbar. Zu einer Explosion nach einer langen Periode der Stagnation kommt es im Regelfall dann, wenn eine qualitativ neue Lebensform zunächst ein Fitnessstadium durchschreiten musste und sich dann soweit durch Selektion stabilisiert hat, dass sie einen neuen Typus von ökologischen Nischen bzw. *adaptiven Zonen* erobern konnte – wobei es sich sowohl um neue geogra-

phische Regionen wie um neue Arten der Nahrungsbeschaffung (etc.) handeln kann. Als sich die ersten prokaryontischen Protozellen sich soweit entwickelt hatten, dass eine verlässliche Zellteilung erfolgen konnte, haben die Prokaryonten alsbald alle Ozeane erobert. Lange blieb das so, bis die ersten Eukaryonten und anschließend die ersten Vielzeller entstanden und sich dann ebenfalls explosionsartig verbreiteten. Weitere explosive Phasen gab es, als der Übergang zum Landleben einsetzte, oder als die Saurier ihre Hochblüte erreichten. Säugetiere gab es schon während der Saurierzeit; doch sie waren klein und auf der Basis ihres stabilen Wärmehaushaltes auf Nachtaktivität spezialisiert, um so besser den Raubsauriern zu entgehen. Erst nachdem die Saurier ausstarben, eroberten die Säugetiere den Tag und den Erdball (Schwab 2004, 80ff). Später wiederum eroberten die Vögel 'schlagartig' die Luft als neuen Lebensraum. In all diesen Fällen waren zuvor Fitnesstäler zu überwinden, denen wir in Kap. 4.2.3 näher nachgehen.

Jede revolutionäre Phase der Evolution hat andererseits auch die Umwelt und damit zusammenhängend die Selektionsbedingungen für andere Spezies radikal verändert. Van Valen (1973) sprach in diesem Zusammenhang von einem "red queen equilibrium" (vgl. Ridley 1993, 591-600): um stabil weiter zu existieren, muss sich jede Spezies sukzessiv anpassen (die rote Königin aus 'Alice im Wunderland' sagte: "du musst weiterlaufen, um auf der Stelle zu bleiben"). Aus demselben Grund gab es auch immer eine Koevolution von Nahrungsgebern und Nahrungsnehmern, Tieren und Pflanzen, Jägern und Gejagten (Ridley 1993, 570).

Ein Sonderkapitel der Evolution bildet abschließend die Evolution der Hominiden bzw. Hominini, d.h. menschenartigen Spezies.¹⁷ Vor ca. 6 Millionen Jahren spalteten sich die Hominiden von ihrem gemeinsamen Vorfahren mit dem Schimpansen ab

¹⁷ Die Terminologie ist hier uneinheitlich (vgl. de.wikipedia.org/wiki/Hominini). Traditionellerweise wurden die menschenähnlichen Arten und Rassen als 'Hominiden' bezeichnet und den Menschenaffen Pongidae) gegenübergestellt, während jüngere Systematiker Schimpansen und Gorillas zu den Hominiden hinzuzurechnen und die Menschenartigen als 'Hominini' abgrenzen. Wir verwenden den Begriff 'Hominide' im traditionellen Sinn, gleichbedeutend mit 'Hominini'.

(Diamond 1994 nannte den Menschen daher, neben dem gemeinen und dem Bonobo-Schimpanse, den 'dritten Schimpanse'). Wie man aufgrund zahlreicher fossiler Skelettfunde heute annimmt, gab es eine ganze Reihe von Hominidenspezies (deren Klassifikation derzeit teilweise ungewiss ist).¹⁸ Sie beginnen mit Varianten des Australopithecus, der heute als eigene Hominiden-Gattung der Homo-Gattung gegenübergestellt wird. Letztere Gattung brachte vor 2,5 Millionen Jahren Homo habilis, dann Homo ergaster und vor ca. einer Million Jahre Homo erectus hervor (mit dem Heidelberger- und dem Peking-Mensch als fortgeschrittenen Varianten), sowie vor 200.000 Jahren den Neandertaler. Bis schließlich vor etwa 150.000 Jahren die Spezies des Homo sapiens auftauchte, zu der sämtliche heutige Menschen gehören und welche die einzige heute (noch) nicht ausgestorbene Hominidenspezies bildet. Während Homo habilis und erectus nur primitiven Steinwerkzeuggebrauch kannten, trat mit Homo sapiens eine Explosion der fortgeschrittenen Werkzeuganfertigung auf, zugleich mit Kultur- und Kunstgegenständen und komplexem Sozialleben (Diamond 1998, 35-41). Dies lassen zahlreiche archäologischen Fundstellen, Feuer- und insbesondere Grabstellen vermuten (die ältesten bekannten Höhlenmalereien in der Chauvet-Höhle sind über 30.000 Jahre alt; s. de.wikipedia.org/wiki/Höhlenmalerei).

Was war das spezifische biologische Merkmal von Homo sapiens? Der aufrechte Gang war schon ein Merkmal früherer Hominiden ab Homo habilis. Auch die frühere Hypothese, dass besondere Kehlkopfmerkmale von Homo sapiens dessen Sprechfähigkeit ermöglichten, ist heute umstritten (man fand solche Merkmale auch bei anderen Hominiden; s. science.orf.at/science/news/77065). Entscheidend war vielmehr der Fortschritt in den sprachlich-kognitiven Fähigkeiten, wofür auch die stetige Zunahme der Gehirngröße bis zum Gehirn des Homo sapiens spricht.

Gemäß archäologischen Funden muss es schon vor etwa 1-2 Millionen Jahren Auswanderungswellen von Homo erectus nach Asien und später nach Mitteleuropa

¹⁸

Für das folgende vgl. en.wikipedia.org/wiki/Human_evolution; Kleesattel (2002), 109; oder Linder-Biologie (1992), Abb. 139.1; sowie www.egbeck.de/skripten/13/bs13e.htm

gegeben haben.¹⁹ Alle heutigen Menschen stammen jedoch von einer kleinen Gründerpopulation der Varietät 'Homo sapiens' in Afrika um etwa 150.000 v.C. ab. Diese Hypothese stützt sich auf die Analyse genetischer Verwandtschaftsgrade heutiger Menschen in Bezug auf verschiedene Parameter (Blutgruppen, Mitochondrien-DNS). Aus diesen Daten, zusammen mit archäologischen Funden, wurden die plausibelsten Abstammungsbäume heutiger Menschen sowie ihre wahrscheinlichsten historisch-geographischen Ausbreitungsbewegungen abduktiv rekonstruiert (s. Kap. 3.3.3, 17.1). Bahnbrechend waren dabei die Arbeiten von Cavalli-Sforza (2001) (s. auch Ridley 1993, 469). Abb. 2-10 zeigt die historischen Eckdaten der Ausbreitung von Homo sapiens über den Erdball, beginnend mit der ersten 'Out-of-Africa'-Welle vor etwa 70.000 Jahren. Hinsichtlich der Besiedelung von Amerika ist zu berücksichtigen, dass während der letzten Eiszeit (die ca. 40.000 v.C. ihren Höhepunkt hatte und ca. 12.000 v.C. endete) Sibirien und Nordamerika durch eine Eisdecke verbunden

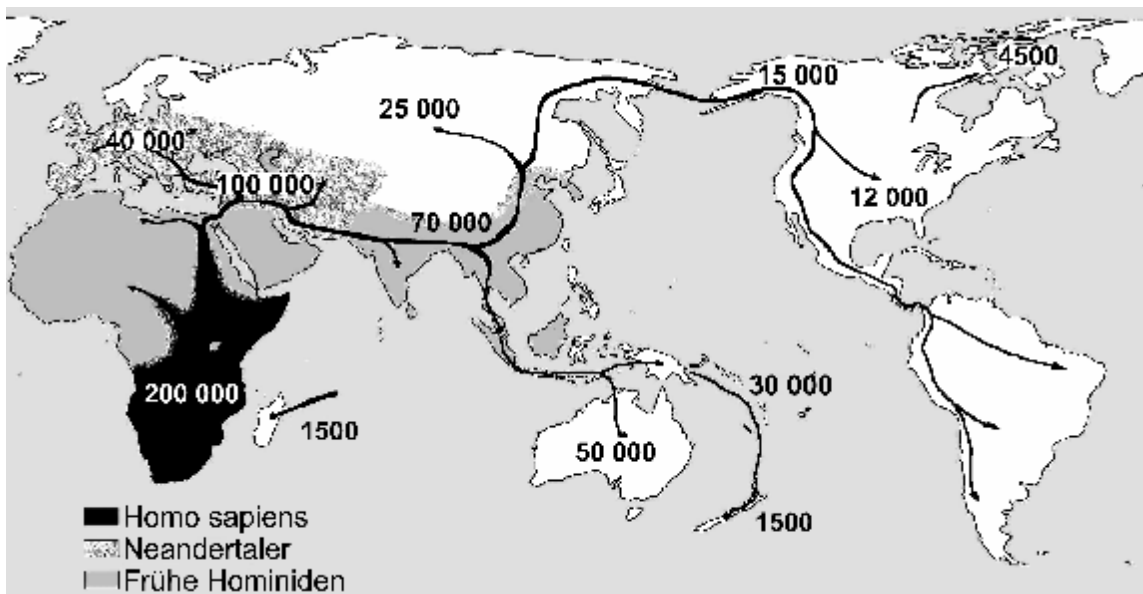


Abb. 2-10: 'Out-of-Africa' und Ausbreitung von Homo sapiens (schwarze Pfeile). Grau: Verbreitung früherer Hominiden (hellgrau: Neandertaler).

waren, sodass eine Besiedelung auf dem Landweg möglich war. Dennoch sind die gegenwärtig vermuteten Zeitpunkte ursprünglicher Besiedelungen durch Homo sa-

¹⁹ Diamond (1998), 37; www.evolution-mensch.de/thema/siedlung/erectus.php.

piens unsicher und schwankend;²⁰ z.B. ist unsicher, ob die erste Besiedlungswelle von Amerika schon früher als in Abb. 2-10 angegeben einsetzte (u.a.m.).

Als sie neue Regionen und Kontinente eroberten, haben die Menschen nicht selten ökologische Katastrophen ausgelöst. Vor dem Eindringen von Homo sapiens hat es im damals sehr fruchtbaren Australien und Neuseeland wie auch in Nordamerika viele große Säugetier- und Vogelspezies gegeben, die nicht mit Homo sapiens koevolviert hatten und daher seinen Jagdaktivitäten nicht angepasst waren; so hat Homo sapiens dort in nur wenigen Tausend Jahren diese Bestände dezimiert und schließlich ausgerottet (Diamond 1998, 43). Beispiele aus jüngster Zeit sind die Ausrottung von Beutelwölfen und der flugunfähigen Moa-Riesenvögel auf Neuseeland, der flugunfähigen Riesengänse auf Hawaii oder der Lemuren auf Madagaskar, u.a.m. Aus analogen Gründen haben im 16. Jahrhundert die neuen Viren, welche die Mitteleuropäer nach Amerika mitbrachten, die meisten indianischen Ureinwohner ausgerottet (näheres s. Kap. 9.2; Diamond 1998, 211).

Jene Revolutionen, welche das Antlitz unseres Planeten am schnellsten und tiefgreifendsten verändert haben, sind erst extrem jungen Datums: zum einen die Agrarrevolution vor etwa 12.000 Jahren, und zum anderen die wissenschaftlich-technische Revolution seit etwa 300 Jahren. Die Erfindung von Ackerbau und Viehzucht ermöglichte eine Vervielfachung der Nahrungsressourcen und in der Folge eine extreme Populationsvermehrung, welche durch den wissenschaftlich-technischen Fortschritt noch einmal potenziert wurde. Die Folge davon war eine *superexponentielle Beschleunigung* der Evolution: die Spanne seit der Jungsteinzeit, welche mit der Erfindung von Ackerbau und Viehzucht beginnt, beträgt gerade einmal ein 300.000stel der gesamten Evolution des Lebens, und ein 500stel der gesamten Evolution der Hominiiden (s. Abb. 2-7). Sowohl die Agrarrevolution wie die technische Revolution haben zugleich zu zahlreichen ökologischen Katastrophen geführt, die aus menschlicher Zeitperspektive zwar 'schleichen', aber aus evolutionärer Perspektive beängstigend

²⁰ Die Schätzungen sind unterschiedlich; vgl. Cavalli-Sforza (2001), 131; Kleesattel (2002), 113.

schnell verlaufen. So wurden seit der Agrarrevolution etwa 70% des Urwaldes vernichtet. Allein seit 1960 wurden tropische Wälder von ungefähr $650 \cdot 10^6$ ha, das sind ca. 15% des gesamten gegenwärtigen Waldbestandes von etwa $4 \cdot 10^9$ ha, vernichtet (Zustandsbericht des WWF von 20.03.2007). Ein anderes Beispiel sind die *Bodenerosionen*: fast alle heutigen Wüsten sind durch agrarische Überbeanspruchung entstanden. Das einstmalige Fruchtbarkeitsdelta zwischen Euphrat und Tigris, die Wiege der ackerbaubetreibenden Menschheit vor etwa 12.000 Jahren, ist heute Wüste; die heutige Sahara war zwischen 9000 und 4000 ein seenreiches fruchtbares Weideland (Diamond 1998, 124, 387ff). Nach Schätzungen der Vereinten Nationen sind heute etwa ein Drittel aller landwirtschaftlich nutzbaren Flächen der Erde von Bodenerosion und potenzieller Desertifikation betroffen (vgl. en.wikipedia.org/wiki/Desertification). Gegenwärtig expandiert die Sahara etwa 48 Kilometer pro Jahr, und wenn die Wüstenbildung so anhält, wird gemäß Hochrechnungen Afrika im Jahr 2025 nur mehr 25% seiner gegenwärtigen Bevölkerung ernähren können.

2.5 Kategorisierung des Evolvierenden: das Problem der natürlichen Klassifikation biologischer Arten und Gattungen

Ende des 19. Jahrhunderts ließ das Interesse an Klassifikationen nach, weil sich dabei keine eindeutigen Resultate ergaben (Mayr 1982, 217ff). Darwin hatte argumentiert, das sei nicht verwunderlich, da Spezies sich historisch wandelnde Entitäten sind (Kap. 1.5). Ab den 1970er Jahren erfolgte wieder eine zunehmende, allerdings auf einen engen Kreis beschränkte Kontroverse um die 'richtige' Klassifikationsmethode.

Eine angemessene Diskussion dieser Frage bedarf zunächst einer wissenschaftstheoretischen Grundorientierung. Klassifikationssysteme bzw. 'Taxonomien' sind Einteilungen von Individuen in *Klassen* (bzw. Arten, Kategorien) von Individuen. Dabei werden solche Individuen zu Klassen zusammengefasst, die möglichst *viele relevante Merkmale* miteinander gemeinsam haben. Hierbei kann es sich um intrinsische Merkmale oder *Eigenschaften* handeln, wie z.B. die Eigenschaft der Warmblü-

tigkeit, oder um *relationale* Merkmale wie z.B. die Abstammung von einem (gemeinsamen) Vorfahren. Die logische Tatsache, dass jedes Klassifikationssystem an relevanten gemeinsamen Merkmalen orientiert ist, hat für die biologischen Kontroverse insofern Bedeutung, als seit Darwin zwei Klassifikationsparadigmen einander gegenübergestellt werden: die merkmalsbasierte *phenetische* Klassifikation und die entwicklungsgeschichtliche *phylogenetische* Klassifikation. Der Unterschied liegt darin, dass die phenetische Klassifikation auf intrinsische phänotypische Merkmale konzentriert ist, während sich die phylogenetische Klassifikationen an relationalen Abstammungsmerkmalen orientiert. Die phenetische Klassifikation wird heutzutage meist als überholt angesehen (vgl. Kunz 2002), obzwar sie auch noch gegenwärtige Vertreter besitzt (z.B. Sneath und Sokal 1973). Doch generell gesehen ist es keine Regel, dass entwicklungsgeschichtliche Klassifikationen den ahistorisch-phenetischen Klassifikationen überlegen sein müssen. Beispielsweise hätte es wenig Sinn, Fachbücher anstatt nach Sachgebieten nach ihrer Entwicklungsgeschichte zu klassifizieren. Die Überlegenheit phylogenetischer Klassifikationen in der Biologie verdankt sich vielmehr der Besonderheit, dass die biologischen Arten mit ihren spezifischen Merkmalen erst durch die Evolution zu dem *geworden* sind, was sie sind, sodass die Klassifikation nach evolutionären Gesichtspunkten zumindest *normalerweise* am besten geeignet ist, relevante gemeinsame Merkmale zu erfassen (ebenso Ridley 1993, 357). Das heißt, die besagte Besonderheit bewirkt tendenziell eine Konvergenz von Phenetik und Phylogenie.

Freilich hat die Konvergenz von Phenetik und Phylogenie (wie alles in der Evolution) zahlreiche *Ausnahmen*, an denen die Klassifikationskontroverse starken Anstoß nahm. Ausnahmen von der Konvergenz zwischen Phenetik und Phylogenie gibt es insbesondere bei äußerlichen Makromerkmalen. Bezieht man anatomische Bauplanmerkmale oder molekulargenetische Mikromerkmale mit ein, so wird die Konvergenz viel höher – und dies muss auch so sein, denn wie in Kap. 3 ausgeführt wird, sind solche Merkmalsähnlichkeiten neben unabhängigen Altersdatierungen die wichtigste Bestätigungsgrundlage für Hypothesen über Abstammungsbäume. Die gele-

gentlichen Divergenzen von Phenetik und Phylogenie werden verstärkt durch den Umstand, dass die Klassifikationssysteme (vorwiegend) an einer natürlichen Einteilung der *gegenwärtig* existierenden Arten interessiert sind, während phylogenetisch basierte Klassifikationen oft nur dann als natürlich erscheinen, wenn sie auch alle *ausgestorbenen* Arten mit einbeziehen. Beispielsweise ist die Tatsache, dass die Krokodile phylogenetisch den Vögeln näher sind als den Reptilien, bezogen auf die gegenwärtigen Spezies unnatürlich, würde aber bezogen auf sämtliche ausgestorbene Sauropsiden inklusive ihrer vogelähnlichen Übergangsformen weit natürlicher wirken.

Gibt es so etwas wie 'die richtige' Klassifikation, oder sind darin immer subjektive Gesichtspunkte involviert? Hierzu gibt es zwei altherwürdige philosophische Auffassungen (s. Box. 2-3). Dem *Nominalismus* zufolge existieren nur Individuen, Artbegriffe sind dagegen kognitive Konstruktionen des Menschen. Dem *Realismus* zufolge besitzen auch gewisse Arten objektive Realität – die sogenannten *natürlichen* Arten. Doch wodurch soll die objektive Realität natürlicher Arten festgelegt sein, wenn Arten immer durch gemeinsame Merkmale charakterisiert werden? Man zieht ja niemals alle denkbaren Merkmale zur Klassifikation heran, sondern nur 'relevante' Merkmale. Beispielsweise wird der Biologe Wirbeltiere nicht (so wie ein Koch) nach ihrem Nährwert für Menschen, sondern nach biologisch relevanten Merkmalen klassifizieren. Aber was genau sind denn die 'relevanten' Merkmale – steckt darin nicht ein *subjektiver* Faktor? Dem metaphysischen Essentialismus zufolge werden Arten nur durch sogenannte 'essentielle' Merkmale festgelegt. Dagegen ist einzuwenden, dass die Festlegung essentieller Merkmale von der jeweils vorausgesetzten *Hintergrundtheorie* abhängt (vgl. Hempel 1965, Kap. 6; Bird 1998, 108-120). Schon gar nicht trifft die essentialistische Artkonzeption auf die Biologie zu, denn biologische Arten wandeln sich in der Zeit.

Auch wenn es keine eindeutig 'richtige' biologische Klassifikation gibt, muss man zumindest fragen, was denn die Güte einer solchen Klassifikation ausmacht. Eine

Die begriffslogischen Theorien des *Nominalismus* und *Universalienrealismus* entstanden in der Spätscholastik (s. Stegmüller 1965). Der Nominalismus besagt, dass nur *Individuen* existieren, aber keine 'generischen' (allgemeinen) Entitäten, denn nur Individuen besitzen konkrete raumzeitliche Existenz. Dem Universalienrealismus zufolge existieren dagegen auch generische Entitäten, sogenannte *Universalien*. Platon lehrte, dass Universalien in einer ewigen objektiven Ideenwelt existieren. Vertritt man dagegen einen naturalistischen Standpunkt und lehnt eine solche Ideenwelt ab, so liegt die Schwierigkeit des Universalienrealismus darin, dass Universalien (wie z.B. die Art 'Ente' oder die Eigenschaft 'rot') keine konkrete physikalische Existenz besitzen – dies tun nur ihre individuellen Exemplifikationen (wie 'diese Ente' bzw. 'dieses rote Ding'). Dennoch scheinen auch natürliche Arten und Eigenschaften objektiv in der Realität vorhanden zu sein. Es fragt sich, wie dies naturalistisch kohärent expliziert werden kann – dies konstituiert das gegenwärtige Universalienproblem.

Verknüpft mit der Nominalismus-Realismus-Frage ist auch die Frage der Abgrenzung von analytischen versus synthetischen Sätzen. Gemäß traditioneller sprachanalytischer Auffassung beruhen Klassifikationssysteme auf *Definitionen*. Definitionen sind 'analytisch wahre' Sätze, deren Wahrheit nicht auf den Tatsachen der Welt, sondern auf sprachlichen *Konventionen* beruht. Analytische Sätze können daher nicht, so wie gewöhnliche empirische synthetische Sätze, wahr oder falsch sein – sie können lediglich mehr oder weniger empirisch *adäquat* im Sinne von diagnostisch effizient sein (Carnap 1972, Hempel 1965, Kap. 6, §5; Hull 1997). Im Begriffsrealismus wird dagegen angenommen, dass es real existierende 'natürliche' Arten und somit auch 'wahre' bzw. 'richtige' Definitionen derselben gibt (z.B. Kripke 1972). Eine Kritik des biologischen Begriffsrealismus findet sich im Text.

Box 2-3: Nominalismus vs. Realismus und analytische vs. synthetische Sätze.

Teillösung des Problems bringt das Konzept der *diagnostischen Effizienz* einer Klassifikation. Eine taxonomische Kategorie (z.B. 'Hund', 'Säugetier' etc.) ist diagnostisch umso effizienter, je mehr (relevante) Merkmale durch diese Kategorie erfasst werden, die nicht schon unter die entsprechende übergeordnete Kategorie fallen (s. Kleiber 1998, 63).²¹ Je höher die diagnostische Effizienz einer Kategorie ist, desto höher ist

²¹ Die einer Kategorie zukommenden Merkmale müssen nicht, so wie es die *klassische Konzepttheorie* annimmt, auf alle Individuen der Kategorie ausnahmslos zutreffen, sondern sie können auch im Sinne der *Prototypentheorie* nur auf die meisten bzw. typischen Mitglieder der Katego-

auch ihre Voraussagekraft. Evolutionäre Abstammungskategorien sind normalerweise auch diagnostisch hocheffizient, denn abstammungsmäßig eng verwandte Arten haben einen Großteil ihrer Selektionsgeschichte und der darin selektierten Merkmale gemeinsam (s. Schurz 2010). Umgekehrt führt Artaufspaltung und Wegfall des Genflusses normalerweise zu merkmalsmäßiger Auseinanderentwicklung von Arten (Ridley 1993, 388).

Die diagnostische Effizienz einer Klassifikation ist relativ zu einem gegebenen Bereich von relevanten Merkmalen, dessen Festlegung letztlich immer auch einen subjektiven Faktor involviert. Selbst wenn man die biologisch relevanten Merkmale als zumindest pragmatisch einigermaßen klar bestimmt ansieht, liefert das Kriterium maximaler diagnostischer Effizienz nicht immer eine eindeutige optimale Klassifikationslösung. Gelegentlich gibt es mehrere diagnostisch gleichwertige Alternativklassifikationen – wir werden diesbezügliche Beispiele kennenlernen. Die Auswahl unter gleichwertigen Alternativklassifikationen ist also ein zweites Eintrittstor für den subjektiven Faktor. Um die Auswahl eindeutig zu machen, muss man an dieser Stelle *theoriegestützte* Einteilungskriterien heranziehen. Die Einteilung biologischer Arten aufgrund evolutionärer Abstammungskriterien ist ein typisches Beispiel eines theoriegestützten Einteilungskriteriums. Aber natürlich darf ein theoriegestütztes Einteilungskriterium nicht *auf Kosten* der diagnostischen Effizienz gehen, sonst wäre es dem Vorwurf der *Willkürlichkeit* ausgesetzt und würde die subjektive Ambiguität von Klassifikationen statt durch Sachgründe lediglich durch dogmatische Willkür reduzieren (Beispiele s. unten).

Betrachten wir zuerst die Kernfrage der *Mikrotaxonomie*: was ist eine biologische Art bzw. *Spezies*? Weithin anerkannt ist hier das Konzept der Spezies als *Reproduktionsgemeinschaft*, welches Mayr, einer seiner Hauptproponenten, das 'biologische' Spezieskonzept nannte (Mayr 1982, 273ff). Die wesentliche Grundlage dieses Konzepts ist das Bestehen von *Reproduktionsbarrieren*, welche (auf unterschiedliche

rie zutreffen (zu Konzepttheorien s. Margolis und Laurence 1999).

Weisen)²² die geschlechtliche Fortpflanzung zweier Individuen unterschiedlichen Geschlechts verhindern. Dadurch werden unterschiedliche Arten voneinander abgegrenzt. Durch Entstehung von *Reproduktionsbarrieren* kommt es auch zur evolutionären *Artenaufspaltung* – der Grundmechanismus, auf dem auch die gesamte phylogenetische Klassifikation beruht. Mayr (1942) definiert eine Spezies als eine maximale Menge von Individuen, die aktual oder zumindest *potentiell* wechselseitig reproduktionsfähig und gegenüber anderen Populationen durch Reproduktionsbarrieren isoliert sind. Die Abschwächung auf potentielle Reproduktionsfähigkeit ist nötig, um zu garantieren, dass untereinander reproduktionsfähige aber faktisch separierte Populationen, wie z.B. zwei durch ein Gebirge getrennte artgleiche Schneckenpopulationen, immer noch als gleiche Art angesehen werden können (Ridley 1993, 395). Mayr (1982, 273) führt aus, dass seine Potentialitätsklausel von 1942 unnötig wäre, weil sie schon durch die zweite Bedingung der Reproduktionsbarrieren abgedeckt sei, doch auch der Begriff der Reproduktionsbarriere involviert eine Potentialitätsklausel, denn er bedeutet nichts anderes als "keine potentielle Reproduktion gegenüber anderen Populationen".

Die Alternative bestünde darin, den Speziesbegriff durch die Bedingung der *aktualen* Reproduktion bzw. des aktuellen *Genflusses* einzuschränken. Das aktuelle Genflusskriterium scheint eine interessante Konsequenz zu haben: sämtliche Artvertreter sind diesem Kriterium zufolge ja durch die aktuelle Relation des 'Genflusses' verbunden. Hull (1978) und Ghiselin (1987) haben vorgeschlagen, Spezies ontologisch nicht als eine *Klasse* von Individuen – so wie im merkmalsbasierten Spezieskonzept – sondern als ein einziges, raumzeitlich komplex zusammengesetztes 'Individuum' zu begreifen: als historische Folge von durch Genfluss verbundenen 'ge-

²² So gibt es *präzygotische* Barrieren (keine Paarung), *zygotische* (Embryonaldefekte) und *postzygotische* Barrieren (Unfruchtbarkeit des Bastards). Präzygotische Barrieren können ihrerseits durch *allopatriische* Arttaufspaltung (geographische Isolation), *parapatriische* Arttaufspaltung (Teilüberlappung mit Selektionsnachteil des Heterozygoten) oder *sympatriische* Arttaufspaltung entstanden sein. Näheres s. Dobzhansky (1970); Ridley (1993), 389ff.

wöhnlichen' Individuen. Diese Auffassung wird aufgrund des aktuellen Genflusskriteriums in der Tat plausibel gemacht. Sie folgt daraus jedoch keineswegs zwingend (vgl. Ridley 1993, 403f; Griffith 1999). Denn die Betrachtung einer Menge von kausal interagierenden Individuen einmal als Klasse und das andere Mal als komplexes Individuum schließen sich keineswegs aus. Die Frage ist lediglich, welche Betrachtung angemessener ist.

Nimmt man für Arten das Kriterium des aktuellen Genflusses an, so ist ihre Auffassung als komplexe Individuen plausibel. Doch das Kriterium des aktuellen Genflusses scheint den Einwänden nicht standhalten zu können – nicht nur aufgrund der erwähnten Fälle von artgleichen Populationen, zwischen denen kein Genfluss besteht, sondern aus prinzipiellen Gründen. Mit Genfluss ist ja Genvereinigung in gemeinsamen Nachkommen gemeint. Sämtliche verschiedengeschlechtliche Mitglieder einer Art müssen dem aktuellen Genflusskriterium zufolge daher nicht nur – wie in jedem evolutionären Artbegriff – gemeinsame Vorfahren, sondern auch gemeinsame Nachfahren besitzen. Die Bedingung gemeinsamer Nachfahren ist jedoch aus simplen mathematischen Gründen für eine Art mit konstanter (und nur schwach wachsender) Population unmöglich einlösbar. Denn angenommen in der ersten Generation gibt es $2 \cdot n$ Individuen, darunter n ♀ und n ♂, dann gibt es n^2 mögliche verschiedengeschlechtliche Paare. Wenn alle diese in zumindest *irgendeiner* späteren Generation g gemeinsame Nachfahren (also Enkel g -ten Grades) besitzen, dann müsste es in dieser Generation g n^2 unterschiedliche Nachfahren und somit mindestens n^2 Individuen geben, was der Annahme der Populationskonstanz (bzw. des nur schwachen Wachstums) der Art widerspricht. Damit ist das aktuelle Genflusskriterium zusammengebrochen, und mögliche Aufweichungen gehen unvermeidlich in die Richtung potentieller Reproduzierbarkeit.

Potentielle Reproduktionsfähigkeit ist das adäquatere Artkriterium. Doch das Kriterium ist *vage* und erlaubt *graduelle* Übergänge. Welche Hilfsmittel sind für die Möglichkeit von Reproduktion erlaubt? Beispielsweise kann sich ein Dackel mit einem irischen Wolfshund wegen des Größenunterschieds nicht paaren, es sei denn, der

Mensch greift helfend ein. Doch mit menschlicher Hilfe, nämlich Chemikalien, kann man auch unterschiedliche Pflanzenspezies miteinander hybridisieren, und wenn man auch diese Hilfsmittel zulässt, würde der Speziesbegriff in der Botanik unbrauchbar (Ridley 1993, 372). Man könnte vorschlagen, nur Reproduktion unter 'natürlichen' Bedingungen zuzulassen, doch abgesehen von der Dehnbarkeit dieses Begriffs wären dann Tierspezies, deren Vertreter nur mehr in Zoos leben oder künstlich befruchtet werden, keine Spezies mehr. Davon abgesehen wird von einer Speziesdefinition erwartet, auch unter phenetischen Gesichtspunkten akzeptabel zu sein, also diagnostisch effizient zu sein und morphologische Ähnlichkeiten wiederzugeben (Ridley 1993, 388). Biologische Taxonomen sträuben sich daher, morphologisch sehr unterschiedliche Varietäten als 'gleiche Spezies' zu definieren. Beispielsweise gelten Wölfe, Hunde und Kojoten als verschiedene Arten, obwohl sie sich kreuzen können und ihre Nachkommen meist fruchtbar sind (Dennett 1997, 56).

Zusammenfassend bleibt es also bei der Darwinschen Diagnose (Kap. 1.5), dass kein Speziesbegriff alle Ansprüche befriedigt und selbst der beste (nämlich biologische) Speziesbegriff Vagheiten und Ausnahmen zulassen muss. Solche Ausnahmen treten weit häufiger bei pflanzlichen als bei tierischen Organismen auf. Die Frage, in welchem Grad der Mayrsche Speziesbegriff auf die gebräuchlichen Spezies gängiger biologischer Taxonomien zutrifft, wurde von Grant (1957) für 11 Genera von kalifornischen Pflanzen untersucht. Nur weniger als die Hälfte davon waren gute Mayr-Spezies, d.h. konnten weder miteinander verwechselt noch miteinander gekreuzt werden (Mayr 1982, 280f). Andererseits ergab eine Untersuchung von Mayr und Short (1970) bei 607 Vogelarten nur 46 schlechte Mayr-Spezies.

Konflikte zwischen phenetischer und phylogenetischer Klassifikation treten verstärkt dann auf, wenn wir die Frage der *diachronen* Identität von Arten in der Zeit betrachten, und insbesondere dann, wenn es um die Klassifikation der *höheren* Taxa (Gattungen, Ordnungen, etc.) geht. Es gibt zwei Arten von Ausnahmen von der Konvergenz zwischen Phenetik und Phylogenie. Zum einen sind dies die in Kap. 3.4 näher erläuterten Merkmalsanalogien zwischen unterschiedlichen Arten, die nicht auf

gemeinsamer Abstammung, sondern nur auf gleichartiger Umgebung beruhen, wie die Analogie zwischen der Flosse eines Haifisches und eines Wales. Zum anderen gibt es auch Merkmalsveränderungen innerhalb einer Stammart ohne Artaufspaltung (Ridley 1993, 400, Fig. 15.5). Aus diesem Grund ist selbst innerhalb der phylogenetischen Klassifikationsmethode die 'richtige' Klassifikation teilweise unbestimmt – vielmehr gibt es hier zwei unterschiedliche Auffassungen: während der auf Hennig (1950) zurückgehende *Cladismus* ausschließlich Abstammungsrelationen zur Klassifikation heranzieht, welche durch Artaufspaltungen definiert sind, zieht die vorwiegend auf Mayr (1969; s. auch 1982, 233ff) und Dobzhansky (1970) zurückgehende *evolutionäre Klassifikation* auch evolutionär bedingte Merkmalsbeziehungen heran, die nicht mit Artaufspaltungen einhergehen, und ist insofern als Kompromiss zwischen rein merkmalsbasierter und rein abstammungsbasierter Klassifikation anzusehen. Die Hauptparadigmen biologischer Klassifikation lassen sich daher so einteilen:

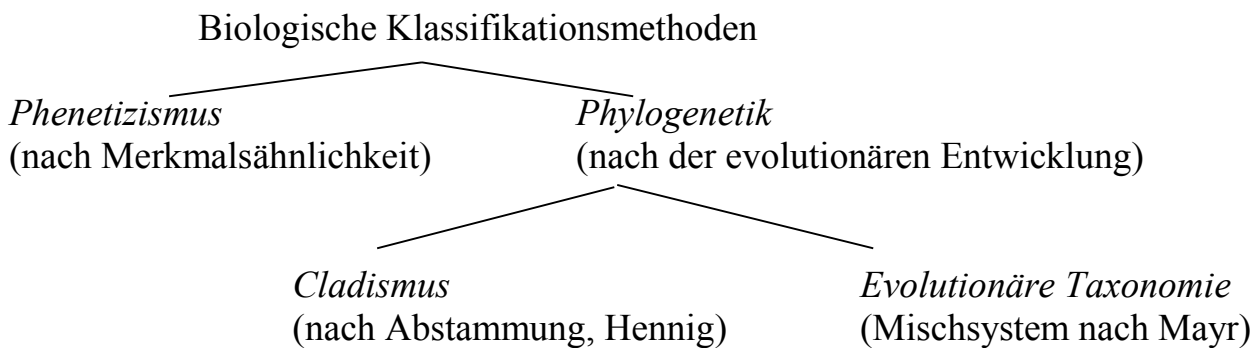


Abb. 2-11: Paradigmen biologischer Klassifikation.

Da der reine Phenetizismus überholt ist, geht es uns hier lediglich um den Unterschied zwischen der cladistischen und der evolutionären Taxonomie. Rekapitulieren wir zunächst die Grundelemente eines Abstammungsbaumes: er besteht aus Knoten und nach oben binär verzweigten gerichteten Kanten; die Richtung von unten nach oben entspricht der Zeitachse. Knoten entsprechen Artaufspaltungen; der unterste Knoten ('Wurzel') bezeichnet die erste Lebensform; die Endknoten ('Blätter') entsprechen entweder ausgestorbenen Spezies oder, wenn sie bis in die Gegenwartszeit reichen, gegenwärtig lebenden Spezies. Unter einer (vollständigen) *Stammlinie* versteht

man einen Kantenzug vom Wurzelknoten bis zu einem Endknoten. Betrachten wir nun das Problem der diachronen Identität einer Art in evolutionärer Zeit. Wo sollte man, im Verlaufe einer Stammlinie, den Schnitt ziehen und von einer neuen Art sprechen? Für den Cladismus sind hierbei nur die Artaufspaltungsereignisse bzw. Knoten des Baumes relevant: er definiert die diachrone Art als eine Kante zwischen zwei Knoten (s. Ridley 1993, 401). Für die evolutionäre Taxonomie ist jedoch zusätzlich ausschlaggebend, wie stark die Merkmalsveränderung innerhalb einer Stammlinie bzw. Folge von Kanten war.

In der evolutionären Taxonomie wird der Grad der Merkmalsunterschiedlichkeit im Abstammungsbaum durch den horizontalen Abstand und die Zeitdauer durch den vertikalen Abstand dargestellt (s. Abb. 2-12), während für cladistische Bäume diese Abstandsinformation keine Rolle spielt, und nur die Graphenstruktur zählt. Abb. 2-12(a) zeigt den Fall einer Artaufspaltung, bei der sich die Tochterarten von der Mutterart klar unterscheiden – hier stimmen cladistische und evolutionäre Klassifikation überein und postulieren eine ausgestorbene und zwei rezente Spezies. In Abb. 2-12 (b) und (c) zweigt sich dagegen eine Tochtterspezies von einer Stammspezies ab, ohne dass sich dabei die Stammspezies ändert. Während der Cladismus die Stammspezies hier ebenfalls in zwei Spezies unterteilt, eine ausgestorbene vor dem Knoten und eine rezente, nimmt die evolutionäre Taxonomie nur eine Stammspezies an. Dieser wichtige Fall taucht auch bei höheren Taxa auf. Beispielsweise haben sich von den Reptilien die Vögel abgezweigt, ohne dass deshalb die Reptilien vor und nach der Vogelabzweigung deutlich unterschieden sind. Während der Cladismus deshalb zwei (oder mehrere) Klassen von Reptilien annehmen muss, kann die evolutionäre Taxonomie weiterhin von einer einheitlichen Reptilienklasse sprechen, was diagnostisch effizienter und intuitiv plausibler ist (s. Abb. 2-14 unten). Abb. 2-12 (d) und (e) beinhalten schließlich den Fall einer Spezies, die sich ohne Aufspaltung (z.B. aufgrund Umgebungsveränderung) stark verändert hat: während der Cladismus hier nur eine Spezies postuliert, kann die evolutionäre Taxonomie zwei annehmen.

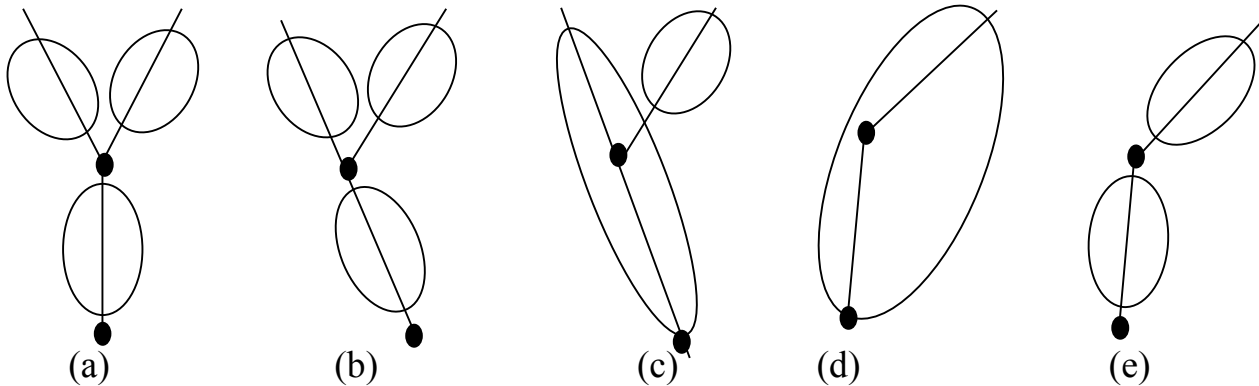


Abb. 2-12: Cladistische und evolutionäre Taxonomie im Vergleich (● = Aufspaltung oder Mutation, Ellipsen = Spezies). (a) Stammart zweigt sich in zwei Tochterarten auf; beide Taxonomien stimmen überein. (b) Von unveränderter Stammart zweigt sich eine Art ab – cladistische Klassifikation. (c) Evolutionäre Klassifikation im Fall (b). (d) Eine Art ändert sich sprunghaft – cladistische Klassifikation. (e) Evolutionäre Klassifikation im Fall (d). – Dieselben Unterschiede treten bei der Klassifikation höherer Taxa auf.

Cladisten kritisieren an der phenetischen evolutionären Klassifikationsmethode den subjektiven Faktor und heben an der Cladistik deren größere 'Objektivität' hervor (vgl. Ridley 1993, 375, 401). Dabei wird zweierlei übersehen. Erstens ist wie erläutert auch der Prozess der Artaufspaltung, auf dem die Cladistik beruht, kein scharfes, sondern ein graduelles Phänomen, welches subjektiven Entscheidungen Raum gibt. Zweitens wird die größere Eindeutigkeit der cladistischen 'Objektivität' teilweise durch Willkürlichkeit oder Ignoranz erkauft – und dies ist ebenfalls keine echte Objektivität. Im Fall von Abb. 2-12 (b) ist es Willkür, eine Art (oder Gattung, etc.) in zwei aufzutrennen, bloß weil sich von ihr eine andere Art, etwa durch Auswanderung auf eine Insel, abgespalten hat; und in Abb. 2-12 (d) ist es Ignoranz, trotz starker Merkmalsveränderung immer noch von einer Art (oder Gattung etc.) zu sprechen. Dies ist auch der Hauptkritikpunkt von Mayr (1982, 229-233) an der Cladistik.

Noch mehr Uneindeutigkeiten treten bei der Einteilung in höhere biologischer Kategorien bzw. Taxa auf. Der Cladismus identifiziert höhere Taxa mit den vollständigen *Teilbäumen* des gesamten Abstammungsbaums. Jeder Knoten, der kein Endknoten ist, definiert einen Teilbaum und damit ein höheres cladistisches Taxon, welches

sämtliche Nachfolgerknoten des Wurzelknotens des Teilbaumes enthält. Da sich die Teilbäume ineinander verschachteln, erhält man damit eine hierarchische Klassifikation. Eine cladistische Kategorie nennt man auch *monophyletisch*, weil sie sämtliche Nachfolgespezies einer Stammspezies enthält. Dies ist in Abb. 2-13 am Stammbaum der Reptilien und Vögel dargestellt (die Schildkröten wurden einfachheitshalber ausgelassen). Cladistisch legitime monophyletische Kategorien (bzw. Taxa) sind – abgesehen von den Einzelspezies und der Gesamtgruppe – nur die beiden in Abb. 2-13 (a) eingezeichneten Taxa, die in Abb. 2-14 unten 'Krögel' und 'Schleichen' genannt sind. Die Klassifikation in Abb. 2-13(b), die der gängigen biologischen Klassifikation nahekommt, ist eine sogenannte *Paraphylie* – hier wird aus einer monophyletischen Gruppe ein Zweig weggelassen. Die Klassifikation in Abb. 2-13(c), worin ähnliche Spezies aus unterschiedlichen Stammlinien vereint werden, heißt schließlich *Polyphylye* (s. Ridley 1993, 367f). Sowohl Paraphylie wie Polyphylye sind cladistisch inkorrekt; Paraphylien werden jedoch von der evolutionären Taxonomie zugelassen, während Polyphylien nur in rein phenetischen Klassifikationen vorkommen.

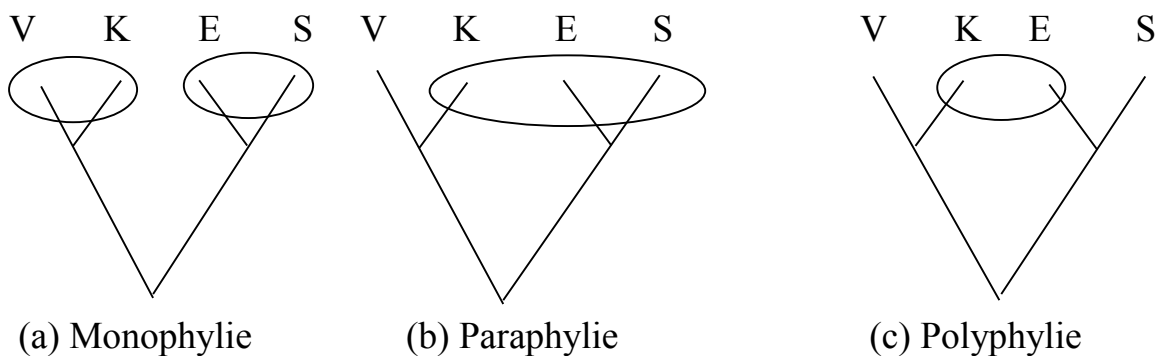


Abb. 2-13: *Monophylie, Paraphylie und Polyphylye*. V = Vögel, K = Krokodile, E = Eidechsen und S = Schlangen. Nur die Klassifikation (a) ist cladistisch korrekt; (b) entspricht der evolutionären Taxonomie; (c) einer reinen Phenetik.

In Bezug auf höhere Taxa hat der Cladismus zwei Hauptprobleme: erstens liefert er zu viele biologische Taxa, und zweitens liefert er merkmalsbezogen oft gegenintuitive Taxa (ibid. 369). Beispielsweise ist dem Cladismus zufolge die Kuh dem Lungenfisch verwandter als der Lungenfisch dem Lachsfisch. Eine cladistische Grobklassifi-

kation der Wirbeltiere zeigt Abb. 2-14, im Vergleich zur üblichen Klassifikation in Abb. 2-15. Die Taxonbezeichnungen sind (korrekterweise) neben den Kanten (und nicht an den Knoten) angeführt; einige höhere Taxa sind (fett) an Knoten angeschrieben und umfassen den gesamten von diesem Knoten ausgehenden Teilbaum. Die cladistische Klassifikation weicht von der herkömmlichen stark ab. Weder Knochenfische noch Reptilien noch Vögel sind eine monophyletische Kategorie. Dafür treten diagnostisch ineffiziente monophyletische Klassen wie die der "Krögel" auf. Das Beispiel zeigt deutlich, wie der Cladismus seine theoretische Eindeutigkeit durch ein gewisses Maß an Willkürlichkeit und Unplausibilität erzwingt. Die evolutionäre Ta-

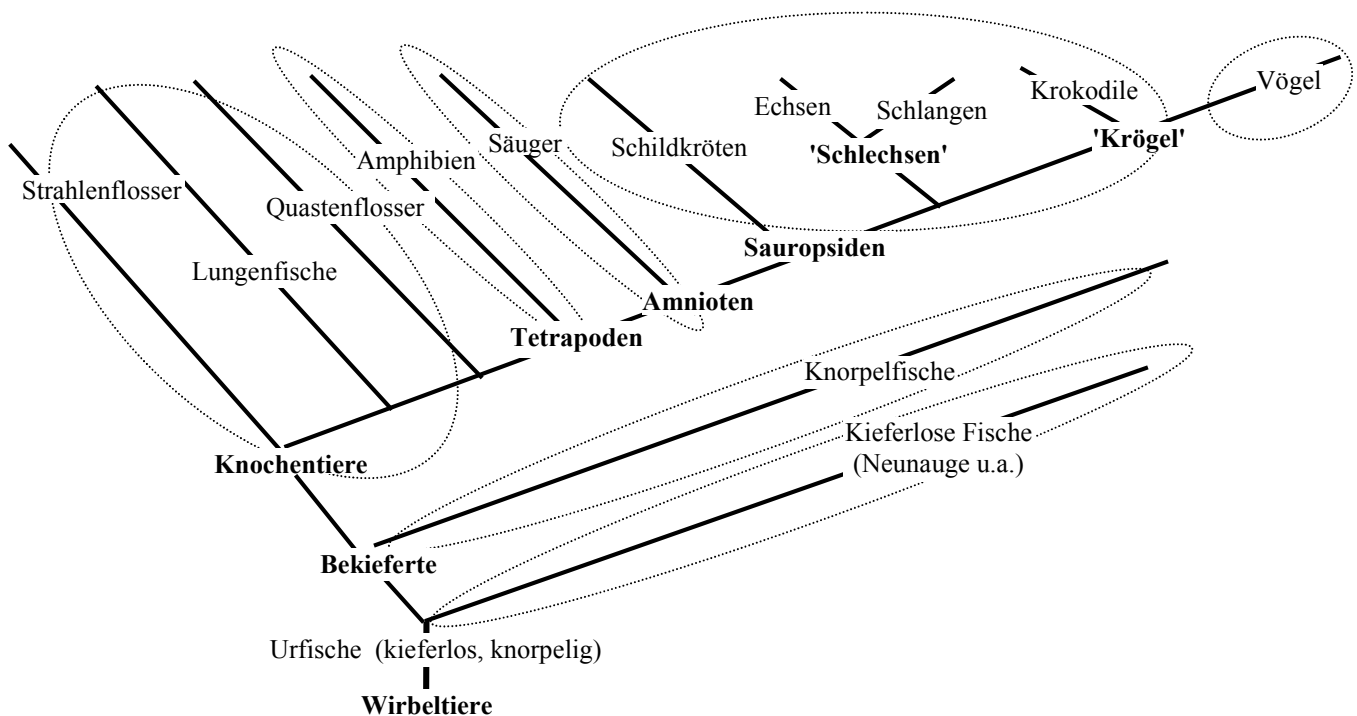


Abb. 2-14: Cladistische Grobklassifikation der Wirbeltiere. Die gestrichelten Kreise entsprechen den herkömmlichen Wirbeltierklassen.

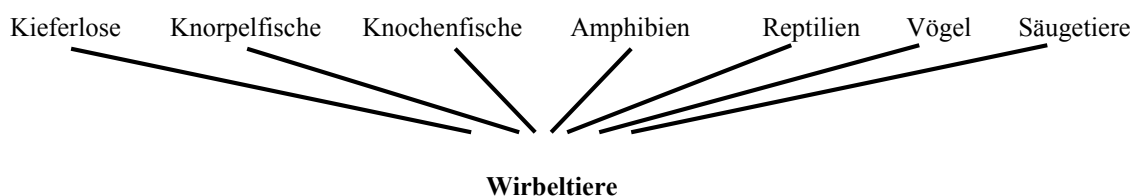


Abb. 2-15: Gängige Grobklassifikation der Wirbeltiere.

xonomie könnte dagegen die herkömmlichen Klassen mit dem Abstammungsbaum wie in Abb. 2-14 eingezeichnet kombinieren, da sie paraphyletische Taxa zulässt, wenn dies sinnvoll erscheint.

Insgesamt hat sich in diesem Abschnitt Darwins Diagnose bestätigt, dass der subjektive Faktor in der Kategorisierung des Evolvierenden unvermeidbar ist. Er besteht in der Notwendigkeit, in graduelle Übergänge plausible Schnitte zu ziehen, und ihm wird wohl am besten in einer pluralistischen Taxonomie Rechnung getragen.

3. Was man strengen Kreationisten entgegenhält: Evidenzen für die Evolution

Was sagen Sie einem Kreationisten, wenn sie ihn von der Wahrheit der biologischen Evolutionstheorie überzeugen wollen? Darauf werden wir in den nächsten drei Großkapiteln eine Antwort zu geben versuchen. In diesem Kapitel wenden wir uns dem strengen, mehr oder weniger bibeltreuen Kreationisten zu, welcher die Existenz der biologischen Evolution und deren Details (z.B. Altersangaben) anzweifelt. Im nächsten Abschnitt werden wir uns dann dem liberalen Kreationisten widmen, der unter Berufung auf das Design-Argument einen Schöpfergott postuliert, ohne die Details der Evolutionsgeschichte in Frage zu stellen. In den folgenden Unterabschnitten arbeiten wir uns von sehr speziellen zu immer allgemeineren Belegen für die Evolutionstheorie vor.

3.1 Direkter empirischer und praktischer Nachweis der evolutionären Selektion

So mancher Anti-Evolutionist hat behauptet, *natürliche Selektion* sei nur 'graue Theorie', da sie noch niemals beobachtet worden sei. In der Tat trifft dies in vielen Bereichen zu, aber nur deshalb, weil die natürliche Selektion hier Jahrtausende braucht und man jahrtausendlang Beobachtungen anstellen müsste, obwohl es die moderne Wissenschaft erst ein paar Jahrhunderte gibt. Doch es gibt auch Bereiche, wo sich die na-

türliche Selektion bereits nach Jahren oder wenigen Jahrzehnten bemerkbar macht, und hier konnte natürliche Selektion tatsächlich beobachten werden. So wurde im 19. Jahrhundert in England bei gewissen Mottenfaltern eine Zunahme von Schwarzflügeligkeit (Melanismus) festgestellt, die umso stärker war, je mehr die Luft durch Industrieabgase, speziell Staub und Kohle, verunreinigt war (s. Ridley 1993, 36f, 95ff). Von 1848 bis 1898, also in 50 Generationen, stieg die Melanismushäufigkeit nahe bei Manchester von weit unter einem Promille auf etwa 80% an. Es gelang Kettlewell (1973) sogar, den Selektionsvorteil dunkelflügeliger Falter in verschmutzter Luft experimentell zu reproduzieren und den experimentell ermittelten Selektionskoeffizienten mit dem (mithilfe der populationsdynamischen Gleichungen) theoretisch ermittelten Selektionskoeffizienten zu vergleichen (dazu auch Kap. 12.4.1): die Übereinstimmung war zwar nur mäßig, stellte aber angesichts der vielen unberücksichtigten Störfaktoren dennoch eine beeindruckende qualitative Bestätigung der Hypothese der natürlichen Selektion dar. Zudem wurde in jüngerer Zeit beobachtet, dass die Melanismushäufigkeit nach 1940 wieder zurückging, parallel zu Luftverbesserungen durch Umweltschutzbestimmungen (ibid. 38).

Mutation und Selektion können nicht nur in ausgesuchten Szenarien beobachtet werden, sondern auch experimentell bzw. durch praktischen Eingriff erzeugt werden. Das Beispiel par excellence hierfür ist die Züchtung bzw. *künstliche* Selektion. Züchtung von ausgesuchten Pflanzensorten und Tiersorten wird von den Menschen seit vielen tausend Jahren betrieben. Anhand der Züchtung beispielsweise von Getreide aus Gräsern, von Rindern aus Auerochsen oder Hunden aus Wölfen (usw.) ist der Mechanismus der Selektion deutlich nachvollziehbar. Wie in Kap. 1.5 erläutert schreiten die Züchtungsfortschritte aufgrund der rigiden Selektion des Menschen mit einem um ein Vielfaches höheren Tempo voran als die natürliche Selektion (die Einheit der Evolutionsrate wird übrigens in 'darwin' gemessen; s. Ridley 1993, 505).

Man hat gegen das Züchtungsargument eingewandt, dass bislang nur neue Rassen, aber keine neue Spezies gezüchtet wurden. Doch dieses Argument ist angreifbar. Erstens ist die völlige reproduktive Trennung von Spezies eine Frage der Zeit, und

10.000 Jahre Züchtungsgeschichte sind evolutionär keine sehr lange Zeit. Zweitens gibt es in der Tat etliche Zuchtrassen, die sich wechselseitig oder mit ihren natürlichen Varianten nicht mehr kreuzen können, z.B. Zwergpinscher mit Bernhardinern oder Wölfen, sodass man gemäß dem Reproduktionskriterium hier eigentlich schon von verschiedene Spezies sprechen müsste (s. auch Kap. 2.5). Drittens schließlich ist im Falle von Pflanzenspezies heutzutage auch eine direkte gentechnische Erzeugung neuer Spezies möglich. So können Kreuzungen von verschiedenen Pflanzenspezies, die zunächst unfruchtbar sind, durch chemische Substanzen wieder fruchtbar gemacht werden, welche eine Verdoppelung (Polyploidisierung) ihres Chromosomensatzes bewirken (Ridley 1993, 42f). Eine Reihe neuer Gartenblumen wurde auf diese Weise produziert. Mittlerweile wurden auch bei Tieren einfache gentechnische Experimente angestellt (z.B. gentechnisch veränderte Katzen, die nachts im ultravioletten Licht leuchten; vgl. www.focus.de/wissen/wissenschaft/tid-8609/).

3.2 Biogeographie: evolutionäre Erklärung geographischer Variation

Wir haben biogeographische Evidenzen für die Evolution bereits in Kap. 1.5 anhand von Darwins 'Galapagos-Finken' kennengelernt, die eigentlich Spottdrosseln waren. Die echten Finkenspezies der Galapagos Inseln wurden seit 1973 von Grant und anderen Biologen im Detail untersucht (Ridley 1993, 211-214; Linder-Biologie 1992, 75). Aus ihren charakteristischen Merkmalsdifferenzen (Schnabelgrößen, Lebensraum) lässt sich eine Serie von sukzessiven Abwandlungen konstruieren, die auf die vermutliche Ausbreitung der vom Festland eingewanderten Finken von Insel zu Insel schließen lässt. Dabei konstruiert man hypothetische Zwischenformen und vermutet jene Form, welche der Außengruppe (outgroup) im Einwanderungsland am ähnlichsten ist, als ursprünglich eingewanderte Spezies, die den gemeinsamen Vorfahren aller Inselformen bildet. Carson (1983) wendete diese Methode auf genetische Ähnlichkeitsreihen von 103 Spezies hawaiianischer Fruchtfliegen an (Ridley 1993, 458-460).

In Kap. 2.4 wurden die Zusammenhänge von geographischer Speziesverteilung

und Kontinentalverschiebung angesprochen. Freilich gelten diese nur grob und werden durch diverse weitere Effekte überlagert; dennoch ergeben biogeographische Methoden beeindruckende qualitative Resultate. Gemäß einer auf Brundin zurückgehenden Methode kann man für die gegenwärtigen Kontinente aufgrund der Ähnlichkeit der auf ihnen lebenden Spezies einen Abstammungsbaum erstellen, der ihre vermutliche Aufspaltungsgeschichte von einem gemeinsamen Urkontinent (Pangäa) darstellt. Brundin gelangte aufgrund seiner Ähnlichkeitsanalyse antarktischer Mücken zum Ergebnis, dass sich Afrika vom Urkontinent zuerst abgespalten hat, während Australien mit Südamerika noch verbunden war. Diesen Befund bestätigte auch Patterson, der anhand seiner Ähnlichkeitsanalyse von fossilen und lebenden Beuteltieren für nichtafrikanische Kontinente das geographische Kladogramm in Abb. 3-1 erstellte (s. Ridley 1993, 489, 492). Nordamerika und Europa sind einander enger speziesverwandt und haben sich daher erst später voneinander abgespalten als beispielsweise Nordamerika von Südamerika, oder Südamerika von Australien und Neu-Guinea. Die geographische Verteilung anderer Spezies ergeben ein ähnliches Kladogramm. Es stimmt auffallend gut mit der (unabhängig festgestellten) tatsächlichen Geschichte der Kontinentalverschiebung überein. Auffallend ist jedoch, dass (für eine Reihe von Spezies) zu Nordamerika zwei Äste führen, einer von Europa und der andere von

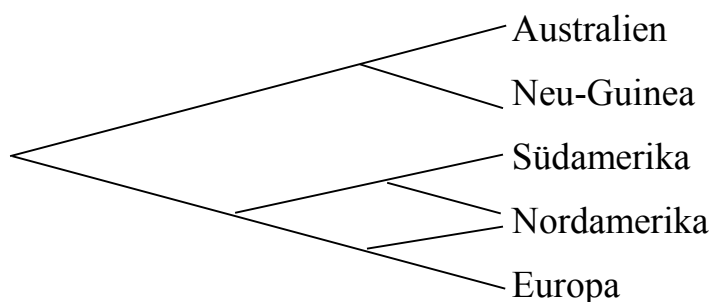


Abb. 3-1: Geographisches Kladogramm anhand fossiler Beuteltiere.

Südamerika her kommend. Dies erklärt sich dadurch, dass urgeschichtlich zwar Europa und Nordamerika vom gemeinsamen Urkontinent Laurasien abstammen (und nicht von Gondwanaland, dem Südamerika zugehörte), jedoch vor ca. 3-4 Millionen

Jahren sich die Landbrücke zwischen Südamerika und Nordamerika ausbildete, sodass seit damals eine Reihe von zuvor rein gondwanaländischen Arten wie z.B. Gürteltier, Faultier und Ameisenbär nach Nordamerika einwandern konnte.

Eine eindrucksvolle biogeographische Evidenz für den Übergang von Rassen zu Artenbildung durch kontinuierliche Variation und reproduktive Isolierung sind sogenannte *Ringspezies* (Ridley 1993, 40-2). So gibt es in Großbritannien zwei Möwenpezies, die sich nicht kreuzen, nämlich die britische Silbermöwe und die etwas kleinere und schwarrückige britische Heringsmöwe (s. Abb. 3-2). Nun gibt es eine kontinuierliche Variation beider Möwenarten einmal links herum um die nördliche Erdhalbkugel (über die Amerikanische Silbermöwe) und einmal rechts herum (über die Skandinavische Heringsmöwe), wobei sich beide Reihen auf der anderen Seite der

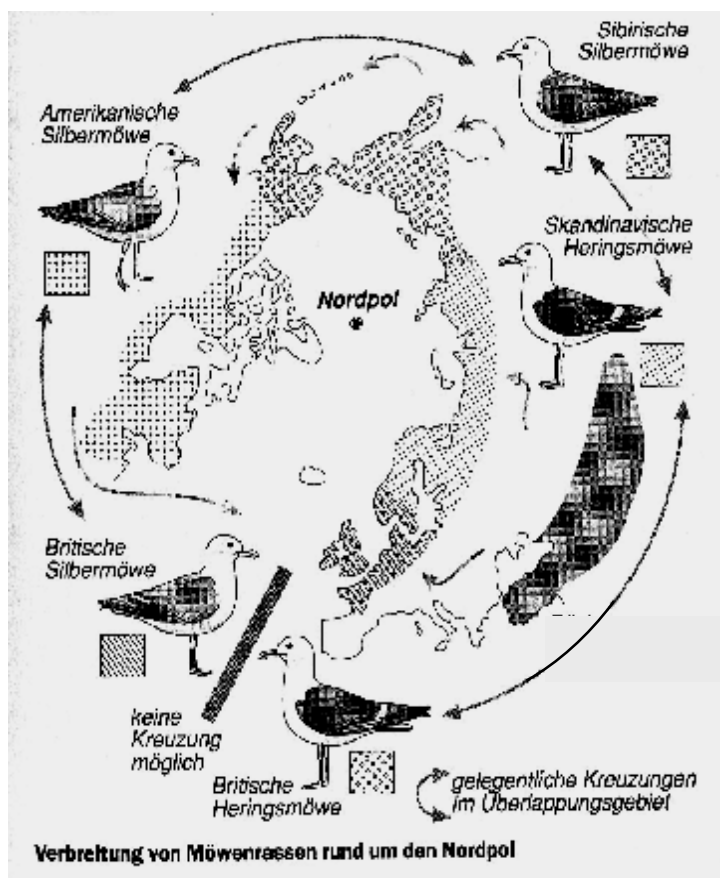


Abb. 3-2: *Ringspezies*: Verbreitung von Möwenrassen um den Nordpol. (Verändert nach Kleesattel 2002, 51). Balken = Kreuzungsbarriere: Genfluss zwischen britischer Silbermöwe und Heringsmöwe ist nur indirekt rund um den Rassenkreis möglich.

nördlichen Erdhalbkugel bei der Sibirischen Silbermöwe treffen. Die plausible Erklärung hierfür ist die evolutionäre Abstammung der Möwenspezies von einer Ausgangsspezies (während der Eiszeit in Südwestasien lokalisiert), welche sich nach und nach über die nördliche Erdhalbkugel ausbreitete und adaptierte; die eine Ausbreitungsrichtung über die sibirische und amerikanische bis zur britischen Silbermöwe, die andere über die skandinavische bis zur britischen Heringsmöwe, bis sich die beiden Variationsreihen wieder in Europa trafen, dort aber schon so verschieden sind, dass sie sich dort nicht mehr kreuzen. Da sich aber alle anderen benachbarten Möwenrassen noch kreuzen, liegt dennoch ein indirekter Genfluss zwischen den beiden großbritannischen Spezies vor, und zwar um die ganze Erdkugel herum. Britische Silbermöwe und Heringsmöwe befinden sich somit genau im Übergang von Rassen- zu Speziesbildung. Neuere Untersuchungen (z.B. Liebers et al. 2004) haben übrigens gezeigt, dass das Möwenbeispiel eine noch kompliziertere Struktur als die einer Ringspezies besitzt; ein anderes Beispiel einer Ringspezies sind die Vogelspezies der Grünlaubsänger, die einen Ring um das Himalaya-Gebirge bilden (s. auch de.wikipedia.org/wiki/Ringspezies).

3.3 Unabhängige Methoden der Altersbestimmung

3.3.1 Fossilfunde, Serien und Lücken. Die bloße Existenz der Fossilien ausgestorbener Spezies ist per se noch kein Beleg für evolutionäre Abstammung. Wohl aber, dass sich diese in Form von baumartig verzweigten Ähnlichkeitsreihen anordnen lassen, deren Reihenfolge mit unabhängigen Altersbestimmungen (im einfachsten Fall der Anordnung von Sedimentschichten) übereinstimmt und in den gegenwärtigen Spezies endet. Schon für Darwin war dies eine zentrale Stütze seiner Evolutionstheorie (siehe Darwins Begründungsschritte in Kap. 1.5).

Gegen diese empirische Stützung der Evolutionstheorie wurde eingewandt, dass die Ähnlichkeitsreihen bekannter Fossilfunde große Lücken aufweisen, in denen Zwischenglieder fehlen (Ridley 1993, 511f). Hierzu sind drei Dinge anzumerken. *Erstens*

wird (wie dieses Kapitel zeigt) die Evolutionstheorie keineswegs nur durch Fossilfunde gestützt – obwohl diese freilich am augenfälligsten sind. *Zweitens* sind viele Lücken der Fossilfunde in den letzten Dekaden beeindruckend geschlossen worden. Ein Beispiel sind die Fossilfunde von Sedgwick in Wales im Jahr 1823: sämtliche Gesteinschichten bis zur untersten Schicht vor 500-490 Millionen Jahren enthielten fossilisierte mehrzellige Meerestiere (wie z.B. Trilobiten), während man darunter überhaupt keine Tiere mehr fand. Dies führte zum Begriff 'kambrische Explosion', und Sedgwick erklärte den Befund durch einen Akt der *Kreation* der mehrzelligen Tiere (Ward und Brownlee 2000, 128-30). Wesentlich später wurden dann auch in den unter dem Kambrium liegenden Schichten mehrzellige Meerestiere gefunden, aber sie waren ca. 1000 mal kleiner, nicht mehrere Millimeter, sondern Mikrometer, und mit den damaligen Methoden nicht entdeckbar. Auch heute werden immer wieder neue Fossilien gefunden, und ein einzelner solcher Fund bedeutet oftmals eine kleine 'Revolution' in der Paläontologie.

Drittens muss man sich vor Augen halten, dass die Fossilisierung eines Tieres an sich ein sehr unwahrscheinlicher (und bei Pflanzen noch unwahrscheinlicherer) Vorgang ist, sodass große Lücken in den Fossilfunden keineswegs verwunderlich, sondern im Gegenteil zu erwarten sind. Alle organischen Teile eines gestorbenen Tieres (oder einer Pflanze) werden normalerweise chemisch zersetzt oder von anderen Tieren verzehrt – nur in extrem seltenen Fällen bleibt von einem Tier mehr als das Skelett erhalten; z.B. wenn es aus ewigem Eis geborgen wird. Aber auch das Skelett von Tieren wird im Regelfall entweder zerbrochen und verzehrt, oder von Steinen, Wind oder Wasser zermalmt und erodiert. Nur wenn das Skelett durch eine dichte Erdschicht von Sauerstoff dauerhaft abgeschlossen wird (z.B. unterhalb eines Meeres oder Sees), hat es eine realistische Chance, zu fossilieren. Dabei darf, bevor der Versteinungsprozess abgeschlossen ist, das Skelett nicht wieder durch Wasser freigewaschen oder durch geologische Verschiebungen zermalmt werden, etc. (Ridley 1993, 623). Davon abgesehen sind auch Sedimentschichten unvollständig; sie können teilweise oder gänzlich von Wind, Wasser oder Eis vernichtet bzw. wegtransportiert

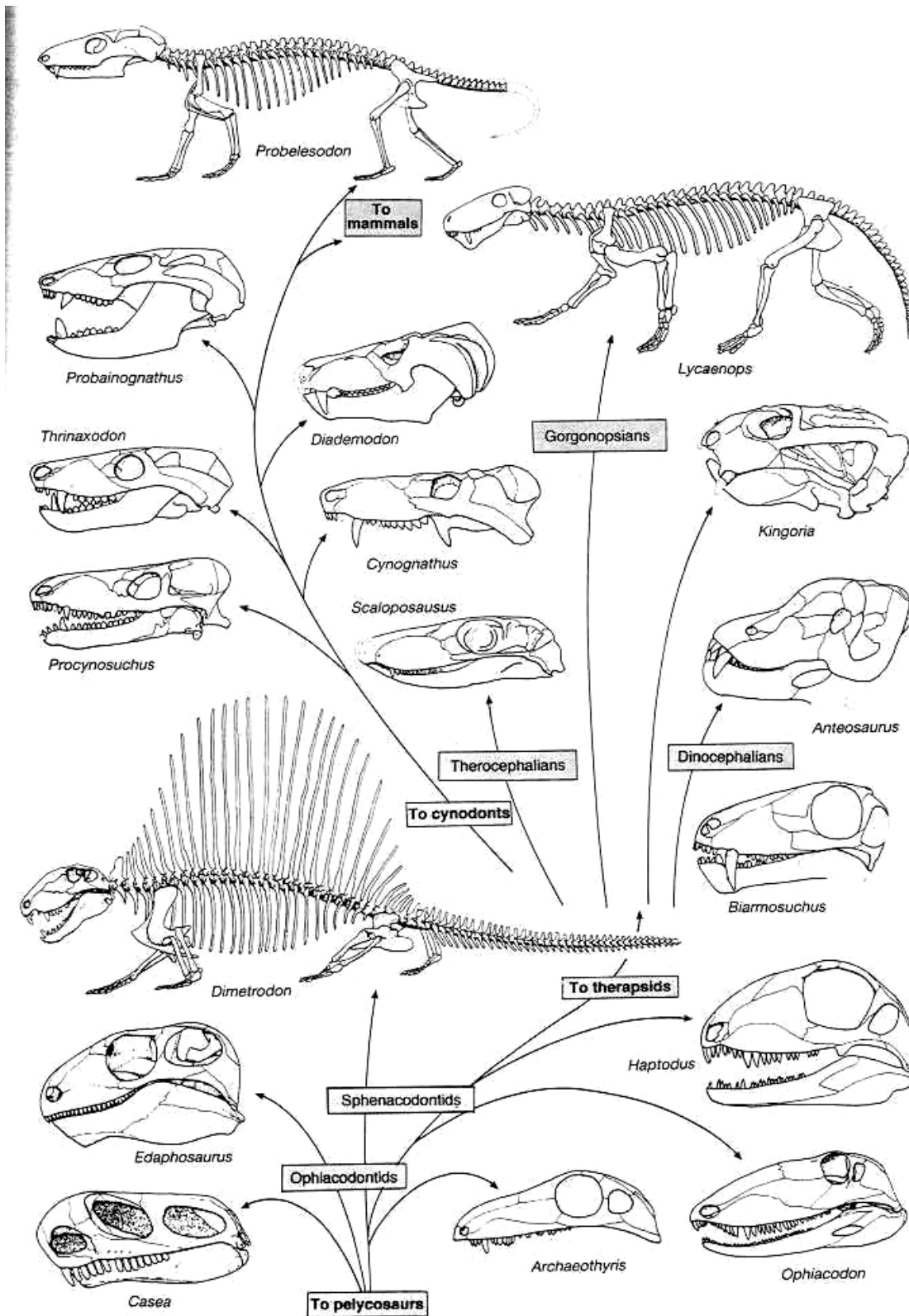


Abb. 3-3: Evolution säugetierähnlicher Reptilien. Verändert nach Kemp 1982 (s. auch Ridley 1993, 535).

worden sein (ibid. 630). Trotz dieser Beschränkungen sind mittlerweile für eine Rei-

he von Evolutionsabschnitten entsprechende Reihen fossiler Spezies bekannt, welche in Form von zahlreichen Zwischengliedern kontinuierliche evolutionäre Formenreihen erkennen lassen. Ein Beispiel dazu liefern die in Abb. 3-3 dargestellten fossilen Skelette, welche die kontinuierliche Evolution von Säugetieren aus Reptilien belegen.

3.3.2 Altersbestimmung durch radioaktive Isotopen. Fossilfunde sind nur dann ein brauchbarer Beleg für die Evolution, wenn es unabhängige Methoden ihrer Altersbestimmung gibt. Denn theoretisch hätten ja auch alle jetzigen fossilisierten Spezies einstmals zugleich kreiert werden können. Wie in Kap. 1.4 ausgeführt, hatte man schon im 19. Jahrhundert Altersschätzungen aufgrund der Anzahl übereinander liegender Sedimentschichten vorgenommen, doch waren diese Schätzungen sehr unverlässig. Zumindest war durch die Sedimentschichtung eine historische Reihung der Fossilfunde möglich. Die Situation änderte sich, nachdem in der Mitte des 20. Jahrhunderts die radioaktiven Isotopenmethoden der absoluten Altersbestimmung entwickelt wurden. Isotopen sind Formen chemischer Elemente, welche dieselbe Anzahl von Elektronen und Protonen und somit dieselben chemischen Eigenschaften besitzen, sich jedoch in der Anzahl ihrer Neutronen unterscheiden. So gut wie jedes chemische Element tritt neben seiner Hauptisotopenform in geringerem Anteil in anderen Isotopenformen auf. Diese haben dieselbe Anzahl von Elektronen und Protonen und somit dieselben chemischen Eigenschaften wie die Hauptform, besitzen jedoch mehr Neutronen im Atomkern und sind meistens atomar instabil, d.h. die Atomkerne dieser Isotopen zerfallen mit der Zeit in kleinere Atomkerne. Die zeitlichen Zerfallsraten folgen dem Gesetz des exponentiellen Zerfalls, ausgedrückt durch die sogenannte Halbwertszeit, d.h. die Zeit, nach der die Hälfte einer beliebigen Menge des Isotops zerfallen ist. Am gegenwärtigen Prozentsatz eines Isotops kann man daher den Prozentsatz des seit der Bildung des entsprechenden Elements zerfallenen Isotops und damit die seit damals vergangene Zeit bestimmen, wenn man den Anfangsanteil des Isotops kennt, was auf viele Isotope zutrifft.

Bekannt ist die C^{14} -Methode zur Altersbestimmung organischen Materials ('C' für

'Kohlenstoff'). Kohlenstoff kommt in der Natur in der stabilen Hauptform C^{12} vor (12 Kernteilchen: 6 Protonen und 6 Neutronen). Es gibt aber auch (neben dem stabilen C^{13}) das instabile Isotop C^{14} , welches mit einer Halbwertszeit von 5.730 Jahren in N^{14} zerfällt ('N' für 'Stickstoff'). Nun wird in der Atmosphäre der C^{14} -Anteil im Kohlendioxid durch kosmische (energiereiche) Strahlung ständig regeneriert und auf einem geringen Gleichgewichtsanteil (von ca. 10^{-12}) gehalten. Solange ein Lebewesen lebt und damit Kohlenstoff aufnimmt (bei Pflanzen durch Photosynthese; bei Tieren durch Nahrung), stimmt sein C^{14} -Anteil mit dem der Atmosphäre überein. Sobald es stirbt und seine Stoffwechselkreisläufe zusammenbrechen, zerfällt sein C^{14} -Anteil. Darauf beruht die C^{14} -Methode, mit der man mit den heutigen Messtechniken evolutionäre Zeitspannen bis zu 100.000 Jahren bestimmen kann; bei höheren Zeitspannen ist die Anzahl noch vorhandener C^{14} -Atome gering und der Messfehler entsprechend hoch.

Dieselbe Methode läßt sich auf andere Isotopen anwenden, die für längere Zeiträume geeignet sind, z.B. um das Alter von Gesteinsschichten zu schätzen. Der ursprüngliche Anteil von Isotopen in heißflüssiger Magma, wenn es aus der Erde austritt, ist bekannt und weitgehend konstant; sobald die Magma erstarrt, zerfallen die radioaktiven Isotopen (Ridley 1993, 626). Wichtige Methoden, um das Alter von Gesteinen zu bestimmen, sind (unter anderem) die Kalium-Argon-Methode für Zeiträume von 50.000 bis einer Milliarde Jahren (K^{40} zerfällt zu Ar^{40} mit $1,27 \cdot 10^6$ Jahren Halbwertszeit), oder die Rubidium-Strontium-Methode für noch längere Zeiträume (Rb^{87} zerfällt zu Sr^{87} mit $47,5 \cdot 10^9$ Jahren Halbwertszeit). Durch diese Methoden ergab sich ein Riesenfortschritt in Bezug auf die Sicherheit der Altersbestimmung von Fossilien und Gesteinen und damit für die Sicherheit der Aussagen über die evolutionäre Vergangenheit unseres Planeten insgesamt.

3.3.3 Altersbestimmung durch neutrale Mutationsraten. Ab den 1960er Jahren gesellten sich zu den Isotopenmethoden noch die in Kap. 2.3 angesprochenen Methoden der *molekularen Uhren*, welche auf neutralen Mutationsraten beruhen. Proteine haben

ihre eigene Evolution, sozusagen durch die diversen Spezies hindurch, in denen sie auftreten. Das α -Globin ist beispielsweise ein Polypeptid, welches bei allen Tieren und schon bei Einzellern auftritt. Kimura (1968) studierte die Anzahl von Aminosäuren, in denen sich die α -Globine von je zwei verschiedenen Tierspezies aufgrund neutraler Mutation unterschieden. Gemäß der 'Methode minimaler Mutationen' nimmt man an, dass die Anzahl unterschiedlicher Aminosäuren der Summe neutraler Mutationen in beiden Spezies seit ihrem nächsten gemeinsamen Vorfahren entspricht – Abweichungen von dieser Annahme sind sehr unwahrscheinlich (s. nächstes Kapitel). Wenn sich somit beide Spezies in n Aminosäuren unterscheiden und die Mutationsraten in beiden Abstammungslinien gleich waren, so unterscheiden sie sich von ihrem nächsten gemeinsamen Vorgänger (modulo Zufallsirrtümern) in $n/2$ Aminosäuren (s. Abb. 3-4).

Kimura schlug die neutrale Aminosäurendifferenz von Proteinen als Methode der Altersbestimmung in Bezug auf den nächsten gemeinsamen Vorfahren vor. Zu die-

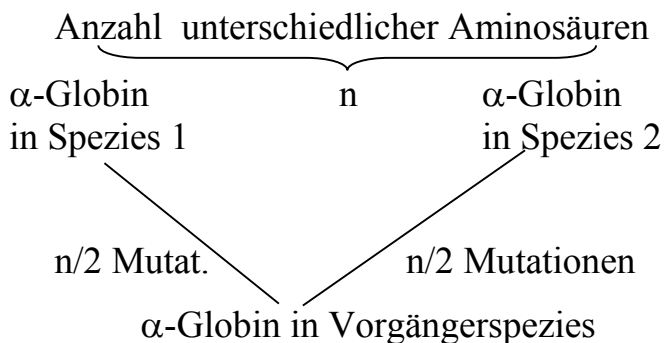


Abb. 3-4: Altersbestimmung durch Methode der 'molekularen Uhr'.

sem Zweck trug er die Anzahl unterschiedlicher Aminosäuren im α -Globin von Paaren von Tierspezies bekannten evolutionären Alters in Abhängigkeit von ihrem Zeitabstand zum nächsten gemeinsamen Vorfahren auf, und erhielt annähernd eine Gerade, deren Steigung die Mutationsrate des α -Globins wiedergab. Die so ermittelten Mutationsraten für einige evolutionär grundlegende Polypeptide (α -Globin, Fibrinopeptide, pankreatische Ribonuklease, Myoglobin, Insulin, Cytochrom c, usw.) bewegten sich zwischen 0,5 und 10 Mutationen pro Aminosäure und Milliarden Jahren

(Ridley 1993, 142f). Diese Rate von ca. 10^{-9} pro Jahr ist gering, gilt aber nur für eine Aminosäure. Rechnet man 300 Aminosäuren pro Polypeptid und daher pro Gen, dann ergibt sich näherungsweise eine Rate von $3 \cdot 10^{-7}$ pro Jahr.²³ Damit konnte man nun das unbekannte evolutionäre Alter anderer Tierspezies ermitteln. *Beispiel:* beträgt die Mutationsrate von α -Globin 1 pro 10^6 Jahren und unterscheidet sich das α -Globin von Menschen und Pantoffeltierchen in 800 Aminosäuren, dann beträgt der wahrscheinliche Zeitabstand beider zum gemeinsamen Vorfahren etwa 700 Millionen Jahre, was zwischen dem vermuteten Alter von Eukaryonten und dem von Mehrzellern (gemäß Kap. 2.4) liegt. Die neutralen Mutationsraten sind übrigens nicht bei allen Proteinen konstant, aber auch wenn sie sich zeitlich ändern, kann man mithilfe von Spezies bekannten Alters Eichkurven ermitteln und diese der Altersbestimmung zugrunde legen (Ridley 1993, 144f).

Dieselbe Methode wird für neutrale DNS-Mutationen angewandt. Die DNS der Mitochondrien (Zellorganellen) wird nur in weiblicher Linie weitervererbt, und bedingt außer gewissen Zellbeschaffenheitsmerkmalen (vermutlich) keine phänotypischen Eigenschaften (Ridley 1993, 468f; Lindner-Biologie 1992, 20). Sie mutiert vergleichsweise schnell und kann für Zeitdifferenzen von bis zu ca. 10 Millionen Jahren benutzt werden. Mitochondriale DNS-Mutationen wurden zur Erstellung des wahrscheinlichsten Homo sapiens Stammbaums verwendet (s. nächster Abschnitt). In diesem Fall wendete man Kimuras Methode also nicht auf unterschiedliche Spezies an, sondern auch auf unterschiedliche Varianten innerhalb ein und derselben Spezies, nämlich Homo sapiens. Die RNA der Ribosomen (ebenfalls Zellorganellen) mutiert andererseits extrem langsam und kann für Zeitbestimmungen von 10^8 bis 10^9 Jahren eingesetzt werden, also für Speziesabstände bis zurück zu den Einzellern. Zusam-

²³ Ist p die Wahrscheinlichkeit eines Ereignisses e (Aminosäurenmutation), dann beträgt die Wahrscheinlichkeit, dass unter N unabhängigen Möglichkeiten (Aminosäuren) das Ereignis e niemals eintritt, $(1-p)^N$. Dies ist für sehr kleine p (und $p < 1/N$) näherungsweise $1-N \cdot p$ (Beweis durch Vernachlässigung höherer p -Potenzen im Multinomialgesetz). Daher ist die Wahrscheinlichkeit, dass e unter N Möglichkeiten mindestens einmal auftritt, näherungsweise $N \cdot p$.

menfassend bilden molekulare Uhren ein weiteres mächtiges Werkzeug der evolutionären Altersbestimmung. Aber nicht nur das, sie eignen sich auch vortrefflich zur Konstruktion wahrscheinlicher Abstammungsbäume, wie im nächsten Abschnitt erläutert wird.

3.4 Unabhängige Methoden der Generierung evolutionärer Stammbäume

Für eine gegebene Menge von Arten mit gegebenen Merkmalen kann man ihren wahrscheinlichsten Abstammungsbaum aus hypothetischen gemeinsamen Vorfahren konstruieren. Wissenschaftstheoretisch gesehen handelt es sich dabei um die Methode der *theoriegeleiteten* Abduktion (s. Schurz 2008a, §5, sowie Box 1-1). Die grundlegenden theoretischen Annahmen dabei sind (1.) die Entstehung aus einem gemeinsamen Vorfahren durch *binäre* Aufspaltungen aufgrund von Mutationen, sowie (2.) ein wahrscheinlichkeitstheoretisches *Sparsamkeitsprinzip*, demzufolge nur Abstammungsbäume mit einer minimalen (möglichst geringen) Anzahl von Mutationen postuliert werden. Denn in Abstammungsbäumen, die nicht mutationsminimal sind, treten dieselben (oder sich genau kompensierende) Mutationen mehrmals auf, was bei neutralen Mutationen extrem unwahrscheinlich und auch bei mäßigem Selektionsdruck unwahrscheinlich ist; Ausnahmen davon bilden jedoch analoge Merkmalsähnlichkeiten (siehe unten).

Wissenschaftstheoretisch ist bedeutsam, dass Sparsamkeit in der Methode minimaler Mutationen nicht als 'ästhetisches' Prinzip, sondern als Bestätigungskriterium fungiert (ebenso Forster und Sober 1994, 28). Abb. 3-5 illustriert die Methode an einem einfachen Beispiel: dem gemeinsamen Abstammungsbaum von zwei Vogelspezies, Spatzen und Finken, und der Spezies der Krokodile, wobei vorausgesetzt wird, dass alle drei Spezies von den Reptilien abstammen. Stark vereinfachend ordnen wir phänotypischen Merkmalsänderungen einzelne Mutationen zu und betrachten die Mutation m^* , welche angenommenerweise das neue Merkmal * der Flugfähigkeit hervorbringt (vgl. Sober 1993, 175). Baum 1 ist mutationsminimal, da er die *-Merk-

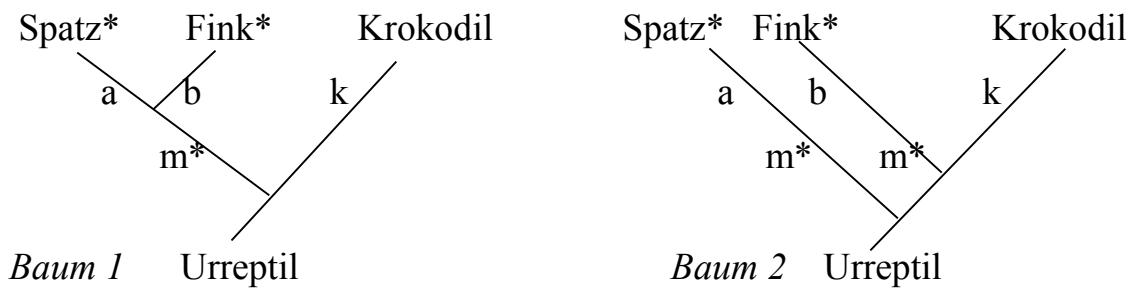


Abb. 3-5: Methode der minimalen Mutationen. Zwei Abstammungsbäume für Spatz, Fink und Krokodil; * = neues Merkmal der Flugfähigkeit. Baum 1 ist mutationsminimal, Baum 2 benötigt dagegen die *-erzeugenden Mutation(en) m^* zweimal. (In realistischer Lesart stehen m^* , a, b und k für Mutationsanzahlen an den jeweiligen Ästen.)

malsgleichheit von Spatz und Fink durch einen direkten gemeinsamen Vogelvorfahren erklärt und somit Mutation m^* nur einmal benötigt, während Baum 2 zuerst Spatzen und dann erst Finken aus Reptilien entstehen läßt (also für Finken und Krokodile einen direkten gemeinsamen Vorfahren annimmt) und daher Mutation m^* zweimal benötigt.

In der realistischeren Deutung werden komplexe Merkmale wie Flugfähigkeit nicht nur durch eine Mutation erzeugt, und überdies sind noch weitere Mutationen im Spiel. Die Buchstaben m^* , a, b und k stehen für die minimalen Anzahlen von Mutationen, die entlang der jeweiligen Äste nötig waren, um die angeführten Merkmalsunterschiede zu erzeugen (m^* vom Urreptil zum Urvogel (rechts zu beiden Urvögeln), a bzw. b vom Urvogel zum Spatz bzw. Fink, und k vom Urreptil zum Krokodil). Diese realistischere Lesart ändert nichts am Endergebnis, dass nur Baum 1 mutationsminimal ist, weil am Baum 2 die Mutationen in m^* zweimal durchlaufen werden müssen.

Mutationsminimale Abstammungsbäume sind unsicher und nicht immer eindeutig. Oft gibt es für dieselbe Merkmalsmenge mehrere gleichminimale aber unterschiedliche Abstammungsbäume, von denen nur einer zutrifft. Darüber hinaus können unterschiedliche Merkmalsmengen, mittels derer die gegebenen Spezies charakterisiert werden, gelegentlich zu unterschiedlichen minimalen Abstammungsbäumen führen. Nicht immer liefert also die Methode der minimalen Mutationen den wahren Abstam-

mungsbaum. Manche Sorten von Merkmalen liefern reliablere Abstammungshypothesen als andere. Hypothesen über Abstammungsbäume bedürfen daher (wie alle abduktiv generierten Hypothesen) weiterer unabhängiger Überprüfung, wofür sich Überprüfung mithilfe anderer Merkmale und insbesondere die Überprüfung durch unabhängige Altersbestimmungen oder Fossilevidenzen eignen.

Ein Hauptgrund für die Generierung fehlerhafter Abstammungsbäume sind Merkmalsgleichheiten aufgrund von *Analogien*. Dies wird durch Abb. 3-6 illustriert, worin der Abstammungsbaum für den (leider ausgestorbenen) Tasmanischen Beutelwolf, den gewöhnlichen (plazentalen) Wolf und das Känguruh dargestellt ist (s. Ridley 1993, 453). Beutelwolf und gewöhnlicher Wolf sind sich äußerlich wesentlich ähnlicher als Beutelwolf und Känguruh. Die Beutelwolf und Wolf gemeinsamen 'äußeren Wolfsmerkmale' (m an der Zahl) resultieren nicht aus gemeinsamer Abstammung, sondern gleichartiger Anpassung an die Selektionserfordernisse eines in Rudeln lebendes Raubtieres. Gemeinsame Merkmale aufgrund von gleichartigem Selektionsdruck nennt man *analoge* Merkmale; Merkmale aufgrund gemeinsamer Abstammung dagegen *homologe* Merkmale. Phylogenetisch bzw. abstammungsmäßig sind sich Känguruh und Beutelwolf wesentlich näher als Beutelwolf und Wolf, denn beide entspringen der Stammlinie der Beuteltiere und teilen sich somit jene homologen Merkmale, welche allen Beuteltieren gemeinsam sind – wobei es sich hier weniger um die gemeinsamen äußerlichen Merkmale handelt (b an der Zahl), sondern um gemeinsame morphologische Merkmale. Der Bezug auf die Klasse der 'äußerlichen' Merkmale führt zum mutationsminimalen aber inkorrekten Stammbaum 1. Der korrekte Stammbaum (2) ergibt sich nur bei Bezugnahme auf die Klasse der morphologischen Merkmale (bezogen auf diese Klasse würde $m' < b'$ gelten).

Es gibt keine sicheren Kriterien, um homologe von analogen Merkmalen unterscheiden, ohne die wahre Phylogenie als bekannt vorauszusetzen. Wohl aber gibt es unsichere Wahrscheinlichkeitskriterien: echt homologe Merkmale sind im Regelfall (i) verankert in anatomischen Bauplanstrukturen, (ii) bilden sich in derselben Phase der Embryonalentwicklung heraus (Ridley 1993, 454).

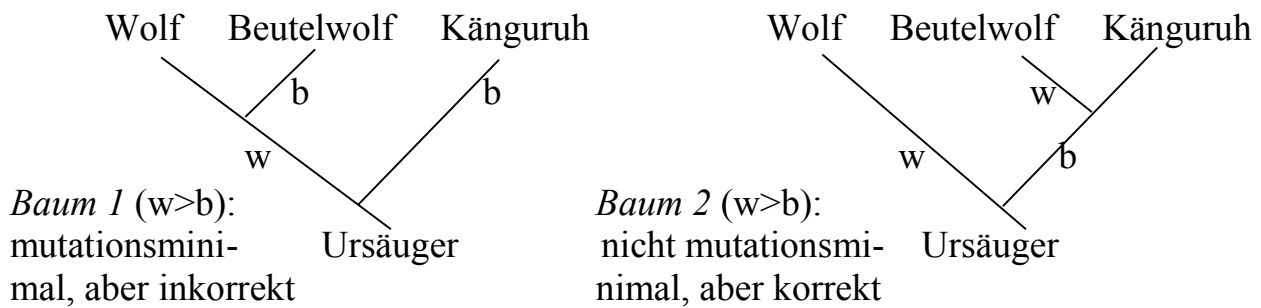


Abb. 3-6: Merkmalsgleichheit aufgrund Homologie versus Analogie. Äußerlich ähneln sich Wolf und Beutelwolf in mehr Merkmalen als Beutelwolf und Känguruh ($w > b$). Die 'Wolfsmerkmale' (w) beruhen jedoch nicht auf gemeinsamer Abstammung (Homologie), sondern auf gleichartigem Selektionsdruck (Analogie). Phylogenetisch sind Beutelwolf und Känguruh näher miteinander verwandt; sie teilen sich die homologen Beuteltier-Merkmale (b).

Zusammengefasst sind mutationsminimale Abstammungsbäume, die sich auf gemeinsame phänotypische Merkmale gründen, nicht immer korrekt. Das heißt nicht, dass man gemeinsame Merkmale gar nicht zur Konstruktion von Stammbäumen heranziehen sollte, wie manche 'radikale Cladisten' meinen (s. Kap. 2.5) – schließlich sind gemeinsame Merkmale die wichtigste Erkenntnisquelle für evolutionäre Abstammung. Die noch wichtigere Schlussfolgerung daraus ist jedoch, dass bevorzugt *selektionsneutrale* Merkmale für Abstammungsbäume heranzuziehen sind, wie die oben erwähnten Merkmale der molekularen Uhren (neutrale Aminosäuren- oder DNS-sequenzen). Denn durch Beschränkung auf neutrale Merkmale kann man das Problem von Merkmalsgleichheit aufgrund von Analogien weitgehend ausschalten (Ridley 1993, 455). Analogien treten dann auf, wenn Merkmale einem starken (gemeinsamen) Selektionsdruck unterliegen, was bei phänotypischen Makromerkmalen (Körperform und Verhaltensweisen) fast immer der Fall ist. Der gemeinsame Selektionsdruck bewirkt, dass in beiden verglichenen Spezies dieselben Mutationen auftreten und sich daher in keinen Merkmalsunterschieden äußern. Ohne Selektionsdruck sind die einzelnen Mutationen dagegen voneinander probabilistisch unabhängig. Daher ist die Wahrscheinlichkeit des Auftretens zweier gleicher Mutationen (am selben Locus in dieselbe neue Variante) extrem gering, gegeben durch das Produkt $p \cdot p = p^2$

(für $p = 10^{-6}$ beträgt p^2 z.B. $10^{-12} = 0,000000000001$).

In Abb. 3-7 wird dies an einem Beispiel erläutert. Angenommen zwei gegenwärtige Spezies A und B differieren in zwei neutralen (molekularen) Merkmalen voneinander, die wir durch Zahlen ausdrücken (die z.B. für DNS-Basen oder Aminosäuren stehen) – sagen wir $A = 123$ und $B = 154$. Dann gibt es vier mutationsminimale gemeinsame Vorgänger, nämlich (a) 123, (b) 124, (c) 153 und (d) 154. Alle vier erzeugen in jeweils zwei Mutationen die Spezies A und B. Man beachte, dass alle vier Abstammungsbäume genau eine ausgestorbene Zwischenform postulieren müssen (dargestellt durch den strichlierten rudimentären Zweig). Die Stammbäume (e)-(g) sind dagegen nicht mutationsminimal: in (e) treten auf derselben Stammlinie zwei sich genau kompensierende Mutationen auf ($1 \rightarrow 6$ und $6 \rightarrow 1$), in (f) tritt auf zwei unterschiedlichen Stammlinien dieselbe Mutation auf ($6 \rightarrow 1$), und in (g) mutiert auf zwei unterschiedlichen Stammlinien dasselbe Allel bzw. neutrale Merkmal (statt dass es

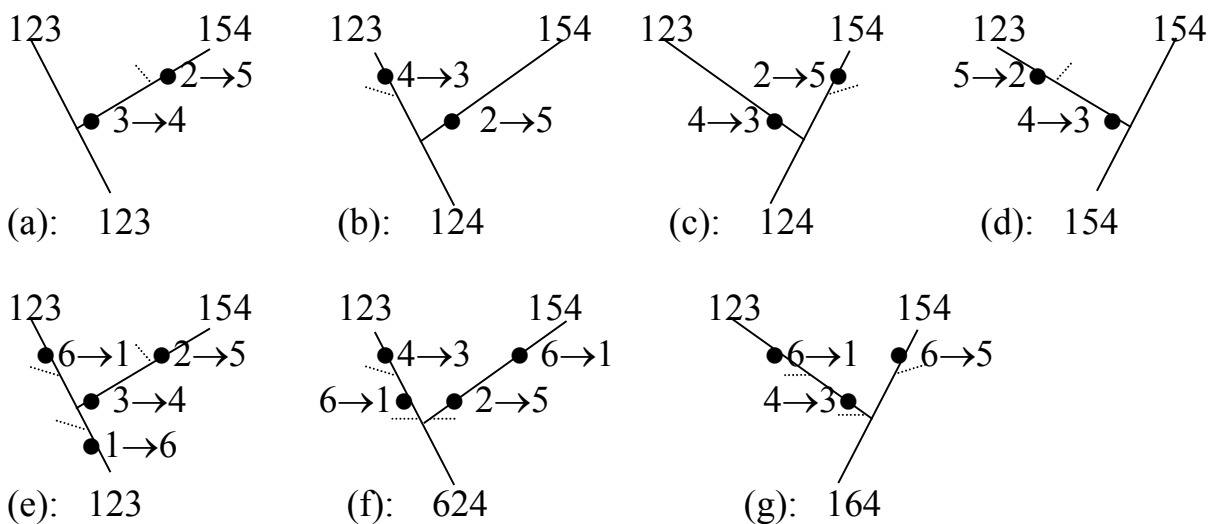


Abb. 3-7: Gemeinsame Abstammungsbäume für zwei neutrale Merkmalssequenzen 123 und 154 (z.B. Aminosäuren oder DNS-Basen). "● 2→3" steht für "Mutation von Merkmalsvariante 2 nach 3". Bäume (a)-(d) sind mutationsminimal (strichlierte rudimentäre Zweige stehen für ausgestorbene Zwischenformen). Bäume (e)-(g) sind nicht mutationsminimal und aufgrund der Unabhängigkeit von Mutationen extrem unwahrscheinlich. Nur Bäume (b) und (c) erfüllen zudem die Bedingung gleicher Mutationsraten auf verschiedenen Stammlinien.

vor der Verzweigung nur einmal mutiert) – für neutral mutierende Merkmale sind dies jeweils extrem unwahrscheinliche Zufälle. Da neutrale Mutationen zudem konstante Mutationsraten aufweisen, sind unter den vier mutationsminimalen Stammbäumen (b) und (c) am wahrscheinlichsten, da nur auf beiden Stammlinien gleich viele Mutationen auftreten. Unter (b) und (c) kann dagegen nur durch externe Kriterien unterschieden werden, z.B. durch eine Außengruppe oder durch Fossilevidenz.

Für die Generierung wahrscheinlichster Abstammungsbäume gibt es Computerprogramme. Eine Möglichkeit besteht darin, für die gegebene Menge von Arten oder Varianten alle möglichen binären wurzellosen Bäume zu generieren, dann unter diesen die mutationsminimalen Bäume auszuwählen und schließlich darunter die Wurzel durch unabhängige Kriterien (wie Außengruppen oder Fossilevidenz) zu bestimmen (für Details s. Ridley 1993, 470). Die Konstruktion von *allen* möglichen Bäumen ist allerdings oft zu aufwendig. Man kann mutationsminimale wurzellose Bäume mit weniger Aufwand generieren, wenn man zuerst einen Ähnlichkeitsgraphen erzeugt, worin die ähnlichsten Varianten Nachbarn sind, und dann daraus wurzellose Bäume

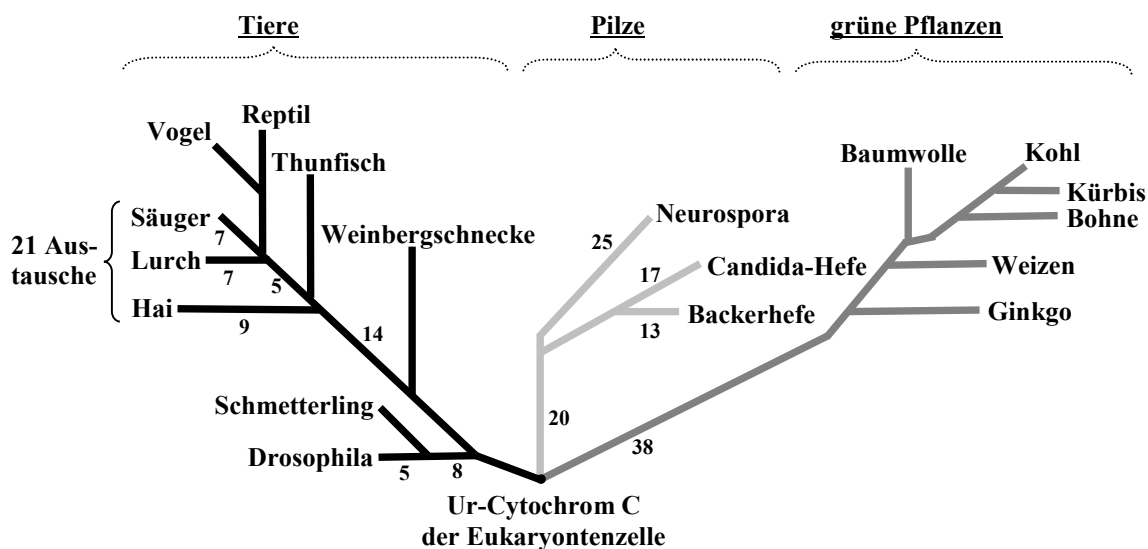


Abb. 3-8: Stammbaum des Cytochroms c. Die Ziffern (bzw. Astlängen) entsprechen den Anzahlen der durch Mutation ausgetauschten Aminosäuren. (Verändert nach Linder-Biologie 1992, Abb. 123.1.)

erzeugt, die man auf Mutationsminimalität prüft (ibid. 457f). Abb. 3-8 zeigt die Anwendung des Verfahrens auf neutrale Aminosäuremutationen im Stammbaum des Cytochroms c in verschiedenen Lebewesen. Die sich ergebenden Abstammungsverhältnisse stimmen mit anderen Informationsquellen weitgehend überein (Abweichungen gibt es bei Blütenpflanzen).

In analoger Weise generierten Penny et al. (1982) anhand von fünf Polypeptiden die plausibelsten Abstammungsbäume für 11 Säugetierspezies und gelangte für alle fünf Polypeptide zu demselben mutationsminimalen Abstammungsbaum (s. Ridley 1993, 51). In anderen Fällen können sich aber auch erhebliche Abweichungen ergeben, sodass die wahren Abstammungsverhältnisse niemals allein aus einer Sorte von Evidenz, sondern nur aufgrund der Gesamtevidenz erschlossen werden können. Beispielsweise würde die Tatsache, dass unter den Wirbeltieren nur Säuger und Vögel Warmblüter sind, darauf hindeuten, dass beide einen unmittelbaren gemeinsamen Vorfahren besitzen – was diese Hypothese widerlegt, ist in erster Linie die Fossilvidenz (vgl. Ridley 1993, 464-6).

Mit denselben Methoden wurde auch auf die Abstammung des Menschen untersucht. Eine wenig aufwendige Methoden, die Unterschiedlichkeit von gleichartigen Proteinen in unterschiedlichen Spezies zu messen, beruht auf der immunologischen Abstoßungsreaktion: wenn etwa menschliches Albumin einem Gorilla, Schimpansen oder Kaninchen injiziert wird, gibt es eine messbare Rate immunologischer Abstoßung. Auf diese Weise ermittelten Sarich und Wilson (1967) die Unterschiedlichkeit von gemeinsamen Proteinen im Menschen und Menschenaffen. Sie kamen zum Ergebnis, dass der nächste gemeinsame Vorfahre von Menschen, Schimpansen und Gorilla etwa 5,5 Millionen Jahre zurückliegen muss und widerlegten damit die bis 1960 akzeptierte These, derzufolge der fossile Menschenaffe *Ramapithecus* vor 9-12 Millionen Jahren der nächste Vorfahre des Menschen sei – was man zuvor angenommen hatte, da das Gebiss des *Ramapithecus* mehr dem des Menschen als dem des Schimpansen gleicht (Ridley 1993, 473). Dies ist ein Beispiel dafür, wie die Konstruktion von evolutionären Abstammungsbäumen durch phänotypische Merkmale zu Irrtü-

mern führen kann, welche durch Heranziehung molekularer Evidenz korrigiert werden.

Die wichtigste molekulare Abstammungsevidenz für den Menschen liefert die im vorigen Abschnitt angesprochene schnell evolvierende Mitochondrien-DNS. Durch Vergleich der Mitochondrien-DNS von 135 unterschiedlichen menschlichen Rassen bzw. Ethnien, insbesondere auch Eingeborenen-Stämmen, wurden per Computer die wahrscheinlichsten Abstammungsbäume generiert. Ein solcher Abstammungsbaum ist in Abb. 3-9 dargestellt. Obwohl es mehrere unterschiedliche mutationsminimale Abstammungsbäume gibt, deuten alle Abstammungsbäume darauf hin, dass die gegenwärtigen Menschen allesamt von gemeinsamen afrikanischen Vorfahren vor etwa

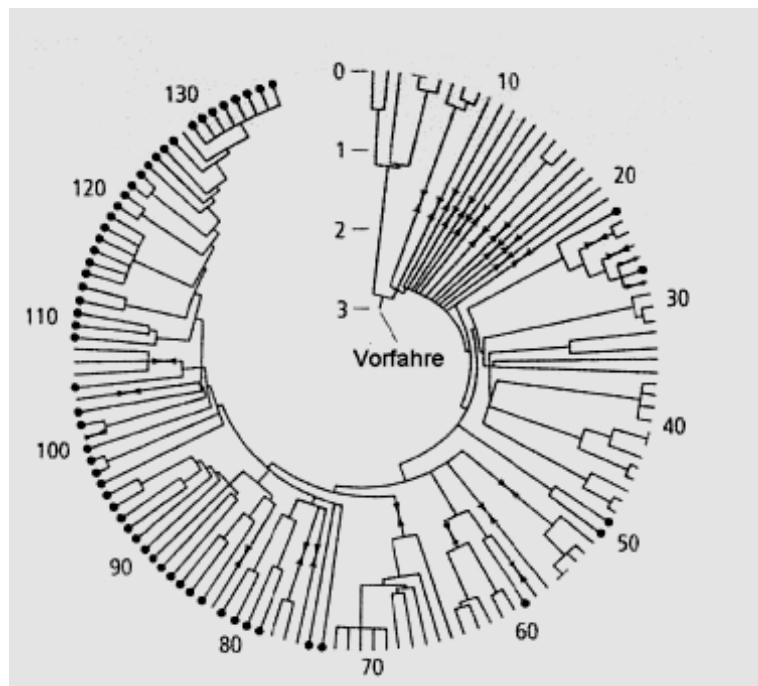


Abb. 3-9: Stammbaum von *Homo sapiens* auf der Basis mitochondrialer DNS (verändert nach Ridley 1993, 469, fig. 17.14a). Jede der 135 Spitzen (●) entspricht einem Typ von Mitochondrien-DNS aus folgenden ethnischen Quellen: westliche Pygmäen (1, 2, 37–48), östliche Pygmäen (4–6, 30–32, 65–73), !Kung (7–22), Afrika-Amerikaner (3, 27, 33, 35, 36, 59, 63, 100), Yorubaner (24–26, 29, 51, 57, 60, 63, 77, 78, 103, 106, 107), Australier (49), Herero (34, 52–56, 105, 127), Asier (23, 28, 58, 74, 75, 84–88, 90–93, 95, 98, 112, 113, 121–124, 126, 128), Papua Neu-Guineer (50, 79–82, 97, 108–110, 125, 129–135), Hadza (61, 62, 64, 83), Naron (76), Europäer (89, 94, 96, 99, 101, 102, 104, 111, 114–120).

150.000 Jahren abstammen (vgl. Ridley 1993, 469; Cavalli-Sforza 2001,78). Weil mitochondriale DNS nur in weiblicher Linie vererbt wird, sprach man auch von einer 'Ur-Eva' (man weiß jedoch nicht, aus wie vielen Individuen die Urpopulation von Homo sapiens wirklich bestand). Mithilfe des nur in männlicher Linie weitervererbten Y-Chromosoms hat man mittlerweile auch den Zeitpunkt des "Ur-Adams" ermittelt, der gemäß Cavalli-Sforza (2001, 81) ebenfalls vor etwa 150.000 Jahren in Afrika liegt.

Für die Generierung von Hominiden-Stammbäumen gibt es neben mitochondrialer und chromosomaler DNS zahlreiche weitere genetische Datenquellen. Unterschiedliche Allele (z.B. für Blutgruppengene oder Immunglobuline) sind in unterschiedlichen Bevölkerungsgruppen unterschiedlich verteilt. Cavalli-Sforza und andere begannen mit der Sammlung humangenetischer Datenbanken und bestimmten die durchschnittlichen genetischen Distanzen zwischen ca. 2000 (meist nativen) Populationen. Es ergab sich eine Korrelation mit der geographischen Distanz entlang der Migrationsbewegung von Homo-sapiens-Populationen seit der Auswanderung aus Afrika vor ca. 100.000 bis 70.000 Jahren (s. Cavalli-Sforza 2001, 39, 54, 68ff). Durch faktorenanalytische Auftrennung der genetischen Varianzen konnte Cavalli-Sforza und sein Team sogar Migrationswellen jüngerer evolutionären Datums rekonstruieren. Etwa 12.000 v.C., nach dem Abklingen der letzten Eiszeit, fand eine Expansion der Lappen in den Süden und der Basken in den Westen statt. Am stärksten ausgeprägt ist die Migrationswelle von etwa 10.000 v.C., welche sich der Agrarrevolution im Fruchtbarkeitsdelta des mittleren Ostens und dem dadurch ermöglichten Bevölkerungswachstum verdankt und zur Ausbreitung der neuen Lebensweise in Asien und Europa führte. Später, etwa 5000 v. C., erfolgte die Ausbreitung der Kaukasoiden, welche die Pferde domestiziert hatten, andere agrarische Völker unterwarfen und zur Entstehung der indoeuropäischen Sprachfamilie wesentlich beitrugen. Schließlich erfolgte die Expansion der Griechen etwa 1500 v. C., womit die abendländische Kultur im engeren Sinne begann (ibid. 109, 114, 117).

3.5 Die Bestätigungskraft unabhängiger Evidenzen

Molekulare Merkmalsvergleiche liefern im Regelfall reliablere Abstammungsbäume als phänotypische Merkmalsvergleiche. Aber die wirkliche Sicherheit, der entscheidende Bestätigungszuwachs, kommt erst dadurch zustande, dass man nach einem Abstammungsbaum sucht, der sich durch sehr viele voneinander unabhängige Evidenzen übereinstimmend als der wahrscheinlichste ergibt – unterschiedliche Arten von Merkmalsvergleichen, unabhängige Altersbestimmungen und Fossilfunde. Die Bestätigungskraft unabhängiger Evidenzen ist ein fundamentales wissenschaftstheoretisches Prinzip, das in diesem Abschnitt besprochen wird.

Jede erfolgreiche Voraussage oder Erklärung einer Evidenz E durch eine Hypothese H liefert eine gewisse Bestätigung, also eine *Wahrscheinlichkeitserhöhung* der Hypothese H durch die Evidenz E. Diese Wahrscheinlichkeitserhöhung kann verhältnismäßig schwach sein, wenn die Hypothese durch nur *eine* Evidenz oder eine Gruppe von *abhängig* generierten Evidenzen bestätigt wird (z.B. Evidenzen, die allesamt aus nur einer Fossilfundstätte stammen, und die daher alle denselben geologischen Fehlerquellen unterliegen könnten). Speziell im Fall von evolutionären Hypothesen über Ereignisse, die Jahrtausende zurück liegen, ist jede einzelne empirische Evidenz mit einer Reihe von Unsicherheiten und falliblen Hintergrundannahmen behaftet, sodass es *prima facie* nicht danach aussieht, als könnten wissenschaftlichen Hypothesen gut bestätigt sein, die über Phänomene sprechen, die von den tatsächlichen Beobachtungen derartig weit entfernt sind. Glücklicherweise ist diese Überlegung ein Irrtum: auch in diesem Falle ist beliebig hoher Bestätigungszuwachs möglich, und zwar genau dann, wenn sehr viele voneinander unabhängige Evidenzen in dieselbe Richtung weisen, also dieselben Hypothesen favorisieren. Dies ist die rationale Grundlage der hohen Sicherheit, mit der wissenschaftliche Experten heute ihre Theorien über die Evolutionsgeschichte des Lebens auf unserer Erde vorbringen.

Das Prinzip der Bestätigungskraft übereinstimmender unabhängiger Evidenzen ist auch in anderen Disziplinen bedeutsam. Ein oft erwähntes Beispiel ist die Avogadro-

sche Zahl, also die Anzahl von Molekülen in einem Liter Gas (ca. 10^{24}), welche auf vielen unabhängigen empirischen Wegen ermittelt wurde, die alle zu annähernd demselben Wert führten (vgl. Krüger 1981, 241f).

Man kann das Prinzip der Bestätigungserhöhung durch unabhängige Evidenzen im Rahmen der (Bayesianischen) Wahrscheinlichkeitstheorie beweisen. Dies ist in Box 3-1 ausgeführt, worin gezeigt wird, dass eine zunehmende Vielzahl von unabhängigen Evidenzen die Wahrscheinlichkeit einer Hypothese beliebig nahe gegen 1, also

Annahmen: Sei H_1, \dots, H_m eine Partition von (sich gegenseitig ausschließenden und den Möglichkeitsraum erschöpfenden) Hypothesen und E_1, \dots, E_n eine Menge von (miteinander verträglichen) Evidenzen. Die Ausgangswahrscheinlichkeiten $P(H_i)$ der Hypothesen und die der Evidenzen ($P(E_j)$) seien nichtdogmatisch, d.h. von 0 oder 1 verschieden. Die Evidenzen seien im folgendem Sinn konditional unabhängig ($P(X|Y)$ steht für die Wahrscheinlichkeit von X unter den Annahme Y):

(Unab.): Für alle Teilmengen E_{i_1}, \dots, E_{i_k} (unter den E_1, \dots, E_n ; $k \leq n$), und für alle H_r (unter den H_1, \dots, H_m ; $1 \leq r \leq m$) gilt: $P(E_{i_1} \& \dots \& E_{i_k} | H_r) = P(E_{i_1} | H_r) \cdot \dots \cdot P(E_{i_k} | H_r)$.

In Worten: die Wahrscheinlichkeit einer Konjunktion von Evidenzen gegeben irgendeine der Hypothesen H_r ist gleich dem Produkt der Einzelwahrscheinlichkeiten der Evidenzen gegeben H_r .

Werde ferner die Hypothese H_k unter allen anderen konkurrierenden Hypothesen durch alle Evidenzen favorisiert, im Sinne eines Likelihoodüberschuss $\delta > 0$:

(Fav.): Für alle E_i (unter den E_1, \dots, E_n) und für alle H_r (unter den H_1, \dots, H_m) verschieden von H_k gilt: $P(E_i | H_k) \geq P(E_i | H_r) + \delta$.

In Worten: die Wahrscheinlichkeit jeder Evidenz E_i unter der Annahme H_k ist um mindestens δ größer als die Wahrscheinlichkeit von E_i unter der Annahme, eine der konkurrierenden Hypothesen wahr ist.

Dann resultiert das folgende Theorem:

(a) Für alle $i \leq n$, $P(H_k | E_1 \& \dots \& E_i) > P(H_k | E_1 \& \dots \& E_{i-1})$, und

(b) $\lim_{n \rightarrow \infty} P(H_k | E_1 \& \dots \& E_n) = 1$.

In Worten: je größer die Anzahl unabhängiger Evidenzen, die H_k favorisieren, desto mehr nähert sich H_k 's bedingte Wahrscheinlichkeit 1 an und erreicht 1 für $n \rightarrow \infty$.

Box 3-1: Die Bestätigungskraft unabhängiger Evidenzen.

gegen *Sicherheit* gehen läßt, auch wenn jede einzelne Evidenz nur eine schwache Wahrscheinlichkeitserhöhung der Hypothese bewirkt.²⁴ Dabei ist letzteres genau dann der Fall, wenn jede einzelne Evidenz der fraglichen Hypothese einen Likelihood-überschuss gegenüber allen Alternativhypothesen einräumt. Die Bestätigungskraft unabhängiger Evidenzen wird damit eine besonders einleuchtende Instanz des auf Putnam (1975, 73) zurückgehenden *Wunderargumentes*, demzufolge es unter der Annahme, die Evolutionshypothese sei falsch, es so unerklärlich wäre wie ein Wunder, dass alle unabhängigen Evidenzen dieselben falschen Altershypothesen und Abstammungsbäume liefern. Schlussendlich zeigt dieses Prinzip in Box 3-1, dass die Evolutionstheorie nicht nur eine *überprüfbare*, sondern auch eine überprüfte und sehr gut *bestätigte* Theorie ist. Dies ist insofern bedeutend, als es noch vor einigen Jahrzehnten Wissenschaftstheoretiker gab (insbesondere Popper 1994/1974, 248-251),²⁵

²⁴ Da ich das Theorem in Box 3-1 nicht in der Literatur fand, füge ich den Beweis an (für ähnliche Resultate vgl. Bovens und Hartmann 2006, Kap. 4, 5).

Wir setzen $P(H_k) = h > 0$, und $P(E_i|H_k) = p_i$, schreiben $\Sigma\{x_1, \dots, x_n\}$ für die Summe der Zahlen x_1, \dots, x_n und $\Pi\{x_1, \dots, x_n\}$ für ihr Produkt, und rechnen wie folgt:

$$\begin{aligned} P(H_k|E_1 \& \dots \& E_n) &= \text{(gemäß der Bayes-Formel)} \\ &= P(E_1 \& \dots \& E_n|H_k) \cdot P(H_k) / \Sigma\{P(E_1 \& \dots \& E_n|H_r) : 1 \leq r \leq m\} = \text{(gemäß Einsetzen und Unab.)} \\ &= \frac{h \cdot \Pi\{p_i : 1 \leq i \leq n\}}{h \cdot \Pi\{p_i : 1 \leq i \leq n\} + \Sigma\{P(H_r) \cdot \Pi\{P(E_i|H_r) : 1 \leq i \leq n\} : 1 \leq r \leq m, r \neq k\}} \geq \text{(gemäß Fav. und} \\ \text{Umform)} &\geq \frac{h \cdot \Pi\{p_i : 1 \leq i \leq n\}}{h \cdot \Pi\{p_i : 1 \leq i \leq n\} + \Sigma\{P(H_r) : 1 \leq r \leq m, r \neq k\} \cdot \Pi\{(p_i - \delta) : 1 \leq i \leq n\}} = \\ &= \frac{h \cdot \Pi\{p_i : 1 \leq i \leq n\}}{h \cdot \Pi\{p_i : 1 \leq i \leq n\} + (1-h) \cdot \Pi\{(p_i - \delta) : 1 \leq i \leq n\}} = \frac{1}{1 + \frac{1-h}{h} \cdot \frac{\Pi\{(p_i - \delta) : 1 \leq i \leq n\}}{\Pi\{p_i : 1 \leq i \leq n\}}} \end{aligned}$$

Wegen (Fav.) gilt außerdem $0 \leq p_i - \delta < p_i \leq 1$, woraus folgt:

$$(2) \frac{\Pi\{(p_i - \delta) : 1 \leq i \leq n\}}{\Pi\{p_i : 1 \leq i \leq n\}} \leq (1-\delta)^n \text{ und somit } \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{\Pi\{(p_i - \delta) : 1 \leq i \leq n\}}{\Pi\{p_i : 1 \leq i \leq n\}} = 0.$$

Daraus folgen Behauptungen (a) und (b) des Theorems. Q.E.D.

²⁵ Vgl. auch Vollmer (1988), 277f. In (1987), 144, hat Popper diesen Vorwurf abgeschwächt.

welche der Evolutionstheorie *Nichtfalsifizierbarkeit* oder empirische Gehaltlosigkeit vorwarfen. Tatsächlich gibt es zahlreiche Möglichkeiten, die Evolutionstheorie zu widerlegen oder in ihrer Plausibilität zu schwächen. Haldane bemerkte einmal, er würde die Evolutionstheorie aufgeben, sobald jemand ein Kaninchenfossil in Schichten des Präkambriums finden würde (Ridley 1993, 56). Um die Evolutionstheorie ins Schwanken zu bringen, würde auch genügen, dass etwa die geologisch untersten bzw. ältesten Sedimentschichten mithilfe der radioaktiven Isotopenmethode als die jüngeren bestimmt werden, oder dass die Ähnlichkeitsreihen der Fossilien nicht mit der Schichtenfolge oder mit der Reihenfolge des Isotopenalters übereinstimmen, oder dass ein Nachfahre eines mehrzelligen Vorfahren, etwa ein Haifisch als Nachfahre primitiver mariner Mehrzeller, plötzlich wieder unterhalb jener Schichten vorkommt, in der es nur Einzeller gibt, oder dass die molekularen Altersabstände diverser Polypeptide völlig unterschiedliche Abstammungsrelationen ergeben, usw. Die Behauptung, die Evolutionstheorie sei nicht falsifizierbar, ist damit selbst als gänzlich falsifiziert anzusehen.

4. Was man liberalen Kreationisten und Teleologen entgegenhält: Evidenzen gegen das Designargument und Auflösung von Denkschwierigkeiten

4.1 Suboptimalitäten in der Evolution: Evidenzen gegen das Design-Argument

Der schriftgetreue Kreationismus wird durch die im vorigen Kapitel zusammengestellten Evidenzen für die evolutionäre Abstammungsgeschichte widerlegt, denn sowohl die Kreationshypothese wie die Altersangaben der Bibel sind damit unvereinbar. Aber häufiger als extreme Varianten findet man, zumindest in unseren geistigen Breitengraden, gemäßigt-liberale oder deistische Varianten des Kreationismus, welche die heiligen Schriften metaphorisch anstatt wörtlich auslegen (s. Kap. 1.2, Abb. 1-2). Liberale Kreationisten behaupten lediglich im Sinne des Design-Argumentes, dass die Geordnetheit der Natur und das Wunder des Lebens auf irgendeine Art eines

das menschliche Maß übersteigenden Schöpfergottes schließen lässt, ohne festzulegen, wann und wie Gott die Welt geschaffen habe, was auch damit verträglich ist, dass Gott die evolutionären Prozesse so ablaufen ließ, wie dies die Naturwissenschaften lehren. Der entscheidende naturalistische Irrtum besteht dem liberalen Kreationismus zufolge nur darin, nicht anzuerkennen, dass die evolutionären Prozesse niemals so wundersam hätten ablaufen können, wie sie es taten, ohne dass Gott dabei seine lenkende Hand im Spiel hatte. Dieser gemäßigte und wissenschaftsoffene Kreationismus (den es auch schon zu Darwins Zeiten und davor gab), steht fast gar nicht in Konflikt mit den Evidenzen des vorigen Kapitels. Er gerät jedoch in Konflikt mit einer anderen Gruppe von Evidenzen, welche wir in diesem Kapitel zusammenstellen, und die statt mit der 'wunderbaren Perfektion' mit Suboptimalitäten und Dysfunktionalitäten der Evolution zu tun haben.

Erinnern wie uns an die grundlegende Unterscheidung zwischen Homologien und Analogien: Homologien sind Merkmalsähnlichkeiten aufgrund gemeinsamer Abstammung (z.B. der gleichartige Skelettbauplan von Walen und landlebenden Säugern).²⁶ Analogien sind dagegen Merkmalsähnlichkeiten aufgrund gleichartig selektierender Umgebung (z.B. die gleiche hydrodynamische Form von Wal- und Hai-fisch). Homologien sind nun für die Evolutionstheorie in zweifacher Hinsicht von zentraler Bedeutung. *Erstens* gibt es viele homologe Ähnlichkeiten, die nicht durch eine gemeinsame Selektionsgeschichte erklärbar sind, weil eine solche nicht vorhanden war – die einzig plausible Erklärung der Ähnlichkeit ist die gemeinsame Abstammung. Dies konstituiert ein Argument gegen die Kreationsthese, derzufolge ähnliche Spezies separat geschaffen wurden. *Zweitens* und insbesondere sind die Homologien ohne gleichartige Selektionserfordernisse vom Standpunkt eines Konstrukteurs betrachtet im Regelfall mit zahlreichen Willkürlichkeiten und funktionalen Suboptimalitäten bzw. Inperfektionen verbunden. Und dies liefert das zentrale Gegenargument zum Designargument.

²⁶ Vor 50-40 Millionen Jahren entwickelten sich Wale (und Verwandte) aus flusspferdähnlichen wasserlebenden Huftieren Pakistans.

Ein Beispiel ist der homologe Skelettbauplan aller tetrapodischen (vierfüßigen) Wirbeltiere, die allesamt von den tetrapodischen Fischen, den (damaligen) Quastenflossern abstammen. Die Skelettstruktur der Extremitäten des Frosches, der Eidechse, des Vogels, des Menschen, der Katze, des Wales und der Fledermaus sind in Abb. 4-1 dargestellt. Sie sind alle gleichartig und enthalten sogar noch die fünfgliedrigen Finger- bzw. Zehenknochen (bis auf den Vogel, bei dem das 4. und 5. Fingerglied verkümmert, aber im Ansatz ebenfalls noch vorhanden ist). Da diese Extremitäten ganz unterschiedliche Funktionen ausüben, ist ihre gleichartige Skelettkonstruktion vom Standpunkt eines Konstrukteurs geradezu ein 'Witz': welcher Konstrukteur wür-

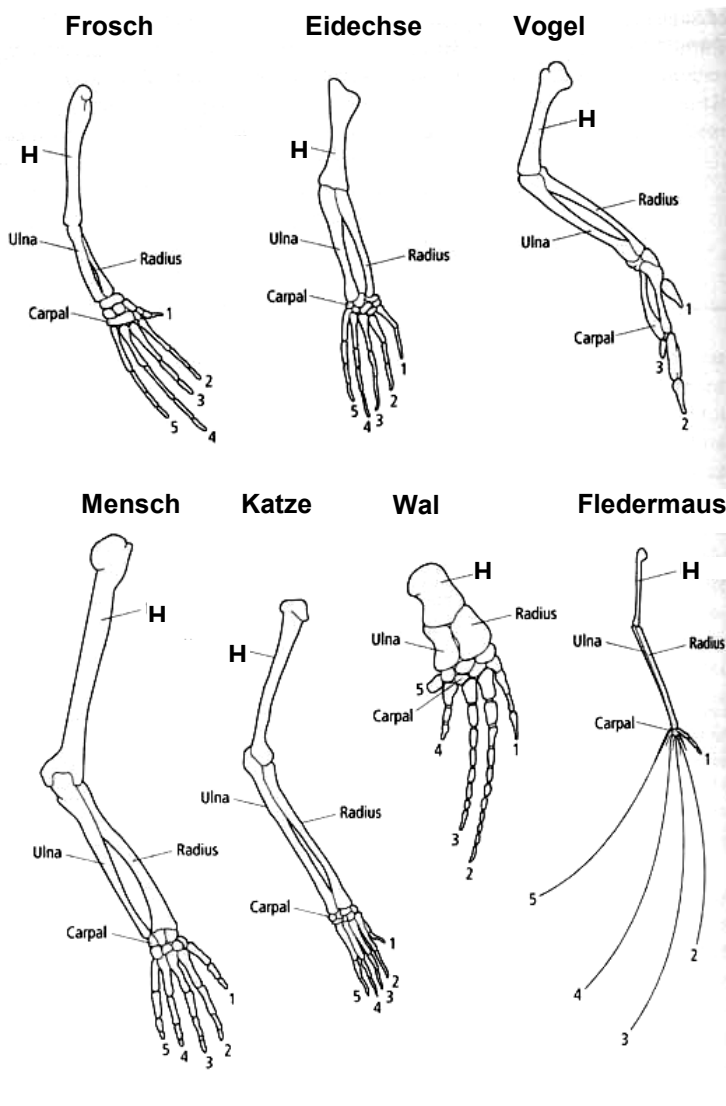


Abb. 4-1: Gleichartiger Skelettbauplan landlebender Wirbeltiere. (Verändert nach Ridley 1993, 45). Homologe Bestandteile: H = Humerus, U = Ulna, C = Carpalia, R = Radius, 1-5 = 5 Finger- bzw. Zehenknochen.

de auf die Idee kommen, Walflossen mit fünf Fingerknochen zu versehen. Dies ist eine klare Inperfektion und Willkürlichkeit, und die einzig plausible Erklärung dafür scheint zu sein, dass diese Lebewesen eben nicht von einem planendem Konstrukteur, sondern von einer fortlaufenden Evolution hervorgebracht wurden, welche gar nicht anders kann, als neue Formen aus alten schon vorhandenen Formen sich heraus entwickeln zu lassen, auch wenn diese neuen Formen ganz anderen Funktionen erfüllen als die alten.

In der Evolution gibt es viele Beispiele von Inperfektheiten und sogar Dysfunktionalitäten aufgrund von Homologien. So stammt die gekrümmte Wirbelsäule des Menschen aus der Zeit seiner vierbeinigen Vorfahren und war für deren vierfüßigen Gang vorteilhaft: sie ist das aber nicht mehr für den aufrechten Gang des Menschen (Sober 1993, 39). Ein extremes Beispiel ist der Kehlkopfnerv der Wirbeltiere (s. Ridley 1993, 343f), der bei Fischen vom Gehirn zum Kehlkopf führt und hinter den Arterienbögen verläuft, welche die Kiemen speisen. Während dies bei Fischen anatomisch vorteilhaft ist, wird es bei Säugetieren kolossal dysfunktional, da dieser Nerv nun vom Gehirn zuerst den Hals hinunter um die Brustarterie herum und dann wieder hinauf zum Kehlkopf führen muss; bei einer Giraffe ist dies ein Umweg von mehreren Metern. Verblüffend sind auch die schon angesprochenen Homologien zwischen den Embryonalstadien von Wirbeltieren, wie etwa die von den Fischen abstammenden embryonalen Kiemenansätze, welche bei Reptilien, Vögeln und Säugern später wieder verschwinden – vom Standpunkt eines kreiierenden Ingenieurs ebenfalls eine ausgesprochene Absurdität, die nur evolutionär zu erklären ist.

Ein weiteres Beispiel einer evolutionären Dysfunktionalität ist die schon von Darwin analysierte *sexuelle* Selektion und der damit verbundene *Runaway-Prozess* des Überschießens über das Fitness-Maximum, den Fisher am Beispiel der langen Federschwänze des Pfauenhahns analysierte (Ridley 1993, 283f). Hähne mit längeren Federschwänzen signalisieren größere Stärke; bei Weibchen setzt sich daher eine Allelvariante durch, welche langschwänzige Männchen bevorzugt. In der Folge können sich Männchen mit längeren Federschwänzen besser reproduzieren. Der Prozess

stoppt aber nicht dann, wenn der Federschwanz des Pfauenmännchens eine optimale Länge erreicht hat, sondern schießt über das Fitnessoptimum hinaus – Weibchen bevorzugen angeborenerweise noch längere Federschwänze, selbst dann, wenn sie dem Pfauenhahn bereits *hinderlich* sind, bis sich ein Gleichgewicht einpendelt, welches längenmäßig jedoch über dem Fitnessoptimum des Pfauenhahnes liegt und somit suboptimal ist.²⁷

Die vielleicht drastischste Evidenz dafür, dass Evolution wahrscheinlich von keinem gütigen Kreator inszeniert wurde, sind Prozesse des *Massen(aus)sterbens* von Spezies, welche in der Geschichte unserer Erde mehrmals vorgekommen sind. Massenauslöschungen, in der bis zu 20 oder 30% aller Spezies verschwinden, finden vergleichsweise 'häufig' und gemäß einer (allerdings kontroversen) Hypothese etwa alle 26 Millionen Jahre statt (Ridley 1993, 608f; Ward und Brownlee 2000, 170). Aber große Massensterben, in denen zwischen 70 und 90% aller Spezies vernichtet wurden, gab es in der Geschichte unseres Planeten nur eine Handvoll. Ihre Ursachen sind in den überwiegenden Fällen unbekannt; nur im Fall der durch einen Kometen bewirkten Massenauslöschung vor ca. 65 Millionen Jahren sind die Ursachen gesichert. Ward und Brownlee (2000, 185) zufolge können solche Globalkatastrophen (abgesehen von nahen Supernovaexplosionen, für die es bislang keine Hinweise gibt) entweder auf die Folgewirkungen von Kometeneinschlägen oder von globalen Klimaveränderungen zurückzuführen sein (Kälte- oder Wärmeeinbrüchen sowie Schwankungen des Meeresspiegels). Eine gefährliche Klimaveränderung ist die Totalvereisung des Erdballes, die sogenannte *Schneeball-Erde*, welche in der Geschichte unseres Planeten vermutlich schon zweimal vorgekommen ist. Man erschließt dies aus Vergletscherungs-Sedimentschichten (Tilliten), die bis in den Äquator als heißester Zone der Erde hineinragen (Ward und Brownlee 2000, 115). Das Gefährliche daran ist der durch positive Rückkopplung zustande kommende Aufschaukelungs- bzw. Runaway-

²⁷ Die Handicap-Erklärung (Zahavi/Zahavi 1998), derzufolge Pfauenweibchen Männchen bevorzugen, die sich das Handicap überlanger Federschwänze leisten können, steht dazu nicht im Widerspruch.

Prozess: Eis und Schnee reflektieren Wärme stärker und tragen damit erst recht zur weiteren Erdabkühlung bei. Glücklicherweise gibt es auch Gegeneffekte, wie die Freiwerdung von Kohlendioxid in unterirdischen Vulkanausbrüchen, welches im kalten Meereswasser unter dem Eis zunächst lange gespeichert wird und dann das Eis von unten her wieder aufschmelzen kann. Im übrigen gibt es auch den gegenteiligen Aufschaukelungsprozess, den *Treibhauseffekt*, während dessen durch zunehmende Aufheizung mehr und mehr Kohlendioxid aus den Meeren entweicht, in die Atmosphäre gelangt und dort als wärmespeicherndes Polster zusätzlich zu weiterer Aufheizung beiträgt (verstärkt wird dieser Effekt heutzutage durch Industrieabgase). Ein Gegeneffekt ist in diesem Fall das Auswaschen des Kohlendioxids aus der Atmosphäre durch zunehmende Regentätigkeit – man spricht auch vom *Kohlendioxid-Zyklus* (ibid. 207ff). Schnellball- und Treibhauseffekte spielten bei den globalen Klimaschwankungen auf der Erde eine zentrale Rolle.

Folgende Phasen ökologischer Extremzustände der Erde verbunden mit Spezies-Massensterben sind bekannt (ibid. 177-183):

(1.) Vor 2,5-2,2 Milliarden Jahren gab es die erste Schneeball-Erde, von der sich die Erde glücklicherweise wieder erholte. Man vermutet, dass nach dem Wiederaufschmelzen des Eises große Mengen von auf den Eisschichten angesammeltem Eisen und Magnesium ins Meer gelangten und dort zu einem enormen Wachstum photosynthetisierender Bakterien führten, welche zum starken Anwachsen des Sauerstoffgehalts der Atmosphäre und in der Folge zu einem Massensterben von anaerobischen Prokaryontenspezies führten (Ward und Brownlee 2000, 117-120).

(2.) Vor 750-600 Millionen Jahren machte die Erde eine zweite Schneeballphase durch.

(3.) Das kambrische Massensterben vor 560-500 Millionen Jahren, das vor der kambrischen Speziesexplosion stattfand, ist nach wie vor rätselhaft.

(4.) Vor 440 Millionen sowie vor 370 Millionen Jahren gab es ebenfalls Massensterben, deren Ursachen man nicht kennt; man vermutet Klimaabkühlung (Ridley 1993, 615).

(5.) Das extremste Massensterben von Spezies, bei dem bis zu 80 oder 90% aller Spezies verschwanden, fand vor 250 Millionen Jahren statt und hatte komplexe Gründe; man vermutet schnelle Freiwerdung von Kohlendioxid im Meer und Treibhauseffekte in der Atmosphäre.

(6.) Für ein weiteres Massensterben vor 202 Millionen Jahren vermutet man einen Meteoreinschlag.

(7.) Vergleichsweise sicher ist ein Meteoreinschlag als Ursache des bekanntesten Massensterbens vor ca. 65 Millionen Jahren. In den entsprechenden Sedimentschichten findet sich überall auf der Erde eine ungewöhnlich hohe Iridiumkonzentration, welche ein Hauptindikator für Meteoreinschlag ist. Ein Asteroid von etwa 10 km Umfang sauste damals mit etwa 40.000 Stundenkilometer in der Gegend von Yuktan in Mexiko auf die Erde; als Feuerball erzeugte er zunächst riesige Waldbrände (erschlossen aus Fossilien verbrannter Bäume), Aschenwolken, und eine einige Jahre anhaltende Verfinsterung und Abkühlung der Atmosphäre, gefolgt von einer anschließenden Wiederaufheizung durch hohe Kohlendioxid- und Wasserdampfkonzentration (Ward and Brownlee 2000, 157-160). Nicht nur die Dinosaurier, sondern mehr als 50% aller Spezies starben damals aus.

8.) Das jüngste und in seinen Ausmaßen durchaus vergleichbare öko-biologische Katastrophenereignis auf unserem Planeten ist schließlich die Massenvernichtung von ökologischen Ressourcen und Spezies durch die zivilisierte Menschheit. Schätzungen zufolge könnten bis 2300 zwei Drittel aller Spezies durch den Menschen vernichtet worden sein (Ward und Brownlee 2000, 183). Die Waldvernichtung, Bodenerosion und Wüstenbildung seit der Agrarrevolution wurde am Ende von Kap. 2.4 angesprochen.

Dass sich das Leben (zumindest bislang) jedesmal von solchen Katastrophen wieder erholte, ist Ward und Brownlee zufolge keinesfalls notwendig, sondern eher ein großes Glück. Während ihrer Schneeballzeiten und während der großen Massensterben vor 250 und vor 64 Millionen Jahren befand sich unsere Erde jedesmal am Rande des Grabes (ibid. 187f).

So wie die Inperfektheiten und Dysfunktionalitäten der Evolution sprechen auch die erdgeschichtlichen Katastrophen gegen die Grundannahmen jeglichen kreationistischen Weltbildes. Ein allmächtiger Gott hätte die Lebewesen zweifellos nicht derartig merkwürdig, suboptimal oder gar dysfunktional kreiert. Und ein allgütiger Gott hätte das Leben auf der Erde sicherlich nicht mehrmals einer Art russischen Roulettes ausgeliefert. Die letztere Argumentation reiht sich ein in das altehrwürdige Problem der *Theodizee*, also das Problem, wie die Annahme der Existenz eines allmächtigen und allgütigen Gottes angesichts der vielen Missstände in dieser Welt aufrecht erhalten werden kann – diese Problematik, welche schon den Aufklärern des 18. und 19. Jahrhunderts als Kern ihrer Religionskritik diente, wird durch die Fakten der Evolution noch einmal potenziert.

Zusammenfassend sprechen erfahrungswissenschaftliche Argumente also nicht nur gegen den strengen Kreationismus, sondern auch gegen den liberalen Design-Kreationismus. Die Argumentation gegen den Kreationismus ist damit allerdings noch nicht erschöpft. Es gibt nämlich auch raffinierte bzw. 'rationalisierte' Kreationisten, welche jegliches wissenschaftliche Wissen akzeptieren und sich damit begnügen, eine kreationistische Letzterklärung oben draufzusetzen, derzufolge ein Schöpfergott die Ursache von allem ist, ohne dass wir diesen Gott in seinen Intentionen und Plänen auch im entferntesten verstehen müssen (Sober spricht hier vom "trickster God"; 1993, 52). Diese Variante des Kreationismus ist tatsächlich immun gegen empirische Kritik, sie ist jedoch, wie in Kap. 5 gezeigt wird, *erkenntnismethodologisch* kritisierbar.

4.2 Kann das alles denn wirklich ohne das Wirken höherer Kräfte entstanden sein? Fundamentale Denkschwierigkeiten und ihre Auflösung

4.2.1 Zur Wahrscheinlichkeit der Entstehung höheren Lebens

Trotz alledem wird so mancher seine Schwierigkeiten damit haben, sich vorzustellen,

so etwas Wunderbares wie das Leben könne aus einer Serie von günstig selektierten Zufällen entstanden sein. Stellen wir hierzu einige Gedankenexperimente an. Zunächst gibt es eine einfache Überlegung, mit der wir die Schwierigkeiten des Common Sense präzisieren können. Gemäß den Ausführungen von Kap. 2.3 besitzt die DNS des Menschen bei konservativer Schätzung etwa 10^8 genetisch relevante (nicht-redundante) Nukleotid-Basen. Da es vier unterschiedliche Basen gibt, gibt es somit die schier unfassbare hohe Zahl von $4^{(10^8)}$, das sind ungefähr $10^{600.000.000}$ mögliche Basenanordnungen im genetischen Erbgut des Menschen, eine Zahl mit 600 Millionen Nullen. Geht man nun davon aus, dass die richtige Basenanordnung durch zufällige Mutationen gefunden werden muss, so ergibt sich in der Tat ein unvorstellbar langer Zeitraum, um zufällig die richtige Basenanordnung zu erreichen. Die Schätzung von 10^{-5} Mutationen pro Jahr und genetischem Locus von etwa 10^3 Basenpaaren bei Säugetieren ergibt etwa eine Mutation im Genom pro Jahr (gemäß der Näherungsformel von Fn. 23). Dies ergibt (gemäß derselben Näherungsformel) einen geschätzten Zeitraum von $10^{600.000.000}$ Jahren, oder das Alter des Universums 60 Millionen Mal mit sich selbst multipliziert. Diesem Gedankengang zufolge sollte man die Entstehung des Lebens durch Zufälle in der Tat ganz und gar ausschließen, so wie das schon Paley in seinem Uhrenbeispiel tat (s. Kap. 1.2).

Doch darin liegt ein kolossaler Denkfehler. Denn in der Überlegung wurde übersehen, dass die natürliche Selektion modular, also schritt- bzw. stückweise funktioniert, was bedeutet, dass das Ganze aus vielen unabhängig mutierenden und unabhängig selektierten Teilen besteht. Eine vorteilhafte Mutation für Nüsseknacken braucht nicht darauf zu warten, bis eine andere vorteilhafte Mutation für Bäumeklettern oder akustische Wahrnehmung eintritt. Dawkins (1987) hat dies vortrefflich anhand des Rätens einer 10-stelligen Zahl illustriert, die man sich am besten als zehnrädriges Zahlenschloss vorstellt (s. auch Sober 1993, 37f). Müsste man die Zahl auf einmal raten, also die zehn Räder jedesmal alle zugleich drehen, so bräuchte man im schlimmsten Fall zehn Milliarden Rateversuche, und wahrscheinlich etwa die Hälfte davon. Wenn man jedoch die Ziffern einzeln rät bzw. die Räder einzeln dreht, und

wenn man für jede richtige einzelne Ziffer eine Rückmeldung erhält (modulare Selektion), so bräuchte man im schlimmsten Fall nur $10 \cdot 10 = 100$ und wahrscheinlich etwa 50 Rateversuche. Auf diesem Mechanismus beruhen auch die Methoden des Knackens von Zahlenschlössern.

Was natürliche Selektion von bloßem 'Zufall und Selektion' unterscheidet, ist also wesentlich ihr modularer und inkrementeller Charakter, welcher schon Teilerfolge selektiert. Freilich beruhen nicht alle selektierten Merkmale auf unabhängig mutierenden genetischen Komponenten – doch immerhin viele. Das erste 'Unmöglichkeitsargument' ist damit ausgeräumt. Doch noch sind die Probleme nicht beseitigt. Selbst wenn man den partiell modularen Charakter der Selektion annimmt, scheint die Wahrscheinlichkeit immer noch sehr gering zu sein. An einem Gen findet (wie erwähnt) eine Mutation etwa alle 10^5 Jahre statt, was bei 10^3 Basen pro Gen etwa eine Mutation pro Jahr ausmacht. Nun wird natürlich nicht jedes Basenpaar einzeln selektiert. Die durchschnittliche Länge der unabhängig voneinander selektierten Basensequenzen ist unbekannt; sie könnte wesentlich geringer als die durchschnittliche Länge eines Gens sein. Stellen wir eine weitere 'Milchmädchenrechnung' an: angenommen Sequenzen von etwa 10 Basen werden unabhängig selektiert. Dann wird durch jährliche Mutationen etwa alle $4^{10} = \text{ca. } 10^6$ Jahre ein Treffer, also eine unabhängig selektierte Basensequenz erzeugt. Selbst unter dieser günstigen Annahme würde es durch unabhängiges Raten von 10er-Sequenzen immer noch $10^6 \cdot 10^7 = 10^{13}$ Jahre dauern, bis die richtige genetische Basenanordnung des Menschen entstünde. Das ist nun zwar keine 'unmöglich' hohe Zahl, aber immerhin 1000 mal so lange wie das Alter des Universums. Vermutlich sind jedoch die modular selektierten Basensequenzen durchschnittlich noch wesentlich länger als in unserer Annahme.

An dieser Stelle hilft uns jedoch ein weiteres mächtiges Argument auf, das die Wahrscheinlichkeit erneut hinaufsetzt und im nächsten Abschnitt besprochen wird.

4.2.2 Die Bedeutung der geschlechtlichen Vermehrung – ein Argument gegen Klonen

Mutationen bringen in den Genpool einer Spezies neue Allele ein, treten jedoch vergleichsweise selten auf. Die mit Abstand *wichtigste* genetische Variationsressource liegt nicht in Mutationen, sondern in der *Rekombination* des genetischen Materials durch die *geschlechtliche* Vermehrung. Schon Fisher hatte den Vorteil der geschlechtlichen Vermehrung, der in der Rekombination liegt, für das Zustandekommen multipler vorteilhafter Mutationen wie folgt begründet.²⁸ Betrachten wir zwei (oder mehrere) vorteilhafte Allelmutationen A und B, die mit einer Mutationswahrscheinlichkeit von sagen wir $p = 10^{-6}$ (einmal in 10^6 Jahren) auftreten. Dass diese sich gleichzeitig bei einem Individuum finden, hat die extrem geringe Wahrscheinlichkeit von $p^2 = 10^{-12}$ (einmal in 10^{12} Jahren); dass sie jedoch bei zwei verschiedenen Individuen einer Population von N Individuen auftreten, hat die wesentlich höhere Wahrscheinlichkeit von $N^2 \cdot p^2$ pro Generation (geschätzt gemäß der Näherungsformel von Fn. 23). Rekombination kann nun bewirken, dass durch geschlechtliche Reproduktion zweier Individuen, von denen eines die vorteilhafte Mutante A und das andere die vorteilhafte Mutante B besitzt, ein Nachkomme entsteht, der sowohl A wie B besitzt. Die Wahrscheinlichkeit, dass sich die A-Mutante mit der B-Mutante paart, ist $1/(N-1)$, was multipliziert mit $N^2 \cdot p^2$ etwa $N \cdot p^2$ ergibt. Mit r als Rekombinationswahrscheinlichkeit erhält man damit insgesamt $r \cdot N \cdot p^2$ als die Wahrscheinlichkeit des Auftretens zweier vorteilhafter Mutationen in einem Individuum. Wie in Kap. 2.2 erläutert liegt die Wahrscheinlichkeit einer Rekombination bei etwa 10%. Gegeben die realistische Annahme, dass N in der Größenordnung von $1/p$ (also 10^6) liegt, so steigt damit die Wahrscheinlichkeit zweier vorteilhafter Mutationen in einem Individuum drastisch an: von $p^2 = 10^{-12}$ auf $r \cdot p = 10^{-7}$, d.h. um das 100.000-fache.

Für mehrere unabhängige Mutationen werden die Überlegungen noch komplizierter. Aufgrund unseren Annahmen ($N = 1/p$, $r = 10\%$) wird im jährlichen Durchschnitt irgendwo in der Population etwa eine vorteilhafte Mutation erzeugt, die durchschnittlich alle 10 Generationen mit der bereits selektierten vorteilhaften Allelsequenz re-

²⁸ S. Ridley (1993), 271f. Die beispielhafte Kalkulation stammt vom Autor. Analoge Kalkulationen finden sich in Wilson (1975), 315f.

kombiniert wird. Bei einer Generationsdauer von 20 Jahren und unabhängigen selektierten 10er-Basensequenzen ergäbe sich damit ein Alter von etwa $10^7 \cdot 200 = 2 \cdot 10^9$ Jahren. Dass dies mit der tatsächlichen Evolutionszeit übereinstimmt, darf nicht darüber hinwegtäuschen, dass es sich dennoch um eine 'Milchmädchenrechnung' handelt; insbesondere weil die unabhängige Selektion von 10er Basensequenzen eine willkürliche und zu optimistische Annahme ist. Die Überlegung vermag aber zu zeigen, welchen enorm wahrscheinlichkeits erhöhenden Effekt die geschlechtliche Fortpflanzung für vorteilhafte Kombinationen besitzt.²⁹

Für die Menschheit ist Rekombination die kulturell entscheidende und historisch wahrnehmbare genetische Variationsquelle. Nach einer Faustregel des Soziobiologen Wilson (s. Lumsden und Wilson 1981) können sich kulturelle Unterschiede, welche unterschiedliche Selektionswirkungen auf die Genausstattungen haben, nach etwa 1000 Jahren in leichten Veränderungen der Genkombinationen bzw. des Genom-Pools niederschlagen. Dies darf nicht lamarckistisch missverstanden werden, so als ob kulturell Erworbenes irgendwann in die Gene Eingang findet, sondern beruht nur darauf, dass unterschiedliche Kulturen unterschiedliche genetische Rekombinationen selektieren. Z.B. könnte eine Kultur eher kampfstarke Männer, eine andere eher handwerklich geschickte und eine dritte sprachlich gewandte Männer als Paarungssubjekt begünstigen (usw.). Genetische Rekombinationen sind aber nicht nur für das Zusammenspiel von genetischer und kultureller Evolution des Menschen verantwortlich, sondern insbesondere und in erster Linie für die ungeheure *genetische Vielfalt*

²⁹ Wie Ridley (1993), 199ff, meint, können Rekombinationen auch nachteilig sein, nämlich wenn dadurch Allele auseinandergebrochen werden, die sich nur in Konjunktion vorteilhaft auswirken. Der von Ridley angesprochene Nachteil wirkt sich nur aus, solange die Allelkombination nicht schon durch Selektion fixiert wurde. In Bezug auf die evolutionäre Entstehung der abhängig selektierten Allelkombination sollte man dagegen nicht vom 'Nachteil', sondern nur vom 'Wegfall des Vorteils' von Rekombination sprechen. Der enorme Vorteil genetischer Rekombinationen zeigt sich auch daran, dass es in der gesamten Evolution nur wenige Beispiele ungeschlechtlicher Vermehrung gibt, sowie daran, dass Chromosomen die in Kap. 2.2 erwähnten Sollbruchstellen für Crossing Over besitzen.

des Menschen. Dies mag folgende Überlegung illustrieren. Angenommen es gibt nur 1000 menschliche Gene, die in (mindestens) zwei relevanten Allelen vorliegen (die anderen Gene seien fixiert, d.h. liegen in nur einem Allel vor). Dann gäbe es immerhin 2^{1000} mögliche Genome bzw. mögliche genetische Ausstattungen, die mit dem derzeitigen Allelpool von *Homo sapiens* durch Rekombination gebildet werden können, ohne dass eine neue Mutation erforderlich wäre. Dies ist eine astronomisch hohe Zahl von unterschiedlichen möglichen Menschengenomen bzw. genetisch unterschiedlichen Menschen, eine Zahl mit etwa 300 Nullen ($2^{1000} = \text{ca. } 10^{300}$), mehr als es Elementarteilchen im Universum gibt. Die ca. 10^{10} Menschen, die derzeit bzw. in naher Zukunft auf unserem Planeten leben, realisieren nur einen winzigen Bruchteil dieser ungeheuren rekombinatorisch-genetischen Diversität (ein Zehn-hoch-Dreißigstel, oder das Verhältnis eines einzelnen Wassermoleküls zu einer Tonne Wasser). Auch aus genetischer Perspektive ist somit jeder Mensch in der Tat ein *einzigartiges Individuum* in dem ungeheuren kombinatorischen Möglichkeitsraum, und die sexuelle Vermehrung des Menschen bringt immer wieder genetisch neuartige Menschen hervor.

Aus diesen Überlegungen folgt ein grundsätzliches Argument gegen das *Klonen* des Menschen, also seine ungeschlechtliche Reproduktion durch Erzeugung einer genidentischen Kopie eines Individuums mittels Einbringung seiner Körperzellen-DNS in den Kern einer Eizelle und zygotischer Aktivierung dieser Eizelle. Dies sei hier betont, da in der gegenwärtigen bioethischen Kontroverse die Möglichkeit der menschlichen Fortpflanzung durch Klonen heiß diskutiert wird. So führt Birnbacher (2006, 154-163) in mehreren Überlegungen aus, dass menschliche Reproduktion durch Klonen in keiner ersichtlichen Weise gegen das Prinzip der 'menschlichen Würde' verstoße, was die Gegner des Klonens behaupten. Bedauerlicherweise taucht aber nirgends in dieser Kontroverse das *entscheidende* biologische Argumente gegen das Klonen auf, das folgendermaßen lautet: Würde sich die Menschheit von heute an nur mehr durch Klonen vermehren, so wäre der Riesenraum von möglichen genetischen Ausstattungen von heute an auf den winzigen Bruchteil der bestehenden Ge-

nomvarianten eingefroren. Es könnten nur mehr jene genetischen Ausstattungen reproduziert werden, welche bereits heute in irgendeinem Menschen existieren, und die genetische Vielfalt der Menschen wäre extrem eingeschränkt. Menschen mit neuen genetischen Ausstattungen würden von nun an solange nicht mehr entstehen, solange keine neue nicht-neutrale und nicht-letale Mutation eintritt, deren Wahrscheinlichkeit aber wie erläutert so gering ist, dass dies die nächsten 10.000 bis 100.000 Jahre nicht zu erwarten ist. Noch drastischer wird der Verlust an genetischer Vielfalt, wenn man bedenkt, dass sich reiche Menschen wesentlich häufiger klonieren würden als arme, und somit jede Generation ein gewisser Prozentsatz aller Genome aussterben würde. Langfristig wäre damit die Gefahr der genetische Degeneration (d.h. der Zunahme von Gendefekten) und eventuell des Aussterbens der Menschen vorprogrammiert (abgesehen von der in Kap. 2.3 erwähnten epigenetisch bedingten geringeren Resistenz geklonter Organismen). Daher wäre die Menschheit extrem schlecht beraten, in Zukunft geschlechtliche Reproduktion teilweise durch Klonierung zu ersetzen, auch wenn dies mittlerweile fast schon im Bereich des technisch Möglichen liegt – mittlerweile ist die Klonierung von Schafen und anderen Säugetieren bereits gelungen.³⁰

4.2.3 Das Problem der Makrotransformationen: Exadaption und Präadaption

Durch den Mechanismus unabhängig selektierter Teilmutationen zusammen mit den Vorteilen geschlechtlicher Reproduktion gelang es uns, wesentlichen Argumente für die extreme Unwahrscheinlichkeit der Entstehung höheren Lebens durch Mutation und Selektion zu widerlegen. Nicht alle Gene bzw. Genkomponenten mutieren aber unabhängig. Komplexe phänotypische Merkmale beruhen im Regelfall auf der richtigen Kombination von mehreren Allelen, die nicht einzeln, sondern nur in ihrem Zu-

³⁰ Analoge Überlegungen gelten daher auch für nichtmenschliche Spezies: nicht nur, wenn man diese als Wert an sich ansieht, sondern auch aus der anthropozentrischen Perspektive des Züchters wäre die Einfrierung des Genombestandes einer Zuchtspezies durch Klonierung sehr bedenklich. In Ausnahmefällen kann die Klonierung nichtmenschlicher Spezies freilich auch vorteilhaft sein.

sammenwirken selektiert werden. Die obigen Argumente greifen in diesem Fall nicht. Wir werden hier erneut auf das Problem der *Makrotransformationen* geführt, welches immer schon eine Hauptschwierigkeit der darwinschen Evolutionstheorie war.

Um Missverständnissen vorzubeugen, mit 'Makrotransformationen' meinen wir hier nicht 'Makromutationen' im Sinne zufälliger Änderungen großer Genombestandteile, etwa durch Transkopierungen von ganzen Chromosomabschnitten in andere Chromosomenbereiche (Ridley 1993, 549). Solche gibt es auch, und sie produzieren viel häufiger die in Kap. 2.2 erwähnten 'makromutationalen Monster' als vorteilhafte neue Formen. Wir beziehen den Begriff der Makrotransformation vielmehr auf die Entstehung neuartiger komplexer Merkmale, Körperformen oder Fähigkeiten, für deren Zustandekommen die Kombination vieler Gene verantwortlich ist. Man spricht hier auch von *multiplikativer Fitness* (erst das Zusammenwirken mehrerer Gene bewirkt ein Merkmal), im Gegensatz zur additiven Fitness, wo jedes Gen allein schon eine partielle Merkmalsausbildung bewirkt (ibid. 194f). Auch hierfür gibt es mittlerweile plausible evolutionäre Erklärungen, denen wir uns hier zuwenden.

Das grundsätzliche Problem der Entstehung neuer Makrostrukturen durch sukzessive Mutationen ist die anscheinende Notwendigkeit der Durchschreitung eines *Fitnessstals*. Wir haben dieses Problem schon zweimal angeschnitten. In Kap. 2.1 anhand der Evolution von Vogelflügeln, deren winzige Vorformen (Stummelflügel) im Vergleich zu Greifarmen die Fitness zunächst herabzusetzen scheinen. Und in Kap. 2.4 anhand des Übergangs von prokaryontischen zu eukaryontischen Zellen, in dem Prokaryonten ihre schützende starre Zellwand aufgeben mussten, was ihre Fitness ebenfalls zunächst herabsetzte. Diese Situation ist in Abb. 4-2 veranschaulicht.

Wenn die Entstehung eines neuen Makromerkmals jedesmal das Durchschreiten eines für die evolvierende Spezies lebensbedrohlichen Fitnessstals erfordert, warum sind in der Evolution dann so viele neue Makromerkmale entstanden, ohne dass dabei alle Spezies ausgestorben sind? Auch hierfür gibt es eine Lösung, die zumindest in den meisten Fällen die fehlende Erklärung nachliefert und die Wahrscheinlichkeit des Vorgangs erhöht. Sie besteht darin, dass es während einer Makrotransformation spe-

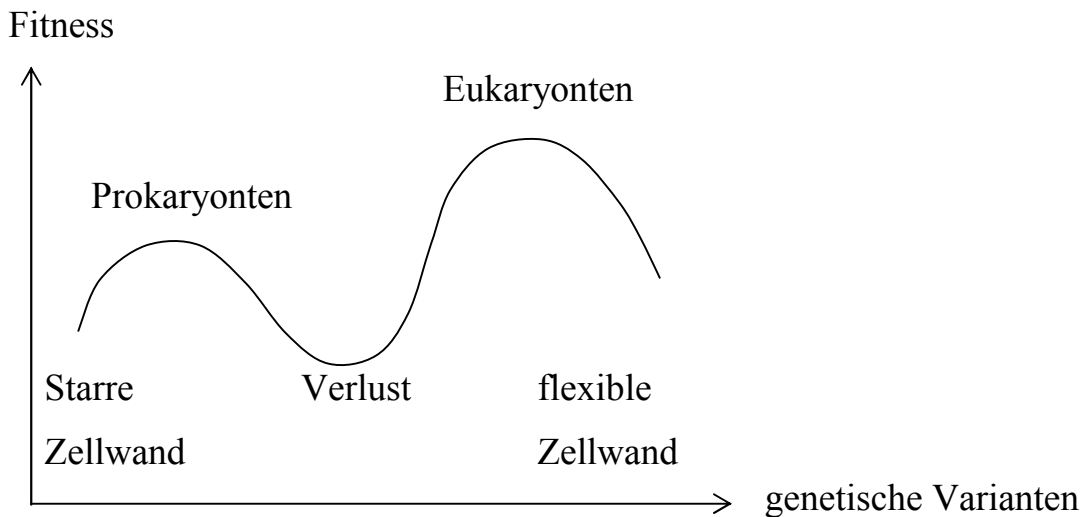


Abb. 4-2: Durchschreiten eines Fitnessstals.

zifische Übergangsformen gibt, die eine rudimentäre *Vorform* des neuen Makromerkmals besitzen, welche in der gegebenen Umgebung eine *andere* als die spätere Funktion, sozusagen eine *Vorfunktion* ausübten, aufgrund derer sich bereits die Vorform als fitnesserhöhend auswirken konnte.

Wir illustrieren den Vorgang zunächst am Beispiel des evolutionären Übergangs von Fischen zu Amphibien. Wir fragen uns: wie konnte der Übergang von Fischen zu Amphibien vor sich gehen, wenn sich einerseits die neuen Makromerkmale von Amphibien, also Füße und Lungen, bei Fischen nur nachteilig auswirken, und wenn andererseits Fische ohne Füße oder Lungen auf dem Land ganz schnell sterben würden? Wie kann eine solche Makrotransformation überhaupt vor sich gehen?

Sämtliche landlebenden Wirbeltiere (die Tetrapoden oder Vierfüßler) stammen von den Vorfahren der tetrapodischen Knochenfische ab, den (damaligen) Quastenflossern. Diese besitzen im Gegensatz zu (fast) allen anderen Fischen – die als Strahlenflosser zusammengefaßt werden – keine vertikal anliegenden Flossen, sondern ähnlich den Füßen eines Wirbeltieres seitlich-horizontal anliegende Vorder- und Hinterflossen. Man vermutet, dass die Quastenflosser als Vorfahren der ersten Amphibien in seichten Gewässern am Wassergrund und Uferrand mit ihren Flossen 'watschelten' und dort Nahrung aufnehmen konnten, an welche die anderen Fische nicht

herankamen. Gelegentlich watschelten sie dabei auch aus dem Wasser heraus, und legten ihre Eier im Nass-Schlamm außerhalb des Wassers ab. Dies bedeutete einen enormen Selektionsvorteil, weil es dort keine Räuber gab. Während einer Übergangszeit von Jahrtausenden wurden immer fußähnlichere Flossen selektiert, sowie lungenartige Atmungsorgane (neben den Kiemen) für die Atmung außerhalb des Wassers. Grundsätzlich ist ja auch die Haut und insbesondere die Schleimhaut in der Lage, Sauerstoff aus der Luft aufzunehmen, und man nimmt an, dass sich Vorformen von Lungen aus einer nach innen gestülpten Vergrößerung der Mundschleimhaut herausbildeten. Sobald den derart modifizierten Prä-amphibien längere Aufenthalte am Land möglich waren, war eine explosionsartige Vermehrung und Diversifizierung der neuen Wesen auf dem Land die Folge, denn diese Zone war bisher unbesetzt und beherbergte Unmengen neuartiger ökologischer Nischen, die neuen Lebensformen Raum gaben.

Aus der Sicht der früheren Form bzw. Vorform nennt man diesen Vorgang eine *Exadaption*: ein ehemals zu anderen Zwecken selektiertes Merkmal nimmt eine andere Funktion an. Aus der Sicht der späteren Funktion spricht man auch von *Präadaption*: das der Vorfunktion dienende Merkmal war 'wie dazu geschaffen', später einer anderen und ganz neuartigen Funktion zu dienen – wobei man das "wie dazu geschaffen" freilich nicht im teleologischen oder kreationistischen Sinn missverstehen darf, als wäre dies von höherer Hand so geplant gewesen (s. auch Ridley 1993, 329f). In diesem Sinn waren die tetrapodisch angeordneten Flossen der Quastenflosser eine Präadaption für die Füße der Amphibien, bzw. waren die letzteren eine Exadaption der ersteren. Der Prozess der Präadaption bzw. Exadaption ist in Abb. 4-3 anschaulich dargestellt: die Fitnesslandschaft wird durch ihn von einer Berg-und-Tal-Bahn in einen sanften Anstieg transformiert.

In analoger Weise konnte man eine Reihe von weiteren Makrotransformationen erklären:

Der Übergang von Sauriern zu Vögeln: Wie haben Vögel ihre gefiederten Flügel

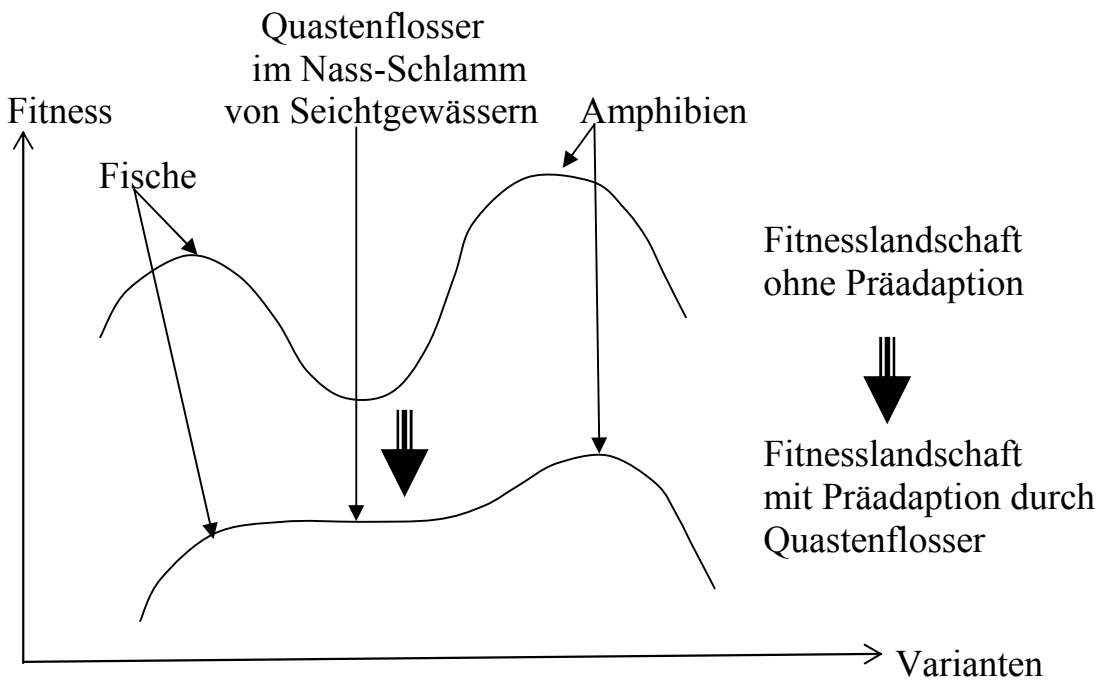


Abb. 4-3: Transformation der Fitnesslandschaft durch Präadaption (bzw. Exadaption). Anhand des Übergang von Fischen zu Amphibien über Quastenflosser.

entwickelt? Vögel stammen von gewissen Sauriern ab. Bei einigen Sauriern hat sich ein Federkleid mit der Vorfunktion der Thermoregulation entwickelt (Millikan 1989, 44). Mittlerweile fand man Fossilien befiederter Saurier in der Größe heutiger Laufvögel. Vögel sind ja, wie Säugetiere, Warmblüter, können also ihre Körpertemperatur auch in kalter Umgebung hoch halten, was Reptilien nicht können – sie verfallen bei Kälte in Regungslosigkeit, was eventuell mitverantwortlich für das Aussterben der Saurier in einer Kälteperiode nach dem Kometeneinschlag war. Der leichte Knochenbau hatte sich ebenfalls schon bei den Sauriern entwickelt, da diese sich aufgrund ihrer Größe ohne extrem leichte Knochen nicht hätten fortbewegen können. Flügel könnten sich aus befiederten Flughäuten entwickelt haben. Hautspannen zwischen Finger- bzw. Zehengliedern und auch zwischen Körper und Extremitäten, haben sich ja mehrmals in der Evolution entwickelt; bei wasserlebenden Säugetieren und Vögeln zu Flossen, und bei baumlebenden Reptilien und Säugetieren (Fledermäusen etc.) zu Mitteln für den Gleitflug von Baum zu Baum.

Die Entstehung warmblütiger Säugetiere: Die ersten Säugetiere während der Vorherrschaft der Saurier haben sich vorwiegend nachtaktiv entwickelt. In Bezug auf das

Erfordernis der Aufrechterhaltung der nötigen Körpertemperatur während der kalten Nachtzeit waren sie daher besonders starker Selektion ausgesetzt. Durch ihre Warmblütigkeit konnten sie sich globalen Eiszeiten wesentlich besser anpassen als Saurier.

Der Übergang von Landsäugetern zu wasserlebenden Säugern: Wale (und später andere wasserlebende Säuger) haben sich vor etwa 50 Millionen Jahren aus nilpferdähnlich lebenden Huftieren Pakistans entwickelt. Während einer Übergangszeit von mehreren Millionen Jahren haben sich deren Füße wieder in flossenartige Extremitäten verwandelt; fossile Übergangsformen wie z.B. der Pakicetus sind bekannt (s. de.wikipedia.org/wiki/Wale). Kiemen haben sich nicht neu gebildet, stattdessen können wasserlebende Säugetiere die (über Nasenlöcher geatmete) Luft lange anhalten, müssen aber zum Luftholen regelmäßig auftauchen.

Die Ausbildung eines lernfähigen Gehirns bei Homo sapiens: Das immer größer werdende Gehirn der Hominiden erforderte eine immer längere und riskantere Tragezeit des Embryos. Eine Lösung könnte gewesen sein, das Gehirn noch nach der Tragezeit weiterwachsen zu lassen. Die durch diese Vorfunktion entstandene Plastizität des Gehirns im Kinde könnte in weiterer Folge die Grundlage der Herausbildung der systematischen Lernfähigkeit von Homo sapiens gewesen sein.

Der Übergang von Prokaryonten zu Eukaryonten: Wie hier das (in Abb. 4-3 erläuterte) Fitnessstal überwunden wurde und welche Präadaptionen im Spiel waren, ist ungeklärt. Ein Grund für die enorm lange Zeit von knapp zwei Milliarden Jahren dürfte sein, dass dieser Übergang sehr schwierig und riskant war. Einen Hinweis liefert die Tatsache, dass es eine Sondergruppe der Bakterien, die Archaeobakterien gibt, welche man früher für eine besonders alte Bakterienstammart hielt, die aber nach neueren Erkenntnissen mehr Gemeinsamkeiten mit den Eukaryonten als mit den restlichen Bakterien (den Eubakterien) hat, weshalb man sie heute als Schwesterspezies der Eukaryonten betrachtet.³¹ Archaeobakterien besitzen im Gegensatz zu den Eubakterien keine feste mureinhaltige Zellstützwand, sodass ihre Vorgänger der Ausgangs-

³¹ S. Maynard-Smith und Szathmáry (1996), 125f, Cavalier-Smith 2002, Szathmáry und Wolpert (2003), 272; de.wikipedia.org/wiki/Evolution.

punkt der Eukaryontenevolution gemäß der Endosymbiontenhypothese (s. Kap. 2.4) gewesen sein können.

4.3 Aber wie entsteht die erste Zelle? Kooperation unter RNS-Molekülen und die präbiotische Evolution primitivsten Lebens

Wir haben nun zahlreiche plausible Entwicklungsszenarios und Erklärungen zur Evolution des Lebens kennengelernt, beginnend mit den primitivsten Zellen, den Prokaryonten. Aber wie kommt es zur Entstehung der ersten Zelle? Kritiker könnten einwerfen, dies vermöge die Evolutionstheorie nicht mehr zu erklären, da biologische Evolution im engeren Sinn erst beginnt, wenn die grundlegenden reproduktiven Einheiten des Lebens, die Zellen, bereits gebildet sind. Haben evolutionäre Erklärungen an dieser Stelle ihre Grenzen? Nein, keinesfalls. Doch um die Erklärung weiterzuführen, müssen wir hier zum ersten Mal einen Schritt tun, der auch im weiteren Verlauf des Buches zentral sein wird: die Verallgemeinerung der Evolutionstheorie und ihre Übertragung auf andere Bereiche. Auch die sogenannte *präbiotische* Entwicklung, welche zur ersten Zelle führte, läßt sich mithilfe von Reproduktion, Mutation und Selektion beschreiben, nur dass es sich bei den reproduktiven Einheiten nun nicht mehr um Organismen oder Zellen, sondern um einzelne RNS-Ketten handelt. Obwohl es von dieser Epoche der Evolution (vor etwa 3 Milliarden Jahren) so gut wie keine Fossilien gibt, ist darüber doch aufgrund von Laborexperimenten, indirekter Evidenz und theoretischen Überlegungen etliches bekannt.

Ende der 1960er Jahre wurde in chemischen Laborexperimenten gezeigt, wie aus den chemischen Hauptbestandteilen der Atmosphäre der Urerde, nämlich Wasser, Methan und Ammoniak (welche ihrerseits schon in stellarem Planetenstaub zu finden sind) durch Blitze bzw. Funkentladungen die chemischen Grundbausteine des Lebens entstehen können, wie z.B. Aminosäuren, Nukleinsäuren und andere organische Verbindungen (die sogenannte 'Ursuppe'; s. Miller 1953, Maynard-Smith und Szathmáry 1996, 27-30). Aus diesen Grundbausteinen konnten sich auch kürzere RNS-Ketten

bilden, wobei man zur Erklärung der Ribose-Nukleotid-Bindungen die katalytischen Wirkungen von Kristallen oder Felloberflächen vorgeschlagen hat (ibid. 31, 73). Die präbiotische Evolution vollzog sich daher höchstwahrscheinlich über RNS-Ketten, die um im Wasser umherschwimmende Nukleotide als ihre 'Nahrungsbestandteile' konkurrierten, mithilfe derer sie sich replizieren können. Jene RNS-Ketten, die sich am schnellsten replizierten, verdrängten die anderen. Die Ausbildung und Replikation von unterschiedlichen RNS-Ketten aus Nukleotiden konnte im Reagenzglas simuliert werden (Spiegelmann 1970; www.mpibpc.mpg.de/groups/biebricher/evolution_in_vitro.html).

Die Sache hat jedoch einen Haken: wie Eigen (1971) durch Experimente und Berechnungen zeigte, können sich aufgrund der gegebenen (empirisch ermittelten) *Kopierfehlerrate* RNS-Ketten nur bis zu einer Länge von etwa 100 Basen replizieren. Darüber hinaus setzt Randomisierung ein, d.h. Mutanten werden annähernd gleichhäufig wie die Hauptsequenz und nachhaltige Reproduktion von Ketten wird unmöglich (s. dazu auch Kap. 9.6.3). Damit sich längere RNS-Ketten replizieren können, benötigen sie geeignete Proteine als Enzyme (bzw. 'Hilfsmaschinen'). Andererseits aber werden Proteine ihrerseits erst durch längere RNS-Ketten synthetisiert. Das sogenannte *Eigensche Paradox* (ibid. 48) besteht knapp formuliert also in folgendem: ohne enzymatische Proteine keine langen RNS-Ketten, ohne lange RNS-Ketten keine Proteine. Wie konnten dann aber längere RNS-Ketten zusammen mit ihren Replikationsenzymen überhaupt erst entstehen?

Der erste Schritt zur Lösung des Rätsels ergab sich, als man herausfand, dass gewisse RNS-Ketten auch selbst enzymatische Funktion besitzen, also anderen RNS-Ketten dabei helfen können, sich zu replizieren. Man vermutete daher, dass das Anfangsstadium der präbiotischen Evolution eine reine RNS-Welt ganz ohne Proteine war. Erst später wurde die enzymatische Funktion von RNS-Ketten durch Proteine übernommen, wobei an Nukleotide geheftete Aminosäuren vermutlich zunächst die Rolle von Koenzymen gespielt haben (ibid. 51, 60ff, 89). Damit nahm das Studium der RNS-basierten präbiotischen Evolution eine interessante Wendung, da sich dabei

ein Problem ergab, welches man in ähnlicher Form in einem ganz anderen Bereich, nämlich der Evolution menschlichen Sozialverhaltens, vorfindet – das Problem der Evolution von *Altruismus* und *Kooperation*. Eine RNS-Kette, die anderen dabei hilft, sich zu replizieren, agiert altruistisch, denn sie kann sich während ihrer enzymatischen Tätigkeit nicht selbst replizieren. Ihre enzymatische Hilfstätigkeit für andere RNS-Ketten geht auf Kosten ihrer eigenen Fortpflanzungsrate. Egoistische RNS-Ketten, die nur sich selbst replizieren und keine enzymatische Hilfsfunktion übernehmen, replizieren sich schneller als altruistische. Doch wenn das so ist, sind dann nicht die Altruisten evolutionär dazu verurteilt, auszusterben? Dies ist das fundamentale Problem der Evolution von Altruismus (s. Kap. 8.4, 16).

Ein naheliegender Lösungsversuch dieses Problems scheint Kooperation zu sein, welche auf *reziprokem* Altruismus beruht: ich helfe dir, und du hilfst mir. In der Tat beruhte der erste Vorschlag zur Lösung des Eigenschen Paradoxes, der sogenannte *Hyperzyklus*, auf reziproker Kooperation (ibid 50f; Eigen 1971; Eigen und Schuster 1977). Dabei wird angenommen, dass die sich zyklisch reproduzierenden RNS-Ketten ihrerseits in einem Hyperzyklus anordnen. In einem solchen Hyperzyklus hilft jede RNS-Kette jeweils der nächsten, sich zu replizieren – ähnlich wie in einem Zyklus von Personen, die ganz ohne Stühle jeweils auf den Knien ihres Hintermannes sitzen (das funktioniert; man probiere es aus). In der Folge repliziert sich jede RNS-Kette gleich schnell und kein Glied des Hyperzyklus stirbt aus. In der Mitte von Abb. 4-4 ist ein Hyperzyklus abgebildet.

Das Problem solcher zyklisch-reziproker Kooperationsstrukturen ist ihre Instabilität gegenüber dem Eindringen von *Parasiten* bzw. 'Trittbrettfahrern', wie man sie in der Diskussion menschlichen Kooperationsverhaltens nennt. Darunter versteht man egoistische Individuen (hier: RNS-Ketten), die in Kooperationssysteme eindringen und sich helfen lassen, ohne selbst zu helfen. Durch ihre schnellere Vermehrung verdrängen solche Parasiten, wenn einmal eingedrungen, die kooperierenden Individuen und führen so zum Zusammenbruch des Kooperationssystems – ähnlich wie im obigen Beispiel der Sitzkreis zusammenstürzt, wenn auch nur eine Person ihren Vor-

dermann von ihren Knien schiebt (zum Ausprobieren nur auf weichen Böden geeignet).

Die nächstbessere von Eigen et al. (1981) vorgeschlagene Lösung besteht darin, einen Hyperzyklus zu *kompartimentieren*, d.h. durch eine *Membran* einzuschließen, um so das Eindringen von Parasiten zu verhindern (Maynard-Smith und Szathmáry 1996, 53ff). Damit sind wir beim entscheidenden Schritt zur Entstehung einer *Protozelle*, der Vorform erster Zellen. Doch wie konnte wiederum dies ohne eine 'planende Hand' geschehen? Auch hierfür gibt es ein plausibles Modell. Als intermediäre Kompartimentierung könnte der Einschluss eines RNS-Hyperzyklus in kleine Räume auf Felsenoberflächen vulkanischen Gesteins gedient haben. Mineralische (speziell pyrithaltige) Felsoberflächen fixieren mit ihren positiv geladenen Ionen organische Makromoleküle und katalysieren chemische Reaktionen, wie z.B. die Bildung von RNS-Ketten (ibid. 98ff; Wachterhäuser 1988). Zugleich lagern sich daran auch gelegentlich membranbildende Lipidschichten an. Lipidmoleküle bestehen aus einem hydrophilen ('wasserzugeneigtem') 'Kopf' und einem hydrophoben ('wasserabgeneigten') Schwanz. Membranen sind Lipiddoppelschichten, welche die hydrophoben Schwänze zueinander nach innen gekehrt und die hydrophilen Enden zum Gestein sowie zum Wasser gekehrt haben. Bei der Ablösung einer Lipiddoppelschicht vom

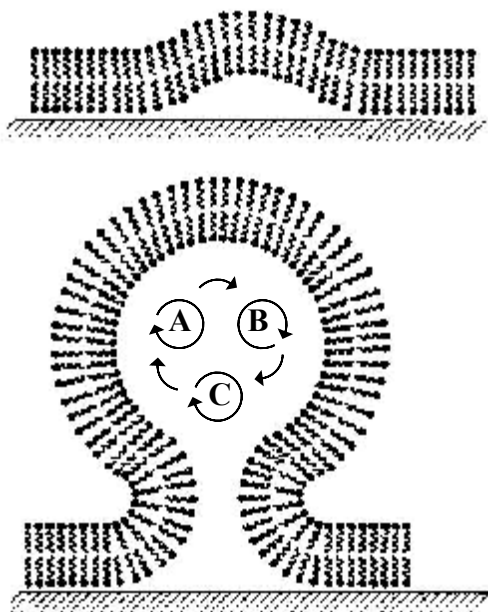


Abb. 4-4: Entstehung einer Protozelle.

Ablösung einer membranbildenden Lipiddoppelschicht, welche einen RNS-Hyperzyklus einschließt, von vulkanischem Gestein (verändert nach Maynard-Smith und Szathmáry 1996, 101).

Felsen nimmt die Membran die energetisch begünstigte Kugelform an, bei der keine hydrophoben Enden nach außen gekehrt sind). Befindet sich nun unterhalb der Lipidschicht ein Hyperzyklus, so wird dieser in das Vesikel eingeschlossen, und eine erste Protozelle ist entstanden. Abb. 4-4 illustriert diesen Prozess.

Die Lipidmembran schirmt die darin kooperierenden RNS-Ketten von parasitären RNS-Ketten ab, lässt aber kleinere Moleküle (Nukleotidbausteine) durch und ermöglicht so weiteres Wachstum. Eine vollwertige prokaryontische Zelle ist damit noch nicht gegeben; insbesondere muss die (ungeschlechtliche) Zellteilung entwickelt werden. Aber selbst dafür gibt es ein Entstehungsmodell, das diesmal auf einem grundlegenden mathematischen Sachverhalt beruht. Wenn nämlich Zellinneres und Zellmembran gleich schnell wachsen, kommt es zu einer überproportionalen Vergrößerung der Membranoberfläche im Verhältnis zum Zellinneren. Denn das Volumen ist proportional zur dritten Potenz, die Oberfläche jedoch nur zur zweiten Potenz des Durchmessers – verdoppelt sich der Durchmesser, so verachtfacht sich das Volumen, während sich die Oberfläche nur vervierfacht. Vesikelwachstum führt auf diese Weise nach und nach zur Ausbeulung der Membran und Einschnürung des Vesikels in der Mitte, bis sich daraus zwei Vesikel bilden (ibid. 103). Wenn sich dazu noch ein Mechanismus der Aufteilung der RNS auf beide Tochtervesikel hinzugesellt, dann sind damit selbst-replizierende Protozellen entstanden.

Auch damit sind aber noch nicht alle Probleme gelöst. Parasiten-RNS kann nicht nur von außen eindringen, sondern auch durch Mutation im Inneren entstehen – analog wie in menschlichen Gesellschaften spontan immer wieder neue Trittbrettfahrer auftauchen. Bei einer hinreichend hohen Parasiten-Mutationsrate lässt sich zeigen, dass alsbald sämtliche kooperierende RNS-Ketten von egoistischen verdrängt wären. Dieses wohl schwierigste Problem der Evolution von Kooperation stellt sich ebenso im Bereich menschlichen Sozialverhaltens, und die in der Literatur hierzu vorgeschlagenen Lösungsansätze liefern bestenfalls Teillösungen (näheres in Kap. 16). Zwei dieser Lösungsansätze seien hier knapp angeführt.

Erstens kann man, gemäß dem Modell der 'Gruppenselektion', die Evolution von

Kompartimenten betrachten, die unterschiedlich aus Egoisten und Altruisten zusammengesetzt sind.³² In der sich daraus ergebenden Evolutionsdynamik vermehren sich zwar jene Gruppen besser, die eine höhere Häufigkeit an Altruisten besitzen. Doch zugleich nimmt innerhalb jeder Gruppe der Anteil an Egoisten langsam zu, was langfristig bedeuten würde, dass alle Altruisten aussterben. Der erste Lösungsvorschlag besteht nun darin, die Gruppen nach einigen Vermehrungszyklen neu zu mischen und die Individuen auf die Kompartimente neu aufzuteilen – dadurch kann die Häufigkeit von Altruisten konstant hoch gehalten und deren Aussterben verhindert werden. Diese Lösung bedeutet jedoch, dass sich der RNS-Inhalt von Protozellen bei ihrer Teilung auf andere Membranvesikel neu verteilt, was als Vorstadium eine Rolle spielen kann, jedoch keiner Replikation einer ganzen Protozelle entspricht.

Eine *zweite* Lösungsmöglichkeit besteht darin, dass die Zelle Mechanismen entwickelt, um die Replikation von parasitären RNS-Mutationen zu verhindern. In der DNS heutiger Lebewesen wird dies durch zahlreiche DNS-Reparaturenzyme bewerkstelligt, welche mutierte DNS-Abschnitte entweder wiederherstellen oder aber deaktivieren (die sogenannten Junk-DNS-Abschnitte, die während der Translation herausgespleißt werden, könnten Spuren einstmaliger parasitärer DNS sein). Wenn die Replikationsrate parasitärer Mutanten nahe bei Null gehalten wird, kann sich eine nachhaltig stabile Replikation der Protozelle bei gleichbleibend gering gehaltener Mutantenrate herausbilden. Übertragen auf menschliche Gesellschaften entspricht diese zweite Lösungsmöglichkeit der Einführung von Sanktionsmechanismen gegen Trittbrettfahrer, die bewirken, dass sich Trittbrettfahren nicht mehr lohnt (nähere Details und Kritik zu beiden Lösungsvorschlägen finden sich in Kap. 16).

4.4 Wunder des Lebens und Wunder der Zeit: quasi-göttliche Unvorstellbarkeiten

Auch wenn die Evolutionstheorie noch so beeindruckende Erklärungsversuche vor-

³² Vgl. E.O. Wilson (1975), 109ff; D. Wilson (1980); Sober und Wilson (1998), 24f; Maynard-Smith und Szathmáry (1996), 55-57.

bringen kann, so widerstrebt es dennoch der Intuition und Vorstellungskraft vieler Menschen, dass das Wunder des Lebens tatsächlich auf 'banal' materialistische Weise ohne göttlichen Schöpfungsplan zustande gekommen sein soll. So wollen wir in diesem Abschnitt über die Gefühle der Ehrfurcht und des grenzenlosen Staunens sprechen, die viele Menschen angesichts der Wunderbarkeit der Natur und des Lebens um uns herum verspüren. Der Versuch, sich anschaulich vorzustellen, wie diese unbegreiflich großartigen Systeme des Lebens durch Iteration von Mutation, Reproduktion und Selektion entstanden sein sollen, wird bei dem meisten Menschen wohl zum Scheitern verurteilt sein. Der Verstand mag zurecht einwenden, dass es eben viele Dinge gibt, die man sich nicht mehr intuitiv vorstellen, sondern nur mehr theoretisch-gedanklich erklären kann – allein dies bewirkt im Regelfall noch keine Änderung des unbefriedigenden Gefühlszustands. Wenn es Ihnen so geht, liebe Leserin und lieber Leser, dann könnte ein einfaches Gedanken- oder besser Gefühlsexperiment ihre Sichtweise verändern – jedenfalls hat es das bei mir getan. Die subjektive Unvorstellbarkeit der evolutionären Entstehung des Lebens wird nämlich *kompensiert* durch eine parallele Unvorstellbarkeit: nämlich die schiere Unendlichkeit des Zeitraumes von drei Milliarden Jahren Evolution. Wir können uns, wenn wir älter geworden sind, lebhaft vorstellen, was sich alles in hundert Jahren abgespielt und verändert hat, und wir haben gerade noch eine Vorstellung davon, was sich in einem Riesenzeitraum von tausend und vielleicht sogar einigen Tauend Jahren getan hat, von Julius Cäsar bis Barack Obama. Aber schon wenn wir versuchen, uns den Riesenzeitraum von einigen Hunderttausend Jahren vorzustellen, uns auszumalen versuchen, wie Abertausende von Generationen kommen und gehen, geraten wir an die Grenze der anschaulichen Vorstellungskraft, geschweige denn bei Hunderten von Millionen Jahren. Wir können uns vorstellen, wie in Zehntausenden von Jahren die Behaarung des Menschen abnahm; wie jedoch in Millionen von Jahren aus Huftieren Wale wurden, übersteigt unsere Vorstellungskraft, ganz abgesehen davon, wie in Milliarden von Jahren aus RNS-Ketten Menschen wurden, obwohl es nach demselben Prinzip funktioniert.

Wenn wir also im Wunder des Lebens etwas Höheres, Unvorstellbares und quasi

Göttliches sehen, dann sollten wir dies auch im Wunder des schier unendlichen Zeitraumes sehen, in welchem die Evolution schon gewirkt hat, und auf dessen Rücken wir erst seit evolutionären Sekundenbruchteilen aufgesprungen sind, um die gegenwärtigen sichtbaren Ausläufer jener evolutionären Produkte zu bewundern, und leider auch zu vernichten, deren aufgespeicherte Intelligenz das Resultat dieses unvorstellbar langen Evolutionszeitraumes ist. In jedem noch so alltäglichen und für uns Menschen selbstverständlichen Lebewesen, sei es ein Baum oder eine Vogelspezies, steckt die aufgespeicherte Intelligenz dieses schier unendlich langen Evolutionsprozesses. In dieser Sicht der Dinge benötige ich keinen göttlichen Kreator, an den ich meine Gefühle des grenzenlosen Staunens und der Ehrfurcht richten kann, sondern kann diese Gefühle unmittelbar der Evolution selbst gegenüber empfinden.

5. Das anthropische Prinzip: Auferstehung des Kreationismus in der Kosmologie?

Die Evolutionstheorie hat plausible Evolutionsszenarien von der 'Ursuppe' zu Beginn der Erdgeschichte bis zum gegenwärtigen Leben entwickelt. In jüngerer Zeit hat man jedoch herausgefunden, dass die Entstehung des Leben auf der Erde auf einer Reihe von fein tarierten Bedingungen beruht, die sehr unwahrscheinlichen Konstellationen unseres Planeten, unseres Sonnensystems und vermutlich auch des Universums zu verdanken sind. Angesichts der Frage, warum diese unwahrscheinlichen Konstellationen so sind, wie sie sind, haben in der Kosmologie und Physik unter der Bezeichnung "anthropisches Prinzip" kreationistische Fragestellungen neuen Auftrieb erhalten. Dem soll in diesem Kapitel nachgegangen werden.

5.1 Astrobiologie: wie (un)wahrscheinlich ist die Entstehung von Leben im Universum?

Seit einigen Jahrzehnten gibt es das neue Wissensgebiet der Astrobiologie, d.h. der

Erforschung möglichen extraterrestrischen Lebens in unserer Galaxie.³³ Noch in den 1970er Jahren war die diesbezügliche Meinung sehr optimistisch; Drake und Sagan schätzten die Anzahl extraterrestrischer Zivilisationen auf bis zu einer Million. Diese Ansicht ist überholt. Heutzutage ist man diesbezüglich viel skeptischer: der Geologe P. Ward und der Astronom D. Brownlee sprechen in ihrem Buch "Rare Earth" (2000, xv) von einer 'astrobiologischen Revolution', die in den 1990er Jahren eingesetzt hat. Möglicherweise ist unser Planet sogar der einzige in unserer Galaxie, auf dem es höhere Lebensformen gibt. Man vermutet dies nicht nur deshalb, weil die unzähligen Versuche seit den 1960er Jahren, intelligente elektromagnetische Signale fremder Intelligenzen zu empfangen oder eindeutige Hinweise auf dieselben zu finden, ergebnislos blieben. Sondern insbesondere, weil die Evolution auf unserem Planeten auf einer Reihe von unwahrscheinlichen Besonderheiten beruht, die wir uns nun ansehen.

Nach dem Urknall kühlte die Temperatur des Universums soweit ab, dass aufgrund der durch die Gravitationskraft bewirkten allmählichen lokalen Verdichtung der frühesten Materie, die vorwiegend aus Protonen (Wasserstoffkernen) bestand, die Frühstadien von Sternen entstanden (s. Weinberg 1977). Im Inneren solcher Sterne werden bei extrem hohen Druck- und Temperaturverhältnissen durch Kernverschmelzung chemische Elemente ausgebrütet. Frühe Sterne haben die Form rotierender Scheiben, aus deren explosiven Inneren die gebildete Materie gelegentlich vertikal zur Drehachse herausgeschleudert wird und die bereits vorhandenen um den Stern rotierenden Materienebel weiter verdichtet, aus denen schließlich auch Planetensysteme entstehen können (s. Kap. 6.5, sowie Ward und Brownlee 2000, 41-44).

Die grundlegendsten Voraussetzungen für die Bildung komplexerer Materie sind also erstens die Bildung von Sternen und zweitens die Bildung von Planeten. Beide müssen aber ganz besondere Eigenschaften besitzen, um erdähnliche lebensfreundliche Bedingungen zu ergeben.

1. Geeigneter Ort des Sterns in der Galaxie: Der Durchmesser unserer (ebenfalls

³³ Die verfügbaren Daten von anderen Sternen und ihrer eventuellen Planeten beschränken sich auf unsere Galaxie.

scheibenartig rotierender) Milchstrasse beträgt ca. 85.000 Lichtjahre; in ihrem Inneren befindet sich vermutlich ein schwarzes Loch. Um Leben zu ermöglichen, darf der fragliche Stern weder zu weit innen sein, denn dort sind die Energien zu hoch, um Leben zu erlauben, noch zu weit außen, denn dort gibt es zu wenig höhere Elemente (wie z.B. Metalle) (Ward und Brownlee 2000, 27ff).

2. *Ausbildung eines Planetensystems*: Planeten anderer Sterne sind mit gewöhnlichen Teleskopen unsichtbar, weil sie verglichen mit ihrem Zentralstern eine viel geringere Leuchtkraft besitzen. Erst seit kurzem wurden eine Reihe von indirekten Detektionsmethoden für Planeten entwickelt, die z.B. auf Infrarotstrahlung, auf Lichtschwächung des Sterns beim Vorüberziehen des Planeten beruhen, oder auf der Oszillation der Sternrotationsachse aufgrund der Planetenumkreisung.³⁴ Bisher wurden vergleichsweise wenige Planeten in unserer Galaxie gefunden. Die meisten davon sind untauglich für die Entstehung von Leben, z.B. weil es sich um Gasgiganten wie unser Planet Jupiter handelt, oder weil die Planeten instabile und hochelliptische Bahnen haben, oder weil ihre Temperaturen entweder viel zu gering oder viel zu hoch sind. Erst kürzlich wurden ein paar feste kleinere Planeten gefunden, auf denen erdähnliche Temperaturen vorherrschen, wie z.B. ein Planet des 20 Lichtjahre entfernten Sterns Gliese 581 im Sternbild Waage mit geschätzten Oberflächentemperaturen von ca. 0 bis 40 °C und einer 13-tägigen Umlaufzeit (de.wikipedia.org/wiki/Extrasolarer_Planet). Spuren des Lebens sind mit bisherigen Methoden nicht entdeckbar.³⁵

³⁴ Vgl. Ward und Brownlee (2000), 203; de.wikipedia.org/wiki/Extrasolarer_Planet.

³⁵ Um Spuren biologischen Lebens auf entfernten Planeten zu entdecken, müsste die Zusammensetzung ihrer Atmosphäre spektroskopisch auf Wasserdampf und insbesondere Ozon untersucht werden. Die Anwesenheit von Ozon würde auf sauerstoffzeugende (photosyntheseartige) Stoffwechselprozesse hindeuten, da sich Ozon ohne fortwährende Neubildung schnell wieder abbaut (s. ibid. 247ff). Für Riesenplaneten aus Gas konnte die Zusammensetzung ihrer Atmosphäre tatsächlich indirekt (durch Filterung des Sternenlichts) ermittelt werden (s. www.astronomie.de/news/0000399.htm), aber für die viel kleineren erdähnliche Planeten sind solche Messungen bislang nicht möglich.

3. *Geeignete Sonne und geeigneter Abstand des Planeten zur Sonne*: Flüssiges Wasser ist höchstwahrscheinlich eine Voraussetzung von (extraterrestrischem) Leben. Jeder Stern hat um sich herum eine *bewohnbare Zone* (habitable zone HZ), in welcher die Planeten kreisen müssen, damit die Temperatur in dem engen Bereich von etwa 0–50°C mit $\pm 50^\circ\text{C}$ Schwankungsbreite liegt, der flüssiges Wasser ermöglicht und weder zur Totalverdunstung noch zur Totalvereisung von Ozeanen führt. Da sich Sterne im Verlaufe ihrer Entwicklung ausdehnen und an Leuchtkraft zunehmen (auch unsere Sonne hatte zu Beginn der Evolution 30% weniger Leuchtkraft), wandert die HZ im Zeitraum von Jahrmilliarden nach außen, was die nachhaltige HZ, betrachtet über einen so langen Zeitraum, noch schmaler macht. Sie beträgt nur etwa 5% des Radius, auf dem sämtliche unserer Planeten liegen (s. Hart 1978; Ward und Brownlee 2000, 15-20). Abb. 5-1 zeigt die HZ eines Sterns (für einen umkreisenden

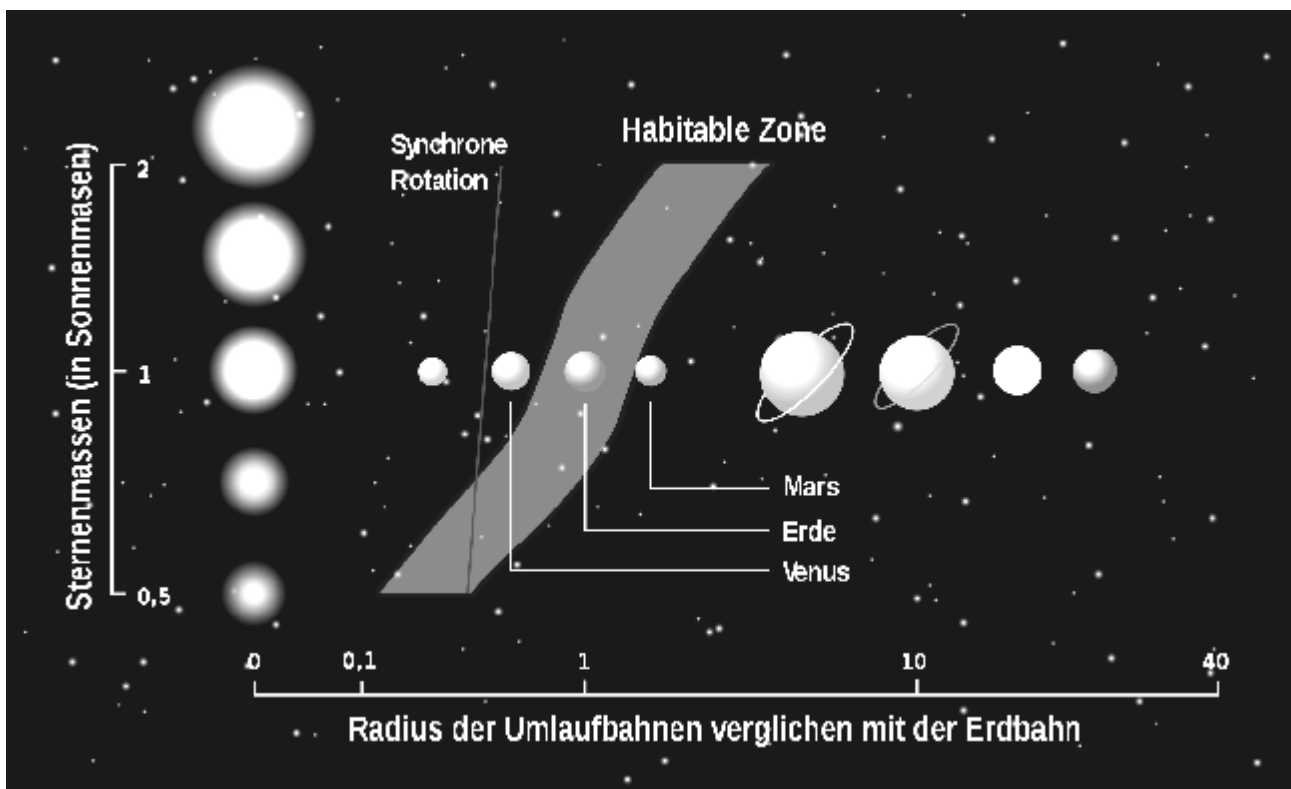


Abb. 5-1: *Bewohnbare Planetenzone (HZ) eines Sterns*. In Abhängigkeit von der Sternmasse. Sternmasse (1 = gegenwärtige Sonnenmasse) und Umlaufradius (1 = gegenwärtiger Umlaufradius der Erde) in logarithmischer Skala. (Nach de.wikipedia.org/wiki/Habitable_Zone).

Planeten) in Abhängigkeit von der Masse des Sternes (in Sonnenmassen; Sternmasse und Umlaufbahn in logarithmischer Skala).

Wäre unsere Sonne wesentlich kleiner als sie ist, was auf etwa 95% aller Sterne unserer Universums zutrifft, dann wäre die HZ weiter innen und die Gefahr, dass ein in ihr befindlicher Planet eine Drehsperre erfährt oder gegen die Sonne driftet (um in ihr zu verglühen), wäre sehr hoch. Eine Drehsperre ist die gravitationsbedingte Kopplung der Eigenrotation des Planeten mit seiner Umlaufzeit in der Weise, dass der Planet der Sonne immer dieselbe Halbseite (dasselbe 'Gesicht') zuwendet, sodass sich die eine Planetenhälfte aufheizt und die andere abkühlt. Beispielsweise hat der innerste Planet Merkur eine Drehsperre zur Sonne und unser Mond eine Drehsperre zur Erde. Wäre andererseits unsere Sonne etwa 50% schwerer, so würde sie schon nach 2 Milliarden Jahren zum roten Riesen werden und ausbrennen, und diese Zeitspanne wäre vermutlich zu kurz für Evolution (ibid. 23). Während die HZ durch die Möglichkeit flüssigen Wassers definiert ist, schränken die in Kap. 4.1 erläuterten Gefahren einer Totalvergletscherung (Schnellball-Erde) sowie eines Treibhauseffektes die effektiv bewohnbare Zone noch weiter als in Abb. 5-1 eingezeichnet ein (ibid. 19). Gemäß der Schätzung von Kasting (1993) würde ein nur 15% größerer Erdabstand zur Sonne die Gefahr einer Schnellballerde heraufbeschwören, und ein nur 5% kleinerer Erdabstand die Gefahr eines Treibhauseffektes.

4. Geeigneter Planet: Für die Evolution sind auch eine Reihe physikalischer und geologischer Eigentümlichkeiten unserer Erde verantwortlich. Es beginnt bei der Zusammensetzung: die Erde besitzt einen schweren Eisen-Nickel-Kern, aber zugleich hinreichend viel leichte Elemente bzw. Verbindungen wie Wasser, Stickstoff und Kohlenstoff (bzw. Kohlendioxid). Typischerweise besitzen Planeten in der bewohnbaren Zone zwar Eisen, aber wenig leichte Elemente, während Umlaufkörper weiter draußen viel von letzteren besitzen. Wäre die Erde wie die bis zu 20% Wasser enthaltenden Asteroiden zwischen Mars und Jupiter zusammengesetzt, so wäre sie zur Gänze von tiefen Ozeanen bedeckt, mit Treibhausatmosphäre und Temperaturen über 100 °C (ibid. 44-47). In der Entstehungsphase der Erde herrschten daher glückliche Be-

dingungen: vermutlich hat die zunächst metallreiche Erde durch spätere Kollisionen mit Asteroiden viel Wasser, Kohlenstoff und Stickstoff eingefangen, welche die chemischen Grundbestandteile des Lebens bilden.

Weniger offensichtlich ist die Bedeutung des Eisenkerns (vgl. *ibid.* 191-213). Im Erdkern wird durch Kernspaltungsreaktionen Hitze erzeugt, welche die zähflüssige eisenreiche Magma zu kreisenden Konvektionsströmen antreibt. Durch diese Konvektionsströme der Magma werden gleich mehrere lebenswichtige Effekte bewirkt. *Erstens* wird das Magnetfeld der Erde induziert. *Zweitens* wird durch fortwährendes Aufsteigen der Magma die Plattentektonik erzeugt (Landplatten generiert), und *drittens* wird durch Gebirgsaufstülpungen und Vulkanausbrüche festes Material und Kohlendioxid an die Erdoberfläche nachgeliefert. Das Magnetfeld der Erde schirmt die Erde vor der lebensfeindlichen (energiereichen) kosmischen Strahlung ab. Gäbe es keine fortlaufenden Gebirgsneuformationen, so würden langfristig sämtliche Böden zu Staub erodieren, von Flüssen ins Meer gespült werden, und der steigende Meeresspiegel würde alles überfluten. Würde nicht Kohlenstoff nachgeliefert werden, so gäbe es nicht den temperaturregulierenden Kohlendioxid-Zyklus (Kap. 4.1). Kein anderer Planet unseres Sonnensystems besitzt Gebirgsketten, nicht einmal Mars, der erdähnlichste – nur Vulkankegel, Kratereinschläge oder tote Flussbetten – weil die Plattentektonik fehlt.

5. *Geeignete Planetenumgebung.* – 5.1 *Stabiles Planetensystem:* Dass die Planeten der Sonne (inklusive Monde und Asteroiden) über Milliarden Jahre einigermaßen stabil sind, ist ebenfalls eine galaktische Seltenheit – würde nur ein größerer Planet zu trudeln beginnen, wären vermutlich evolutionsvernichtende Katastrophen die Folge (*ibid.* 21f).

5.2 *Mond und stabile Erde:* Sowohl Umlaufbahn wie Rotationsfrequenz der Erde sind nicht konstant; vor 400 Millionen Jahre, als die Amphibien das Land eroberten, hatte das Jahr 400 Tage und der Tag 18 Stunden. Glücklicherweise sind diese Veränderungen gering, und der Grund dafür ist der Mond, der vermutlich durch Einschlag eines marsgroßen Kometen auf die frühe Erde entstand (*ibid.* 223-231). Der Mond

stabilisiert durch seine Drehsperre die Rotationsachse der Erde, und die stabile Erdrotation stabilisiert die Erdumlaufbahn der Erde. Beides ist wesentlich, um extreme Temperatur- und Klimaschwankungen auf der Erde zu verhindern. Würde die Rotationsachse um 45° schwanken (so wie dies beim Mars vermutlich der Fall war), so würde Europa zum Nordpol werden. Die Schräge der Erdrotationsachse ist darüber hinaus für den stabilen Zyklus von Jahreszeiten verantwortlich.

5.3 Schutz vor Kometen durch Nachbarplaneten: Jupiter ist ein riesiger Gasplanet, der durch seine Gravitationskraft nahekommende Asteroiden und Kometen anzieht und dadurch Planeten innerhalb seiner Umlaufbahn, insbesondere die Erde, vor Kometen schützt, d.h. deren Einschlagsrate stark reduziert. Gäbe es keinen Jupiter, würden Asteroiden von einer Größe wie jener, der vor 65 Millionen Jahren die Saurier aussterben ließ, die Erde nicht durchschnittlich alle paar 100 Millionen Jahre, sondern alle paar 10.000 Jahre treffen, und das Leben auf Erde hätte nicht überlebt (ibid. 238: s. auch Kap. 6.5).

Ward und Brownlee fassen ihre Ausführungen schlussendlich in einer Schätzung der Häufigkeit des Vorkommens von Leben in unserer Galaxie zusammen. Die seinerzeitige Schätzung von Drake und später Sagan in den 1970ern belief sich auf 10^6 Zivilisationen. Ward und Brownlee zufolge war diese Schätzung viel zu optimistisch. Sie entwickeln eine modifizierte 'Drake-Gleichung', deren erster Teil die Häufigkeit primitiven prokaryontischen Lebens in unserer Galaxie wie folgt schätzt (ibid. 271-275):

Häufigkeit primitiven Lebens in unserer Galaxie = $2 \cdot 10^8$ Sterne in Milchstrasse \times Anteil sonnenähnlicher Sterne \times Anteil Sterne mit Planeten \times Anteil Planeten in bewohnbarer Zone \times Anteil Planeten mit organisch-chemischen Grundstoffen.

Der zweite, dritte und vierte Faktor (sonnenähnliche Sterne, mit Planeten und mit bewohnbare Zone) liegen einigermaßen verlässlich zwischen 10^{-1} und 10^{-2} (ibid. 267-269). Der letzte Faktor ist unbekannt. Schätzen wir ihn mit 10^{-2} , so erhalten wir einen Schätzwert von $10^8 \cdot 10^{-2(1)} \cdot 10^{-2(1)} \cdot 10^{-2(1)} \cdot 10^{-2}$, also eine geschätzte Häufigkeit des

Vorkommens von primitivstem Lebens in unserer Galaxie zwischen 100 und 1.

Für komplexere Formen des Lebens ab den Eukaryonten und Mehrzellern sind dagegen weitere Bedingungen nötig, die Ward und Brownlee in folgender 'erweiterter Drake-Gleichung' festhalten (ibid. 275):

Häufigkeit komplexen Lebens in unserer Galaxie = [...Faktoren wie oben plus folgende:] \times Anteil metallreicher Planeten \times Anteil Planeten mit Mond \times Anteil Planeten mit Schutzplaneten \times Anteil Planeten mit hinreichend wenigen Massenauslösungen von Spezies.³⁶

Ward und Brownlee geben keine Schätzungen ab. Wenn wir die zusätzlichen Faktoren jeweils mit 10^{-2} schätzen, und den Ausgangswert für primitives Leben mit 100 ansetzen (was optimistisch hoch ist), so erhalten wir dennoch die extrem geringe Wahrscheinlichkeit von 10^{-7} , also *eins zu zehn Millionen*, dass in unserer Galaxie komplexes Leben entsteht. Die Wahrscheinlichkeit, einer fremden intelligenten Spezies auch noch zu begegnen, verringert sich wegen Unwahrscheinlichkeit, dass deren Existenzzeit sich mit der unseren überlappt, nochmals um einen Faktor von 10^{-2} oder mehr.

Abgesehen von den ersten vier Faktoren waren unsere Faktorenschätzungen freilich *spekulativer* Natur. Daher sind unsere 'Zahlenspiele' sehr unsicher. Jedenfalls stimmen sie mit den qualitativen Schlussfolgerungen überein, die Ward und Brownlee (2000, xx) ziehen, nämlich dass es wohl gut möglich ist, dass es in unserer Galaxie extraterrestrisches Leben auf der Ebene von RNS-Ketten, Protozellen oder Prokaryonten gibt, dass aber im Gegensatz dazu die Entstehung komplexeren oder gar menschenähnlich intelligenten Lebens sehr unwahrscheinlich ist. Es ist durchaus möglich, dass unsere Erde der *einzigste Planet* in unserer Galaxie oder gar im ganzen Universum ist, der komplexe intelligente Lebensformen beherbergt.

Wenn dies wahr ist, so ergeben sich daraus zwei philosophisch tiefliegende Konsequenzen. Die erste betrifft die *Ethik*, denn es scheint daraus ein hohes Maß an *öko-*

³⁶ Den Ward-Brownlee-Faktor "Anzahl der Planeten, auf denen Metazoen entstehen" lasse ich der Kohärenz halber weg, da diese Häufigkeit ja erst geschätzt werden soll.

logischer Verantwortung des Menschen zu erwachsen. Wird uns bewusst, dass die in Jahrmillionen entstandenen Lebensformen auf unserem Planeten womöglich in unserem Universum einzigartig sind, dann verstärkt dies moralische Pflicht von uns Menschen, der Natur ein Recht auf Fortexistenz zuzubilligen, anstatt, wie es derzeit geschieht, ein Naturreservoir nach dem anderen zu vernichten und eine Spezies nach der anderen auszurotten. Die Tragweite dieser Forderung im einzelnen auszuführen, würde allerdings den Rahmen dieses Buches sprengen.

Die zweite Konsequenz, die uns im folgenden besonders interessiert, ist *erkenntnistheoretischer* Natur. Als warum-fragende Wesen begnügen sich Menschen nicht mit dem Hinweis, dass sich das Leben auf unserer Erde extremen Zufällen verdankt – sie suchen nach einem Erklärungsgrund: wer oder was hat das alles so lebensfreundlich eingerichtet? Lebt an dieser Stelle der Kreationismus wieder auf?

Mit dieser Frage werden wir uns im nächsten Abschnitt beschäftigen. Die Frage wird umso brennender, als Physiker ähnliche Unwahrscheinlichkeitsüberlegungen auch in Bezug auf das ganze Universum als solches angestellt haben. Die fundamentalen Naturgesetze der modernen Physik beantworten längst nicht alle Fragen. Sie lassen eine Vielzahl von möglichen Universen zu und legen insbesondere die Werte der *Naturkonstanten* nicht zwingend fest. Gemäß gängiger physikalischer Theorie wären Universen mit anderen Naturkonstanten möglich, und es könnten kontingente Vorgänge nach dem Urknall gewesen ein, welche gerade zu unseren und nicht anderen Werten der Naturkonstanten geführt haben. Überlegt man sich aber, welche Konstellationen von Naturkonstanten stabile komplexe Materie und somit auch Leben ermöglichen, so erhält man einen extrem engen Spielraum (s. Smolin 1997, 39-45). Wäre die Gravitationskonstante nur etwas größer als sie ist, könnten nur kleine Sterne entstehen, die schnell ausbrennen würden, und es würde nicht zur Bildung von Kohlenstoff oder zu stabilen Planetenbahnen kommen. Wäre die Elektronenmasse nicht ungefähr gleich der Differenz von Neutronen- und Protonenmasse, so gäbe es keine stabilen Atomkerne. Wäre die kosmologische Konstante, welche die Energiedichte des Universums misst und 10^{-48} beträgt, größer als 10^{-40} , würde das Univer-

sum in ein schwarzes Loch kollabieren. Wäre die starke Kernkraft, welche die Abstoßung zwischen den Protonen eines Atomkerns kompensiert, etwas stärker als sie ist, gäbe es keine Kernreaktionen und es käme nicht zur Produktion der chemischen Elemente. Wäre sie um 50% oder mehr schwächer, wären die Atomkerne instabil. Würden zusammengefasst die Werte der Naturkonstanten durch Zufall gewählt werden, dann würde die Wahrscheinlichkeit eines Universums, in dem Sterne entstehen können, nach Smolins Abschätzung nur etwa 10^{-229} betragen, eine astronomisch kleine Zahl mit 229 Nullen hinter dem Komma vor der ersten eins (ibid., 45). Somit fragt sich auch in Bezug auf die feinst tarierten Naturkonstanten unseres Universum: was oder wer hat das so eingerichtet?

5.2 Das anthropische Prinzip: Begründung versus Erklärung

Die Fragen des vorigen Kapitels führen uns zu einem Prinzip, welches von zeitgenössischen Kosmologen und theoretischen Physikern aufgestellt wurde: das 'anthropische Prinzip'. Die bedeutendste Version dieses Prinzips geht auf Barrow und Tipler (1988) zurück³⁷ und läßt sich folgendermaßen explizieren:

Anthropisches Prinzip (AP): Die Parameter unseres Universums, Sonnensystems und Planetens sind gerade so justiert wie sie es sind, weil darin komplexes und intelligentes Leben existiert, nämlich wir Menschen.

Für die kritische Diskussion des anthropischen Prinzip müssen wir fragen, was das *weil* darin denn genau bedeutet. Die Wissenschaftstheorie hat aufgezeigt, dass es zwei grundlegend verschiedene Bedeutungen von "weil" gibt: eine begründende und eine erklärende Bedeutung. Eine *Begründung* liefert einen Beweis- oder Glaubens-

³⁷ Eine andere noch kontroversere Version geht auf J.A. Wheeler zurück und besagt, die quantenmechanische Realität setze die Existenz eines Beobachters voraus, weshalb unser Universum so beschaffen sein muss, dass in ihm intelligentes Leben existiert (s. de.wikipedia.org/wiki/Anthropisches_Prinzip).

grund, also einen Grund, an die Wahrheit des fraglichen Sachverhaltes zu glauben. Eine *Erklärung* dagegen liefert einen *Realgrund*, also eine Ursache, die tatsächlich zu dem bestehenden Sachverhalt geführt hat (s. Stegmüller 1983, 976; Schurz 1990; 2006, 225f). Glaubensgründe und Realgründe, bzw. Begründungen und Erklärungen, sind keineswegs disjunkt, sondern fallen sehr häufig zusammen – aber eben nicht immer. Beispielsweise ist die Tatsache, dass die Sonne untergeht, nicht nur eine Begründung, sondern auch die Erklärung dafür, dass es dunkel wird. Andererseits ist die Rotverschiebung im Spektrum entfernter Sterne zwar ein Beweisgrund dafür, dass das Universum expandiert, aber nicht die Ursache – vielmehr ist umgekehrt die Expansion des Universums die Ursache der Rotverschiebung.

Wenden wir diese Überlegung auf das anthropische Prinzip (kurz: AP) an, so sehen wir, dass es eine *schwache* und eine *starke* Lesart besitzt. In der schwachen Form des AP meint das "weil" einen bloßen *Glaubensgrund*: die Tatsache, dass die Parameter unserer 'Welt' (d.h. unseres Universums, Sonnensystems und Planeten) gerade die-und-die Werte haben, wird damit begründet, dass es uns Menschen gibt, denn wäre ersteres nicht der Fall, dann könnte auch letzteres nicht der Fall sein. Diese Begründungsrelation ist harmlos und steht nicht in Frage; sie sagt uns aber nichts, was wir nicht ohnedies schon wissen – sie *erklärt* uns nicht, was oder wer dafür kausal verantwortlich ist, dass die Parametereinstellung unserer Welt die-und-die Werte besitzen. Eben dieser *Erklärungsbedarf* ist es aber, der unsere Überlegungen zum anthropischen Prinzip überhaupt erst antreibt.

Die starke Form des AP liegt genau dann vor, wenn man das "weil" des AP im Erklärungssinn auffasst: die Tatsache, dass wir Menschen existieren, ist der *Realgrund* dafür, dass das Universum so ist, wie es ist. Aber um welchen Sinn von "Erklärung" kann es sich dabei handeln? Um eine Kausalerklärung im wissenschaftlichen Sinn offenbar nicht, denn Kausalprozesse sind immer zeitlich vorwärts gerichtet, weshalb das Explanandum (das Erklärte) zeitlich *nach* dem Explanans (dem Erklärenden) liegen muss (s. Box 5-1). Im starken AP liegt jedoch das Explanandum (dass unser Universum so-und-so beschaffen ist) zeitlich *vor* dem Explanans (dass wir

Unter einer *wissenschaftlichen Erklärung* versteht man in der modernen Wissenschaftstheorie ein Argument, welches aufzeigt, dass der zu erklärende Tatbestand, das *Explanandum*, durch die vorliegender *Antecedensbedingungen* (Anfangs- und Randbedingungen) aufgrund allgemeiner Naturgesetze *verursacht* wurde und eben deshalb *zu erwarten* war (Hempel 1965, 337). Ist das Argument deduktiver Natur, d.h. musste das Explanandum aufgrund der Explanansprämissen eintreten, dann handelt es sich um eine *deduktiv-nomologische* Erklärung im Sinne von Hempel (1965, Kap. 10). Wird das Explanandum aufgrund der Explanansprämissen lediglich hochwahrscheinlich gemacht, dann liegt eine *induktiv-statistische Erklärung* im Sinne von Hempel (1965, Kap. 12) vor. Wird die Wahrscheinlichkeit des Explanandums lediglich erhöht, so handelt es sich um eine probabilistische Erklärung im Sinne von van Fraassen (1990). Die bloße Anführung der auslösenden Ursache eines unwahrscheinlichen *Zufallsereignisses*, ohne dass diese dessen Wahrscheinlichkeit erhöht (Beispiel: "die Münze fiel auf Kopf, *weil* sie geworfen wurde), stellt nach Mehrheit der Erklärungstheoretiker keine echte Erklärung dar. Eine Ausnahme ist Salmon (1984, 109), der selbst wahrscheinlichkeitssenkende Kausalinformationen als Erklärung ansieht (näheres s. Schurz 1990; 2006, Kap. 6).

Von einer echten Erklärung kann nur gesprochen werden, wenn das Explanans Ursachen des Explanandums anführt (Salmon 1984): andernfalls handelt es sich um eine bloße Begründung. *Zweckerklärungen* der Form "E, damit P" können nur in zwei Weisen in wissenschaftliche Ursachenerklärungen umgeformt werden. Entweder man transformiert sie in eine *intentionale Handlungserklärung* der Form "ein gegebenes Subjekt hat E herbeigeführt, weil es damit den Zweck P verfolgte". Oder aber, man transformiert sie in einer evolutionäre Erklärung der Form "unter den evolutionären Vorfahren des gegebenen evolutionären Systems (Organismus) wurde das Merkmal E deshalb selektiert, weil es die vorteilhafte Eigenschaft P bewirkte" (s. Kap. 7.4, sowie Wright 1976).

Box 5-1: Wissenschaftliche Erklärung.

Menschen existieren). Bei dem "weil" des starken AP handelt es sich vielmehr um eine *Zweckerklärung* (bzw. 'finalistische Erklärung'): das Universum ist so-und-so beschaffen, *damit* wir Menschen existieren können. Wie in Kap. 1.1 ausgeführt, kann eine solche Zweckerklärung entweder im Sinne des *Kreationismus* gedeutet werden, demzufolge ein Schöpfergott das Universum mit dem Ziel eingerichtet hat, dass wir

Menschen existieren, oder im Sinne einer (Aristotelischen) *Teleologie*, der zufolge der Natur ein zielorientiertes Streben auf die Existenz des Menschen hin immanent ist – was, wenn man zeitlich rückwärts gerichtete Kausalität ausschließt, auf eine pantheistische Gottesvorstellung hinausläuft (s. Kap. 1.3). Wir fassen dies wie folgt zusammen:

Schwache Form des AP: das "weil" wird im Begründungssinn aufgefasst.

Starke Form des AP: das "weil" wird als "damit" im Sinn einer Zweckerklärung verstanden.

Die Überlegungen zum AP haben auf diese Weise eine neue Kontroverse über Gott und den Kreationismus aufkommen lassen. Einige namhafte Physiker (z.B. Davies 1995) haben das starke AP im Sinne einer plausiblen Hypothese vertreten und sich damit einer modern-liberalen Version des Kreationismus zumindest angenähert. Davies und andere Physiker verstehen das AP oftmals auch im Sinne einer *disjunktiven* Hypothese, derzufolge es entweder einen Kreator gegeben hat *oder* aber die Wahl der Parameter unseres Universums einem *Zufallsprozess* zu verdanken war. In diesem Zufallsprozess seien Myriaden von Paralleluniversen mit zufällig variierenden Parametern entstanden, unter anderem auch unser Universum, welches zufälligerweise die Parameter besaß, welche höheres Leben ermöglichen (vgl. Smolin 1998, 202ff; de.wikipedia.org/wiki/Anthropisches_Prinzip). Das zweite Disjunktionsglied, die Hypothese des Zufallsprozesses, liefert eine naturalistische Alternative zum Kreationshypothese und sollte daher nicht mehr unter die Rubrik des AP subsumiert werden, um den Begriff des AP nicht gänzlich zu vernebeln. Die Erklärungsleistung unterschiedlicher Zugänge behandeln wir in den nächsten beiden Kapiteln,

5.3 Alternative Erklärungen des Unwahrscheinlichen: vier Zugänge zur Letztfrage

Die vier wichtigsten Arten von Antworten auf die Frage, warum die Parameter unse-

rer 'Welt' so sind, wie sie sind, lassen sich so zusammenfassen:

1. *Hypotheses non fingo*: die Frage ist weder aufgrund unseres gegenwärtigen noch in absehbarer Zukunft erreichbaren Wissensstandes beantwortbar. Teilantworten sind zwar möglich, aber eine vollständige Antwort, insbesondere auf die Frage der Wahrscheinlichkeit der Parameterkonstellationen, würde es erfordern, Wissen über andere Universen zu erlangen, was nach derzeitigem Wissensstand unmöglich ist. Die angemessenste Einstellung des Wissenschaftlers in Bezug auf diese 'letzte' Warum-Frage ist dieser Position zufolge die epistemische *Enthaltung*: "hypotheses non fingo", d.h. ohne empirische Anhaltspunkte stelle ich keine wissenschaftlichen Hypothesen auf.³⁸

Die hypotheses-non-fingo-Position ist zwar elegant und kohärent, doch für den Erkenntnissuchenden kommt sie einer Selbstaufgabe gleich, da Erkenntnistätigkeit eben nun einmal im 'Rätsellösen', in der Suche nach Erklärungen für prima facie unwahrscheinliche Sachverhalte besteht.

2. *Kreationismus*: Die extreme Unwahrscheinlichkeit kann nur durch die Annahme eines intelligenten Schöpfers bzw. Schöpfungswesens erklärt werden. Solange über dieses Schöpfungswesen nichts weiteres behauptet wird, nenne ich diese Position den *minimalen* Kreationismus. Dabei handelt es sich um eine maximal liberale Position, die dem Schöpfungswesen keine bestimmten oder gar aus menschlicher Perspektive guten Eigenschaften unterstellt. Das macht diese Position für Religionen wenig attraktiv³⁹ und hat außerdem zur Folge, dass er minimale Kreationismus *empirisch haltlos* wird. Man kann den minimalen Kreationismus auf zweierlei Weisen verstärken. In den meisten Religionen hat man den Kreationismus durch spezielle Hypothesen über Gott und die Schöpfungsgeschichte so angereichert, dass die resul-

³⁸ Dies war Isaac Newtons berühmte Reaktion auf die Frage nach der Natur der Gravitationskraft. Diese zur Zeit Newtons unbeantwortbare Frage ist übrigens noch heute größtenteils unbeantwortet.

³⁹ Die Position des 'kosmologischen Gottesbeweises', derzufolge Gott die erste Ursache des Universums ist (was immer diese Ursache sei), ist noch schwächer als der minimale Kreationismus. Denn der letztere impliziert zumindest, dass die erste Ursache eine intentionale und intelligente Ursache war.

tierenden religiösen Glaubenssysteme empirisch überprüfbare Konsequenzen implizierten, an denen man sie widerlegen oder zumindest kritisieren kann (s. Kap. 3, 4). Andererseits besteht die Möglichkeit, dem Gott des minimalen Kreationismus *ex post*, d.h. im nachhinein, nur solche empirischen Konsequenzen zuzuschreiben, die einen Konflikt mit dem Erfahrungswissen tunlichst vermeiden. Diese Möglichkeit, von welcher intellektuelle Kreationismus-Vertreter häufig Gebrauch zu machen pflegen, ist der methodologisch schwierigste Fall, der in Kap. 5.7 behandelt wird.

3. *Suche nach wahrscheinlichkeitserhöhenden Erklärungen*: Wissenschaftliche Erklärungen (im Sinne von Box 5-1) müssten Ursachen anführen, welche zeigen, dass die Parameterkonstellationen unserer Welt gar nicht so unwahrscheinlich sind, wie sie scheinen. Solche Erklärungsversuche müssten allerdings auf Theorien über alternative physikalische Universen basieren. Ein herausragendes Beispiel ist Lee Smolins Theorie der Evolution von Universen, welche in Kap. 5.9 vorgestellt wird. Das Problem solcher Theorien ist im Gegenteil zum minimalen Kreationismus nicht ihre empirische Gehaltlosigkeit, sondern ihre *kontingente Unüberprüfbarkeit*. Es hat nicht logisch-semantische, sondern kontingente, nämlich physikalische Gründe, dass wir keinen Zugang zu Tatsachen aus anderen Universen besitzen und vermutlich auch nie besitzen werden (aber wer weiß das schon?). Insofern sind auch diese Erklärungsversuche, zumindest bis auf weiteres, dazu verurteilt, Spekulationen zu bleiben.

4. *Zufalls-'Erklärungen'*: Diese Position nimmt an, die 'Unwahrscheinlichkeit' sei irreduzibel, d.h. die Existenz von verborgenen Prozessen, welche das scheinbar Unwahrscheinliche unseres Universums (im Sinne von 3.) wahrscheinlich machen, wird ausgeschlossen. Damit die Unwahrscheinlichkeit als objektive Wahrscheinlichkeit (im Sinne von Kap. 5.4) gelten kann, muss dabei die Existenz vieler (z.B. durch Urknalle entstandene) Universen angenommen werden, unter denen solche wie unseres nur eine extrem geringe Häufigkeit besitzen. All das impliziert noch nicht, dass ein Argument der Form "es war ein Riesenzufall" bzw. "wir hatten Riesenglück" tatsächlich als wissenschaftliche Erklärung zu bezeichnen ist. Gemäß den Ausführungen in Box 5-1 ist dies eher zu verneinen. Das heißt nicht, dass das Zufallsargument nicht

zutreffen kann. Aber wenn die Weltentstehung nichts als ein Riesenzufall war, sollte man besser sagen, dass es eben *keine weitere Erklärung gibt*, anstatt das Zufallsargument auch noch als Erklärung zu bezeichnen. Dennoch ist die Zufalls-Position stärker als die hypotheses-non-fingo-Position, denn sie nimmt die Existenz eines Universen produzierenden Zufallsprozesses an, worüber sich die non-fingo-Position enthält.

5.4 In welchem Sinn unwahrscheinlich? Objektive und subjektive Wahrscheinlichkeit

Was *bedeutet* es eigentlich, 'unwahrscheinlich' bzw. 'so-und-so wahrscheinlich' zu sein? Auch Kreationismusvertreter stützen sich gerne auf das Argument, dass nur die Existenz eines wohlwollenden Schöpfers die andernfalls so unwahrscheinliche Harmonie unserer Welt erklärt. Um wissenschaftliche von spekulativen Erklärungsversuchen zu unterscheiden, genügt es nicht, sich auf ein naives Wahrscheinlichkeitskonzept zu stützen. Wir müssen zuallererst fragen, was Wahrscheinlichkeit denn genau bedeutet.

Es gibt zwei Arten von Wahrscheinlichkeit (s. Schurz 2006, Kap. 3.9). Unter der *objektiv-statistischen* Wahrscheinlichkeit eines Ereignistyps versteht man seine *Häufigkeit* oder den Grenzwert seiner Häufigkeit auf lange Sicht (s. z.B. von Mises 1964). Unter der *subjektiv-epistemischen* Wahrscheinlichkeit eines Ereignisses versteht man dagegen seinen rationalen *Glaubensgrad* (s. z.B. Howson und Urbach 1996). Die Berechtigung subjektiver Wahrscheinlichkeiten in der Wissenschaft ist wissenschaftstheoretisch *kontrovers*: die traditionelle *Statistik* weist sie zurück (Fisher 1956), während sie der *Bayesianismus* empfiehlt. Dass subjektive Glaubensgrade in der Tat nicht hinreichen, um wissenschaftliche Hypothesen von Spekulationen abzugrenzen, wird sich in Kap 5.8 herausstellen.

Man kann subjektive Glaubensgrade objektiv stützen, indem man sie mit Schätzungen statistischer Wahrscheinlichkeiten identifiziert. Dies ist allerdings nicht ganz einfach. Denn statistische Wahrscheinlichkeiten lassen sich nur für Ereignistypen bzw. wiederholbare Ereignisse angeben (die Häufigkeit auf lange Sicht, mit der ein

Würfelwurf 6 ergibt), während sich subjektive Wahrscheinlichkeiten auf Einzelereignisse beziehen (die Wahrscheinlichkeit, dass ich im nächsten Wurf eine 6 würfle). Gemäß dem statistischen 'principal principle' (Schurz 2006, 115) identifiziert man die subjektive Wahrscheinlichkeit eines Einzelereignisses mit dem Häufigkeitsgrenzwert des entsprechenden Ereignistyps in der jeweils 'engsten Referenzklasse', d.h. gegeben alle Besonderheiten, die auf den Einzelfall zutreffen. Beispielsweise identifiziert man in Wetterprognosen die Glaubenswahrscheinlichkeit, dass es morgen regnet, mit der (induktiv geschätzten) Häufigkeit, dass es an Tagen regnet, denen eine ähnliche Wetterentwicklung vorausging wie dem morgigen Tag.

Eine Zurückführung von subjektiven Einzelfallwahrscheinlichkeiten auf empirisch gegebene Häufigkeiten ist jedoch in zwei Fällen unmöglich. *Erstens* dann, wenn es sich um die sogenannten subjektiven *Ausgangswahrscheinlichkeiten* von Hypothesen handelt, worunter man deren Glaubenswahrscheinlichkeit versteht, welche sie schon "vor aller Erfahrung" besitzen. Subjektive Ausgangswahrscheinlichkeiten sind der Hauptkritikpunkt des Bayesianismus (s. Kap. 5.8). *Zweitens* aber lassen sich selbst erfahrungsbedingte subjektive Wahrscheinlichkeiten dann nicht auf durch Häufigkeiten schätzen, wenn die zugrundeliegenden Ereignisse nicht *wiederholbar* sind oder zumindest kein erkenntnismäßiger Zugang zu Stichproben besteht, in denen der fragliche Ereignistyp wiederholt wurde, sodass man seine Häufigkeit schätzen könnte. Nun sind zwar für einige Parameter unseres Sonnensystems und unseres Planeten Häufigkeitsschätzungen innerhalb unserer Galaxie möglich. Aber erfahrungsgestützte Häufigkeitsschätzungen über mögliche Universen sind unmöglich, denn zwischen unterschiedlichen Universen bestehen keine kausalen oder informationellen Verbindungen.

Die 'Unwahrscheinlichkeit' der Parameterjustierungen unserer 'Welt' ist daher, sofern es dabei um Naturkonstanten geht, nicht objektiver, sondern subjektiver Natur. In der Tat beruhen Smolins Berechnung der 'Wahrscheinlichkeit' der Naturkonstanten unseres Universums auf dem *subjektiven* (oder 'Laplaceschen') Prinzip der Gleichverteilung, demzufolge man "vor aller Erfahrung" alle Möglichkeiten als gleichwahr-

scheinlich ansehen soll. Doch dieses subjektive Gleichverteilungsprinzip ist selbst innerhalb des modernen Bayesianismus starker Kritik ausgesetzt, unter anderem deshalb, weil es *sprachabhängig* ist, d.h. weil die Frage, ob eine Wahrscheinlichkeitsverteilung eine Gleichverteilung ist, davon abhängt, wie die entsprechenden Möglichkeiten sprachlich formuliert werden (vgl. Howson und Urbach 1996, 60; Schurz 2006, 162). Man könnte auch versuchen, das Gleichverteilungsprinzip durch die Annahme zu motivieren, dass unsere gegenwärtigen physikalischen Theorien bereits *vollständig* sind, sodass alles, was durch diese Theorien allein nicht erklärbar ist, objektiven Zufallsprozessen zu verdanken sein muss. Doch diese Annahme wäre methodologisch wenig sinnvoll (und davon abgesehen anmaßend). Wir müssen vielmehr immer offen sein für die Möglichkeit *neuer* physikalische Erkenntnisse, die das, was gegenwärtig unerklärlich erscheint, zu erklären vermögen.

Zusammengefasst ist die Unwahrscheinlichkeit der Parameter unserer 'Welt' nur teilweise eine objektive Unwahrscheinlichkeit, nämlich nur für Häufigkeitschätzungen innerhalb unserer Galaxie, während es sich bei der Unwahrscheinlichkeit der Parameter unseres Universums um eine subjektive Unwahrscheinlichkeit handelt – um unsere schlichte *Unkenntnis* darüber, wie und warum es zu *gerade den* Parametern unseres Universums und unseren Planetens gekommen ist. Diese Einsicht zeigt, dass die Zufalls-Position (4.) wesentlich spekulativer ist, als sie zunächst scheint. Doch bedeutet diese Einsicht keineswegs, auf weitere Warum-Fragen (gemäß der non-fingo-Position) besser zu verzichten. Auch subjektive Unwahrscheinlichkeit ist ein Grund dafür, weitere Erklärungen zu suchen, solange diese Suche aussichtsreich erscheint.

5.5 Ist der Erklärungsdurst stillbar? Zur Illusion von Letzterklärungen

Die Parameterjustierungen unseres Universums sind kontingente *Letzt-tatsachen* – sie sind einerseits kausal nicht weiter erklärbar und besitzen andererseits im physikalischen Theoriegebäude auch nicht den Status physikalischer Notwendigkeiten. Ist es

nicht von besonderer wissenschaftlicher Bedeutung, gerade diese kontingenten Letzt-tatsachen zu erklären? Braucht die Wissenschaft nicht gerade solche Letzterklärungen? Viele Menschen werden dies so sehen, doch ein wenig wissenschaftstheoretische Reflexion kann hier ernüchternd wirken und unnötigen Frustrationen vorbeugen. In der Wissenschaft gibt es nämlich *keine Letzterklärungen*. Jede wissenschaftliche Erklärung benötigt gewisse erklärende Prämissen, das Explanans, mithilfe derer sie das Explanandum logisch impliziert oder zumindest wahrscheinlich macht (s. Box 5-1). Die Prämissen einer Erklärung können ihrerseits durch weitere Erklärungen erklärt werden, aber jede noch so lange Aneinanderreihung von Erklärungen muss irgend einen Anfang haben, an dem gewisse nicht weiter erklärte Prämissen angenommen werden. Diese unerklärten Prämissen fungieren aus der Perspektive des Erklärungssuchenden als 'Letzt-tatsachen', bzw. aus der kausalen Entwicklungsperspektive als 'Erstursachen'. Selbst wenn jemand eine interessante Erklärung für die Unwahrscheinlichkeiten unserer Welt vorbringt, wie etwa höhere physikalische Symmetriegesetze, die Annahme extrem vieler Paralleluniversen oder auch einen intelligenten Schöpfungsmechanismus, so stellt sich in Bezug auf *diese* Annahmen ja *wieder* die Frage nach dem Warum. Die Letzt-tatsachen wurden dadurch nicht zum Verschwinden gebracht, sondern lediglich durch andere Letzt-tatsachen ersetzt.

Die Uneliminierbarkeit von kognitiv unerklärten Anfangsursachen gilt selbstverständlich nicht nur für wissenschaftliche, sondern auch für religiöse Erklärungen. Denn sofern es der Religion nicht gelingt, das Denken einzuschläfern, entsteht ein offensichtlicher Erklärungsbedarf dafür, warum es denn einen Schöpfergott gibt, und wer denn diesen geschaffen hat. *Selbsterklärungen* wie beispielsweise "Gott trägt die Ursache seiner selbst in sich", wie sie in Theologie und Metaphysik erfunden wurden, dienen dazu, dieses Problem zu verschleiern. Sie sind keine Erklärungen, sondern *Pseudoerklärungen* (s. auch Schurz 2007a, §2) – denn eine solche Selbsterklärung kann offenbar auf jede Erklärungshypothese noch daraufgesetzt werden (z.B. "Der Urknall ist Ursache seiner selbst", "Das Böse ist causa sui" (usw.).

Die potentiell unendlich lang fortsetzbar Reihe von Erklärungsantworten und neu-

en Warum-Fragen nennt man auch das Problem des *Erklärungsregresses*. Unsere Überlegung zeigt auf, dass sich das Problem des Erklärungsregresses gleichermaßen für religiöse wie für wissenschaftliche Erklärungen stellt, sodass das Regressproblem keine Abgrenzung wissenschaftlicher Erklärungen von religiösen Quasi-Erklärungen hergibt. Dies war Dawkins in seinem (zu agitatorisch geratenen) Werk "Der Gotteswahn" (2007, 166) offenbar unklar, denn er wirft der Religion vor, den Erklärungsregress nicht beenden zu können. Prompt wurde er deshalb Opfer der Gegenkritik von McGrath (2007, 31f), der zurecht kontert, dass ebenso wie die Religion auch die Physik unerklärte Annahmen machen muss.

Fassen wir zusammen: indem wissenschaftliche Erklärungen Warum-Fragen beantworten, werfen sie zugleich neue Warum-Fragen auf. Diese Einsicht bringt *Gelassenheit* in die Suche nach Erklärungen für Letzt Tatsachen, denn wir verbinden diese Suche nicht mehr mit der Illusion, irgendwann auf Letzterklärungen zu stoßen. Andererseits sollte diese Tatsache den Erkenntnishaungrigen nicht demotivieren. Auch wenn Erklärungen immer gewisse Letzt Tatsachen unerklärt lassen, wird durch den Erklärungsfortschritt Bedeutendes geleistet. *Erstens* wird das Verhältnis der unbeantworteten zu den beantworteten Warum-Fragen mit dem Fortschritt der Wissenschaft immer kleiner. Man nennt dies auch die *Vereinheitlichungsleistung* der Wissenschaft (vgl. Schurz 1999b). *Zweitens* wachsen mit den beantworteten Fragen auch die praktischen und technischen Anwendungsmöglichkeiten der Wissenschaft. *Drittens* schließlich bringt die Tatsache, dass sich niemals alle stellbaren Warum-Fragen beantworten lassen, ein enorm *kreatives* Moment in die Wissenschaft und den menschlichen Geist, als grundsätzlich offenes und immer wieder Neues hervorbringendes Erkenntnisunternehmen (s. dazu auch Kap. 9.2.2).

5.6 Kreationismus von vornherein unwissenschaftlich? Empirisch kritisierbare versus unkritisierbare Kreationismusformen

Nicht wenige Wissenschaftler und Philosophen sehen den Kreationismus als von

vornherein irrational oder unwissenschaftlich an. Wenn das zutrifft, dann hätten wir uns der Mühe, den Kreationismus in Kap. 3 und 4 empirisch zu kritisieren, gar nicht unterziehen müssen. Doch was spricht von vornherein gegen die Existenz eines Schöpfers? Wäre diese Position nicht ebenso dogmatisch wie einen Schöpfer von vornherein anzunehmen? Naturalistische Metaphysiker führen an dieser Stelle gerne das Argument von der "kausalen Geschlossenheit" an: materielle Phänomene könnten nur materielle Ursachen haben; ein Gott qua 'Geistwesen' komme daher nicht als Ursache in Frage. Doch dieses Argument ist zirkulär, denn es gilt nur unter der Annahme des Materialismus. Im religiösen Weltbild steht Gott auf ganz natürliche Weise in kausaler Verbindung zu der von ihm geschaffenen Materie.⁴⁰

So einfach kann der Kreationismus nicht zurückgewiesen werden. Zu Recht haben wir uns in Kap. 4 der Mühe einer empirischen Kritik des Design-Argumentes unterzogen. Empirisch kritisierbar sind freilich nur jene Kreationismusformen, die überhaupt irgendwelche empirisch testbaren Konsequenzen besitzen. Dazu zählen, wie erläutert, sowohl strikte Genesis-Kreationismen wie die liberaleren Design-Kreationismen. Neben solchen empirisch kritisierbaren Kreationismen gibt es aber auch empirisch unkritisierbare Formen des Kreationismus. Im Gegensatz zu ersteren stellen letztere die Wissenschaftstheorie vor eine schwierige Herausforderung, die wir nun besprechen.

Empirisch unkritisierbar ist zunächst einmal der in Kap. 5.3 angeführte minimale Kreationismus, den wir durch folgende These wiedergeben:

Minimaler Kreationismus (MinK): Wie immer unsere Welt faktisch beschaffen ist, hat sie einen Schöpfer, über den sonst nichts empirisch haltvolles gesagt wird.

Die Position (MinK) ist schon aus *logisch-semantischen* Gründen empirisch unkritisierbar, denn sie besitzt keinerlei empirische Konsequenzen. Daher ist der minimale

⁴⁰ Das Geschlossenheitsprinzip wird vor allem als Argument für den Materialismus in der *Philosophie des Geistes* benutzt (vgl. Beckermann 2001), 116. Auch in dieser Anwendung ist das Argument zirkulär.

Kreationismus schon aus *methodologischen* Gründen zu verwerfen, denn wissenschaftliche Hypothesen müssen empirische Konsequenzen besitzen, an denen sie überprüfbar sind. Genügt das Kriterium der empirischen Konsequenzenlosigkeit, um kritikimmune Spielarten des Kreationismus aus rationalen Gründen zurückzuweisen? Dies ist *nicht* der Fall. Es gibt zahlreiche Möglichkeiten, den Kreationismus zu 'rationalisieren', die von rationalisierenden Theologen auch tatsächlich praktiziert werden. Wenn wir beispielsweise das Wirken des Kreators in (MinK) in Bezug auf bekannte Tatsachen unserer Welt anreichern, erhalten wir daraus eine rationalisierte Version, die empirischen Gehalt besitzt – wie beispielsweise:

Rationalisierter Kreationismus (RatK): Unsere Welt hat einen Schöpfer, der bewirkt hat, dass sie wie folgt beschaffen ist: ... (hier folgt eine Aufzählung aller bis dato bekannten empirischen Tatsachen, z.B. eine Aufzählung aller bekannten Lebewesen, usw.)

Im Gegensatz zu (MinK) hat (RatK) zutreffende empirische Konsequenzen (ebenso Sober 1993, 45-49). Argumentationen, die auf der Linie von (RatK) liegen, trifft man in der gegenwärtigen angelsächsischen *intelligent design* Bewegung, deren Vertreter behaupten, die prima facie unwahrscheinlichen Beschaffenheiten unserer Welt, die die Naturwissenschaften herausgefunden haben, würden am besten durch einen Schöpfer erklärt, ohne damit Behauptungen über die Kreationsgeschichte oder über den Perfektionsgrad der Biosphäre zu implizieren (s. z.B. Behe 1996, Dembski 1998; zur Kritik s. Sober 2002, 72). Bedeutet dies tatsächlich, dass die rationalisierte Kreationismushypothese nun eine wissenschaftlichen Hypothese geworden ist, welche dieselben empirischen Fakten erklären kann wie die Wissenschaft? Intuitiv scheint dies nicht der Fall zu sein – aber *warum?*

5.7 Rationalisierter Kreationismus und Voraussagekriterium: das Abgrenzungsproblem

Das Problem, auf das wir hier gestoßen sind, nennt man auch das *Abgrenzungsproblem*: aufgrund welcher Kriterien lassen sich wissenschaftlich rationale Hypothesen von nichtwissenschaftlichen Spekulationen abgrenzen? Wie das Erklärungsmuster (RatK) zeigt, ist diese Abgrenzung schwierig. In der gegenwärtigen Wissenschaftstheorie besteht Konsens darüber, dass frühere Vorschläge zum Abgrenzungsproblem zu einfach waren. Hier seien nur die zwei wichtigsten herausgegriffen.

Der erste Vorschlag ist das Kriterium der *empirischen Definierbarkeit*.⁴¹ Ihm zufolge sind nur jene Hypothesen wissenschaftlicher Natur, die (abgesehen von logischen Begriffen) nur solche Begriffe enthalten, die durch Beobachtungsbegriffe definierbar sind. Dieses von klassischen Empiristen und Positivisten vertretene Kriterium ist aber *zu eng*, denn wissenschaftliche Theorien enthalten empirisch undefinierbare, sogenannte *theoretische Begriffe* (wie z.B. "magnetische Kraft", "Quantenzustand", etc.) welche *unbeobachtbare* und somit empirisch undefinierbare Merkmale bezeichnen (Carnap 1956; Schurz 2006, Kap. 5).

Der zweite Vorschlag, der von Popper und im späteren Wiener Kreis vertreten wurde, verlangt von wissenschaftlichen Hypothesen lediglich, dass sie zumindest im Verbund mit anderen Hypothesen *empirische Konsequenzen* besitzen. Dieses Kriterium ist aber *zu weit*, da, wie wir sahen, auch rein spekulative Hypothesen in *trivialer* Weise zu empirisch gehaltvollen Hypothesen erweiterbar sind. Beispielsweise ist der Satz "Gott existiert" eine empirisch gehaltlose Hypothese. Doch wir müssen dem Satz nur per Konjunktionsglied eine Implikation auf beliebige empirische Tatsachen hinzufügen, um daraus einen empirisch gehaltvollen Satz zu bilden, wie z.B. "Gott existiert, und wenn Gott existiert, dann ist Gras grün" (s. auch Stegmüller 1970, Kap. V). Dasselbe Verfahren wurde offenbar auch oben bei (RatK) angewandt. Trotzdem scheint an (RatK) etwas grundlegend faul zu sein – aber was?

Der entscheidende Defekt des rationalisierten Kreationismus ist offenbar folgen-

⁴¹ Noch enger ist das Kriterium der empirischen *Verifizierbarkeit*, welches im frühen Wiener vertreten wurde.

der: eine solche Erklärung kann jederzeit gegeben werden, *wie auch immer* der empirische Faktenstand aussieht. Denn die kreationistische Erklärung ist völlig *ex-post*, also *im nachhinein* zurecht konstruiert. Das Abgrenzungskriterium sollte diesen Defekt des rationalisierten Kreationismus (RatK) ins Zentrum rücken. Der *ex-post*-Charakter einer Hypothese äußert sich im Fehlen ihrer Fähigkeit, neue Voraussagen zu machen. Der rationalisierte Kreationismus kann nichts voraussagen, weil die kreationistische Erklärungshypothese nichts über die Natur des Schöpfers aussagt, was darüber hinausgeht, dass er die zu erklärenden Fakten bewirkte. Die kreationistische Hypothese "Gott bewirkte, dass E" lässt sich immer nur im nachhinein postulieren, wenn E schon bekannt ist.

Ich nenne dieses Abgrenzungskriterium das *Voraussagekriterium*. Die Grundidee des Voraussagekriteriums ist auch von vielen anderen Wissenschaftlern und Wissenschaftstheoretikern vorgeschlagen worden (z.B. Lakatos 1977, Worrall 2002, Ladyman and Ross 2007, §2.1.3). Am Voraussagekriterium wurde kritisiert, dass es zu eng sei, weil eine Reihe von Disziplinen, einschließlich der Evolutionstheorie, nur wenig Voraussagen machen. Doch hier liegt ein Missverständnis vor. Man versteht den Begriff der Voraussage in diesem Kriterium nicht im zeitlichen, sondern im epistemischen Sinn eines *ex-ante* Argumentes (s. auch Stegmüller 1983, 976). Bei einer Voraussage qua *ex-ante* Argument wird nicht verlangt, dass sich die Konklusion auf die Zukunft bezieht, sondern lediglich, dass die Prämissen schon *vor* der Konklusion *bekannt* waren und die Konklusion erst danach daraus erschlossen wurde. Im Gegensatz dazu ist bei einem *ex-post* Argument die Konklusion zuerst bekannt, und die Prämissen werden erst nachträglich gefunden bzw. postuliert. Dies eröffnet die Möglichkeit, dass geeignete Prämissen auf die gegebene Konklusion nachträglich *zurechtgeschneidert* werden – und genau das passiert beim rationalisierten Kreationismus. Ein solches Zurechtschneiden oder Fitten auf die Konklusion ist im Falle eines *ex-ante* Argumentes, also einer epistemischen Voraussage, dagegen unmöglich.

Je nachdem, ob sich die Konklusion auf die Zukunft oder Vergangenheit bezieht, liegt bei einer epistemischen Voraussage eine zeitliche Voraussage oder eine zeitliche

Retrodiktion vor. Die Evolutionstheorie macht zwar wenig überprüfbare zeitliche Voraussagen, aber jede Menge Retrodiktionen, die durch gegenwärtige Spuren (geologische Spuren, Fossilien, archäologische Funde etc.) unabhängig empirisch testbar sind. Diese Bedingung der *unabhängigen Testbarkeit* ist das entscheidende Merkmal von Voraussagen – die Testbarkeit der Hypothese unabhängig von jenen Tatsachen, um deren Erklärung willen die Hypothese konstruiert wurde. Ob die Voraussagen dagegen bereits geprüft wurden oder nicht, ist ohne Belang. Es genügt also zu fordern, dass die fragliche Hypothese *potentielle* Voraussagen impliziert, worunter wir empirische Konsequenzen verstehen, welche bei der Konstruktion der Theorie nicht benutzt wurden (man nennt dies auch 'use novelty'; s. Worrall 2002).

In einer Hinsicht muss das Voraussagekriterium noch verbessert werden. Die in Frage stehenden Erklärungen, um die es uns geht, führen nämlich theoretische, unbeobachtbare Ursachen ein, die über die Ebene des Beobachtbaren hinausgehen (wie z.B. "Urknall" in der Kosmologie oder "Schöpfergott" im Kreationismus). Die Einführung unbeobachtbarer Ursachen zu Erklärungszwecken ist wissenschaftstheoretisch nur dann legitim, wenn eine gleichermaßen gute Erklärung nicht auch *ohne* solche Annahmen, durch simple induktive Verallgemeinerung von Beobachtungen gegeben werden könnte (wie etwa die Voraussage, dass auch morgen die Sonne aufgeht). Eine Voraussage, die über simple induktive Extrapolation von Beobachtungen hinausgeht, nennt man in der Wissenschaftstheorie auch eine *neue* Voraussage ('novel predictions'; vgl. Worrall 1989, 113; Psillos 1999, 106). Damit gelangen wir zu folgendem

Voraussagekriterium: Eine Erklärungshypothese, die unbeobachtbare Entitäten einführt, ist nur dann wissenschaftlich legitim bzw. rational bestätigungsfähig, wenn sie neue potentielle (nicht zur Konstruktion der Hypothese verwendete) Voraussagen impliziert.⁴²

⁴² Um auszuschließen, dass eine wissenschaftliche Hypothese auch kein überflüssiges spekulatives Konjunktionsglied besitzt (wie z.B. die Konjunktion aus der gängigen Kosmologie und (RatK)),

Gemäß dem Voraussagekriterium sind die ex-post Erklärungen des rationalisierten Kreationismus klar inakzeptabel: sie implizieren keinerlei unabhängig testbaren empirischen Konsequenzen und sind daher gar nicht erst rational bestätigungsfähig. Von solchen Hypothesen können wir uns, anders gesprochen, keinen Erkenntnisfortschritt erwarten.

Trotz der Erfolge des Voraussagekriteriums ist die Möglichkeit einer klaren Abgrenzung zwischen wissenschaftlichen und spekulativen Erklärungshypothesen in der gegenwärtigen Wissenschaftstheorie kontrovers (s. Stegmüller 1970, 361; Hempel 1972, Sober 1993, §2.7; en.wikipedia.org/wiki/Demarcation_problem). Eine Alternativposition ist der Bayesianismus (s. Kap. 5.4), dessen Unzulänglichkeit in Bezug auf die Abgrenzungsfrage im nächsten Abschnitt herausgearbeitet wird.

5.8 Bayesianische Bestätigung des Kreationismus?

Dem Bayesianismus zufolge ist die Bestätigung einer Hypothese allein eine Sache ihrer Glaubenswahrscheinlichkeit aufgrund gegebener empirischer Evidenzen; darüber hinausgehende Anforderungen an rationale Hypothesen werden nicht gestellt. Die bedingte Wahrscheinlichkeit $P(E|H)$ einer (empirischen) Evidenz E gegeben eine Hypothese H nennt man auch das *Likelihood*. Dieses Likelihood kann auf statistische Wahrscheinlichkeiten zurückgeführt werden, sofern es sich bei E (gegeben H) um ein wiederholbares Ereignis handelt. Was man wissen will, ist natürlich $P(H|E)$, die Wahrscheinlichkeit der Hypothese H gegeben E . Gemäß der berühmten bayesianischen Formel berechnet sich diese aus dem Likelihood und den sogenannten Ausgangswahrscheinlichkeiten wie folgt:

sind verfeinerte Relevanzkriterien nötig, welche das Voraussagekriterium auf alle elementaren Konjunktionsglieder der Hypothese beziehen (s. dazu Schurz 1991). Die Bezugnahme auf bloß 'potentielle' neue Voraussagen löst das sogenannte "old evidence problem" (Howson und Urbach 1992), 403ff.

Bayes-Formel: $P(H|E) = P(E|H) \cdot P(H) / P(E)$.

Dabei ist $P(H)$ die Ausgangswahrscheinlichkeit von H , welche das Kernproblem des Bayesianismus ausmacht, denn Glaubensgrade 'vor aller Erfahrung' sind subjektiv und spiegeln meistens nur die eigenen Vorurteile wieder. $P(E)$ ist die Ausgangswahrscheinlichkeit von E , die man über die Gleichung

$$P(E) = P(E|H_1) \cdot P(H_1) + \dots + P(E|H_n) \cdot P(H_n)$$

berechnet, mit H_1, \dots, H_n als einer gegebenen Menge von möglichen und sich wechselseitig ausschließenden Hypothesen, die zusammengenommen erschöpfend sind und die fragliche Hypothese H enthalten.

Um dem Problem der Abhängigkeit vom subjektiven Wert der Ausgangswahrscheinlichkeit $P(H)$ zu entgehen, wird im (qualitativen) bayesianischen Bestätigungsbegriff lediglich die Wahrscheinlichkeitserhöhung von H durch E , $P(H|E) > P(H)$, als Kriterium für die Bestätigung von H durch E angesehen (wobei E als konsistent und H als nichttautologisch angenommen werden):

Bayesianischer Bestätigungsbegriff: Ein (konsistentes) E bestätigt ein (nichttautologisches) H genau dann, wenn $P(H|E)$ größer ist als $P(H)$.

Unter Voraussetzung des Normalfalles $0 < P(E) < 1$ ist leicht beweisbar, dass $P(H|E) > P(H)$ genau dann gilt, wenn $P(E|H) > P(E)$ gilt. Letzteres gilt jedoch immer, sofern H irgendeine Hypothese ist, die E logisch impliziert, denn dann hat $P(E|H)$ den Wert 1. Somit ergibt sich folgende Konsequenz:

Konsequenz des bayesianischen Bestätigungsbegriffs: Jede (nichttautologische) Hypothese H , welche eine empirische Evidenz E mit $0 < P(E) < 1$ logisch impliziert, wird durch E bestätigt.

Und das ist die Konsequenz, welche Anhänger von rationalisierten Spekulationen beliebig ausschlichten können. Denn gemäß dieser Konsequenz können offenbar

gänzlich abstruse Hypothesen bestätigt werden, sofern sie E nur logisch implizieren (s. auch Schurz 2008a, §7.1). Z.B. bestätigt die Tatsache, dass Gras grün ist, die Hypothese, dass Gott existiert und veranlasst hat, dass Gras grün ist. Dieselbe Tatsache bestätigt aber auch die Hypothese, dass ein Spaghetti-Monster existiert, welches veranlasst hat, dass Gras grün ist (zur Spaghetti-Monster-Bewegung s. Kap. 1.1), oder dass zwei Spaghetti-Monster gemeinsam dies veranlasst haben, oder ein Gott und ein Spaghetti-Monster, ein Gott und ein Teufel, oder ... usw. , bis hin zur wissenschaftlichen Erklärung der grünen Farbe von Gras. Alle diese Erklärungshypothesen H_i werden gleichermaßen komparativ bestätigt. Wenn sie eine unterschiedliche bedingte Glaubenswahrscheinlichkeit $P(H_i|E)$ besitzen, dann kann dies gemäß der Bayes-Formel nur an ihrer unterschiedlichen Ausgangswahrscheinlichkeit $P(H_i)$ liegen, denn $P(E|H_i)$ ist bei allen Hypothesen 1 und $P(E)$ ist ein hypothesenunabhängiger Wert.

Bayesianische Wissenschaftstheoretiker sind sich dieser Tatsache bewusst (vgl. Howson und Urbach 1996, 141f). Sie argumentieren, dass wissenschaftliche Hypothesen eben eine wesentlich höhere Ausgangswahrscheinlichkeit besitzen als religiöse Hypothesen (vgl. Sober 1993, 31f). Aber Ausgangswahrscheinlichkeiten sind subjektiver Natur, und es ist unangemessen, den Unterschied zwischen wissenschaftlichen und spekulativen Hypothesen auf subjektive Vormeinungen zu stützen. Aus religiöser Sicht wird umgekehrt die Kreationismushypothese die höhere Ausgangswahrscheinlichkeit besitzen. Auf diese Weise könnte man mit dem bayesianischen Bestätigungsbegriff ebensogut die Kreationismushypothese 'bestätigen'.

In der Tat wurde die Bayesianische Bestätigungstheorie gerade von Vertretern des Kreationismus benutzt, um damit die Bestätigtheit der Schöpferhypothese aufzuzeigen, und zwar genau auf die oben beschriebene Weise. Ein frühes Beispiel hierfür ist Swinburne (1979, Kap. 6). In jüngster Zeit ging Unwin (2005) so weit, mithilfe der Bayes-Formel die Wahrscheinlichkeit, dass Gott existiert, auf 67% zu schätzen. Unwin nahm dabei die Ausgangswahrscheinlichkeit der Existenz Gottes mit 1:1 an – sein Vorstellungsvermögen bezüglich Alternativhypothesen wie etwa die eines Spag-

hetti-Monsters war offenbar begrenzt. Im Gegenzug hat der Herausgeber der Zeitschrift *Skeptic*, Michael Shermer, eine Gegenrechnung aufstellt und kam damit zum Ergebnis von 2%. Tatsächlich sind alle diese Berechnungen gleichermaßen unbegründet, da sie auf willkürlichen Annahmen über subjektive Ausgangswahrscheinlichkeiten sowie über statistisch unbegründbare Likelihoods von unwiederholbaren Ereignissen basieren.

Zusammenfassend ist das bayesianische Bestätigungskonzept zu schwach und inhaltsleer, um genuine Bestätigung zu erfassen und genuin bestätigte Hypothesen von bloßer Spekulation abgrenzen. Zwar ist die Bayes-Formel mathematisch korrekt, und die Bedingung einer positiven Likelihood-Ratio ist zwar eine notwendige Bedingung für Bestätigung, die aber weder hinreichend ist, noch den entscheidenden Unterschied zwischen genuin bestätigungsfähigen Hypothesen und bloßen Spekulationen trifft. Diesen wesentlichen Unterschied haben wir im vorigen Kapitel in Form des Voraussagekriteriums herausgearbeitet.

Dass der bayesianische Bestätigungsbegriff inadäquat ist, heißt keineswegs, dass der probabilistische Ansatz insgesamt verfehlt ist. Im Gegenteil, das Voraussagekriterium läßt sich auch mithilfe eines verbesserten probabilistischen Bestätigungsbegriffes begründen. Dass eine Hypothese H E logisch impliziert, bedeutet, dass der Gehalt von H einerseits E enthält und andererseits einen über E *hinausgehenden* Gehaltsanteil besitzt. Ist H z.B. die Hypothese "E geschah, weil ein göttlicher Kreator das so gewollt hat", so ist dieser über E hinausgehende Gehaltsanteil die Hypothese "es gibt einen göttlichen Kreator", den wir mit H^* bezeichnen. H ist also logisch äquivalent mit der Konjunktion $H^* \& E$.⁴³ Der ex-post Charakter spekulativer Erklärungshypothesen bedeutet nun, dass der über E hinausgehende Gehaltsanteil H^* mit E in keinem relevanten Bestätigungszusammenhang steht. Die Wahrscheinlichkeitserhöhung von H durch E beruht also nur darauf, dass H die Wahrscheinlichkeit von E auf 1

⁴³ Die Aufspaltung von H in eine solche Konjunktion ist zwar nicht immer möglich; wohl aber enthält H immer gewisse E -unabhängige relevante Konsequenzen, sofern H stärker ist als E (Schurz 1991).

setzt, während die Wahrscheinlichkeit von H^* durch E nicht erhöht wird. Genau das ist der Grund dafür, dass H^* so *beliebig* ist, weil es für die Bestätigung von H durch E gar nicht auf H^* ankommt, sondern nur darauf, dass H E logisch impliziert. Man nennt eine solche Pseudo-Bestätigung auch *content-cutting*, im Gegensatz zu einer *genuinen* Bestätigung von H durch E , von der zu verlangen ist, dass E auch den über E hinausgehende Gehaltsanteil H^* bestätigt, dass also auch $P(H^*|E) > P(H^*)$ gilt (s. Earman 1992, 98). Die Erfüllung dieser Forderung setzt aber voraus, dass E eine potentielle Voraussage ist, also nicht schon zur Konstruktion von H benutzt wurde, denn wenn H ex-post auf E gefittet wurde, besteht zwischen H^* und E kein relevanter probabilistischer Zusammenhang.

5.9 Wissenschaftliche Erklärungsversuche: Schwarze Löcher und Urknalle – Evolution des Kosmos?

Kann es für die unwahrscheinlichen Parameter unserer Welt auch eine wissenschaftliche Erklärung geben, und wenn ja, wie könnte sie aussehen? Sie müsste einerseits (a) die Wahrscheinlichkeit des Explanandums, also der Parameter unserer Welt, erhöhen, und andererseits (b) neue unabhängig testbare Konsequenzen besitzen. Die Bedingung (b) wird, wie wir gesehen haben, von kreationistischen Erklärungen nicht erfüllt. Die in Kap. 5.3 angeführten Zufalls-Argumente erfüllen andererseits nicht Bedingung (a) – sie besagen, dass alles ein Riesenzufall war und erhöhen nicht die Wahrscheinlichkeit, dass unsere Welt gerade die-und-die Parameter besitzt.

Eine wissenschaftliche Erklärung der Parameter unserer Welt müsste einen kosmologischen Prozess annehmen, welche das *prima facie* unwahrscheinliche Explanandum wahrscheinlich machte. Die plausibelste Art von Prozess, welcher dies leisten könnte, wäre ein evolutionärer Prozess, der in vielen Selektionsschritten die *prima facie* unwahrscheinlichen Parameter unserer Welt hervorbrachte. Aber wie könnte ein solcher Prozess aussehen, der nicht die Beschaffenheit unserer Galaxie, sondern die unseres ganzes Universums erklären könnte? Smolin (1997) hat eine evolutionäre

Erklärung der Parameter unseres Universums entwickelt, die wir uns nun ansehen.

Sehr große Sterne, mit über 2,5 Sonnenmassen, kommen sehr selten vor. In ihrem Endstadium erleiden sie einen Gravitationskollaps und kollabieren in ein schwarzes Loch, das die in der Nähe befindliche Materie verschluckt und daher nach und nach anwächst. Ein schwarzes Loch ist die dichtestmögliche Form von Materie, mit Dichten größer als 10^{20}kg/m^3 ; unsere Erde würde dabei auf eine Kugel von ca. 20 Metern Durchmesser zusammenschrumpfen. Weil nun während des Urknalls und in einem schwarzen Loch ähnlich extreme Dichten vorherrschen, spekuliert Smolin, dass beide Prozesse zusammenhängen könnten (1997, 88). Seine Haupthypothese besagt, dass sich aus jedem Kollaps eines schwarzen Loches durch einen Urknall ein neues Universum in eine neue Raumzeit herausstülpt. Somit können sich jene Universen gut vermehren, die viele schwarze Löcher produzieren; dafür sind jedoch Parameterkonstellationen nötig, welche die Produktion von Kohlenstoff begünstigen. Darauf aufbauend entwickelt Smolin das folgende *verallgemeinert-darwinistische* Modell der Evolution von Universen, dessen drei Grundbestandteile (Reproduktion, Variation und Selektion) so zusammengefasst werden können:

(1.) *Reproduktion*: Jede Implosion eines schwarzen Loches erzeugt den neuen Urknall eines Tochteruniversums in eine neue (physikalisch getrennte) Raumzeit.

(2.) *Variation*: In jedem Urknall werden die Parameter des Tochteruniversums neu justiert; aber sie sind denen des Mutteruniversums ähnlich.

(3.) *Selektion*: Viele Universen haben kurze Lebensdauer (kollabieren gleich wieder), oder produzieren keine stabile Materie. Jene Universen sind stabil und produzieren viele Töchteruniversen, in denen es viele schwarze Löcher und somit viele massive Sterne gibt (ibid. 96-99). Da letztere aus gigantischen Molekülwolken mit viel Kohlenstoff entstehen (denn die Produktion weitere Elemente läuft über Kohlenstoff), sind dies zugleich jene Universen, welche die Entstehung des organischen (kohlenstoffbasierten) Lebens begünstigen (ibid. 109ff, 321).

Daraus ergibt sich folgende Erklärung der scheinbaren 'Unwahrscheinlichkeit' unseres Universums: jene Universen, deren Parameter die Entstehung von Leben be-

günstigen, sind zugleich jene, die sich am besten reproduzieren und die daher am häufigsten auftreten. Die Wahrscheinlichkeit, dass nach einem hinreichend langen Evolutionsprozess solche Universen auftreten, die dem unseren gleichen, ist damit gar nicht mehr unwahrscheinlich.

Smolins Erklärungshypothese ist faszinierend. Aber sie ist auch mehreren Kritikpunkten ausgesetzt, die wir kurz zusammenfassen.

(1.) Smolins Theorie ist spekulativer Natur, da es gemäß derzeitigem Wissensstand keine naturgesetzliche Möglichkeit gibt, empirische Kenntnisse über andere Universen zu erwerben. Der spekulative Charakter von Hypothesen über andere Universen ist allerdings *kontingenter* Natur und damit harmloser als der spekulative Charakter von kreationistischen Erklärungshypothesen, die aufgrund ihres ex-post Charakters schon aus logisch-begrifflichen Gründen spekulativ sind und somit notwendigerweise spekulativ bleiben, wie auch immer sich unser Wissen ändert. Während notwendig-spekulative Hypothesen wissenschaftlich inakzeptabel sind, sind kontingent-spekulative Hypothesen bis zu einem gewissen Grade tolerabel und sogar wissenschaftlich fruchtbar – zumindest solange nicht ausgeschlossen werden kann, dass in der Zukunft unabhängige (wenn auch nur indirekte) Überprüfungsmöglichkeiten gefunden werden können. Es sei allerdings zugestanden, dass die Abgrenzung zwischen begrifflicher und kontingenter Spekulativität nicht scharf, sondern eher graduell verläuft. Denn so wie der Vertreter der Evolution von Universen könnte ja auch der Kreationist behaupten, es sei lediglich aus kontingenten Gründen bisher nicht möglich gewesen, nachweisbaren Kontakt mit dem Jenseits aufzunehmen, doch vielleicht sei dies eines Tages möglich. Freilich können zugunsten Smolins These zahlreiche weitere Vorzüge im Vergleich zum Kreationismus genannt werden, wie z.B. dass sie im Gegensatz zum Kreationismus im Einklang mit dem akzeptierten kosmologischen Hintergrundwissen steht. Doch dies ändert nichts grundsätzliches an der Gradualität der Unterscheidung zwischen begrifflichen und kontingenten Spekulationen.

(2.) Wir werden also kaum jemals wissen, ob Smolins Hypothese zutrifft. Aber selbst wenn seine Hypothese zuträfe, wären die Erklärungsprobleme nicht gelöst.

Denn es stellt sich die Frage, wie es denn zum *ersten* Universum kam. Die Antwort auf diese Frage fällt schwer, weil Smolin zufolge das erste Universum 'reproduktionsfähig' gewesen sein muss und damit bereits selbst sehr 'unwahrscheinliche' Parameterkonstellationen besessen haben muss. Dass ein Erklärungsproblem bestehen bleibt, sollte uns allerdings angesichts unserer Überlegungen zur Illusion von Letzterklärungen in Kap. 5.5 nicht verwundern. Auch Smolins Erklärungshypothese kann das Problem der 'letzten Warum-Frage' nicht lösen, sondern nur wieder ein Stück weiter nach hinten verschieben. Am Ende aller wissenschaftlichen Erklärungsketten verbleibt ein letztes Rätsel, eine letzte unbeantwortete Warum-Frage, die nicht aufhört, uns zu Spekulationen anzutreiben, die, auch ohne wissenschaftlich bestätigungsfähig zu sein, ihre geistige Berechtigung besitzen.