

Intelligent Design versteht die Evolution nicht

Axel Meyer und Hubert Markl über die religiös motivierte Idee des so genannten Intelligent Designs.

Da zurzeit, wie seit mehr als einem Jahrhundert, wieder einmal Verwirrung über das friedliche intellektuelle Zusammenleben von Wissenschaft und Religion herrscht und die eine Seite auf Kosten der anderen Wahrheitsansprüche durchzusetzen sucht, ist es vielleicht nicht nutzlos, wenn Biologen einige Grundeinsichten der Evolutionsbiologie erläutern und die diesmal als „Intelligent Design“ (ID) vorgebrachten Missverständnisse des Kreationismus aufzuklären suchen. ID beziehungsweise Kreationismus ist der religiös motivierte und als Wissenschaft maskierte Glaube, dass das Leben zu komplex sei, um allein mit bekannten evolutionsbiologischen Mechanismen erklärt werden zu können. Somit ist ID als Wissenschaft ausgegebene Religion, und nicht mehr.

Schulbehörden jenseits und diesseits des Atlantiks hätten es nicht schwer, auf die Verordnung eines unerträglichen Gemisches von wissenschaftlicher Naturerkenntnis und religiösen Schöpfungsvorstellungen im Biologieunterricht zu verzichten, wenn sie ganz einfach Biologie von Biologen aus wissenschaftlich begründeten Schulbuchtexten unterrichten ließen, die ihr Lehramt nicht dazu missbrauchen, sich zu religiösen Glaubensfragen zu äußern, von denen sie nichts verstehen. Und genauso sollte Religion von Pfarrern oder Laientheologen aus religiösen Lehrschriften unterrichtet werden, die sich aber ansonsten nicht anmaßen sollten, durch ihre Bibel-, Koran- oder Upanishadenkenntnis über tiefere Einsichten in Mechanismen und Abläufe der biologischen Evolution zu verfügen. Denn was würden wohl Theologieprofessoren dazu sagen, wenn sich Gynäkologen in Feuilletons fachlich über die Jungfrauengeburt Jesu äußerten, oder wenn ein Ernährungswissenschaftler zum Speisungswunder mittels fünf Broten und ebenso vielen Fischen Stellung nähme – es sei denn wie der Rabbi, der dazu bemerkte, ihn wundere nicht die Speisung, er zweifle nur an der Sättigung der 5000?

Darwinsche Evolution beruht auf der Vermehrung aller Lebewesen, der Variation ihrer genetischen Anlagen und der natürlichen Selektion der unter den jeweiligen Konkurrenzbedingungen reproduktiv Erfolgreich-

ten von ihnen. Damit ist der verketzerte „Neodarwinismus“ nichts anderes als die Verbindung der Mendelschen Erbgelne und der Einsichten der modernen Genetik über die Natur der Wirkungsweise und Verteilung genetischer Anlagen in Populationen von Lebewesen. Diese Mechanismen sind seit Jahrzehnten mit Bergen unterschiedlichster wissenschaftlicher Evidenz unterlegt und bedürfen keinerlei weiteren Kommentars oder gar erst der Rechtfertigung. Evolutionsbiologie ist keine Antithese zu Religion, sie ist eine auf wissenschaftlichen Erkenntnissen beruhende Disziplin, die die Evolution der biologischen Diversität erklärt.

Zwar verstehen nur wenige die Quantenphysik oder Einsteins Relativitätstheorie wirklich, trotzdem akzeptieren Öffentlichkeit und Klerus diese wissenschaftlichen Theorien, denn schließlich funktionieren Atomkraftwerke, Transistoren und Laser auch dann, wenn man nicht versteht wie, oder was dies mit Quantenphysik zu tun hat. Warum aber werden Theorien in der Physik, im Gegensatz zur Evolutionstheorie, zumeist nicht angezweifelt? Es liegt wohl daran, dass der Glaube an einen alles Leben vorherbestimmenden Schöpfer es einem Teil der Menschheit, auch fast 150 Jahre nach Darwin, immer noch schwer macht, die gewaltige wissenschaftliche Evidenz zu akzeptieren, die seit Darwins grundlegenden Erkenntnissen gesammelt wurde. Denn die wissenschaftlichen Belege für die Evolutionstheorie sind sicherlich nicht weniger überzeugend als die jeder anderen naturwissenschaftlichen Disziplin. Es ist durch, unter anderem, paläontologische, entwicklungsbiologische und molekularevolutionäre Belege beispielsweise völlig unstrittig, dass *Homo sapiens* gemeinsame Vorfahren mit anderen Primaten und vor ihnen Insektenfressern, Reptilien, Amphibien, Fischen, ja sogar Würmern und Einzellern hatte.

Im Grunde geht es aber bei religiös motivierten Behauptungen immer wieder um Spielarten von drei Missverständnissen über Darwins Evolutionstheorie. Das erste Missverständnis: Es wird vorgebracht, dass die genetisch begründete Theorie der Evolution die Entstehung komplexer „Gestalt“ wie bei-

spielsweise Genom, Gehirn und Verhalten von höher entwickelten Tieren und zumal des Menschen nicht erklären könne. Dieser Einwand gründet auf der Annahme, der „blinde“, darwinsche Evolutionsprozess sei nie und nimmer schöpferisch genug, um auch nur ein komplexes Auge oder das Sozialverhalten eines Bienenvolkes, geschweige denn Geist, Willensfreiheit und sittliche Verantwortung des Menschen zu erklären (vom Glauben an die Unsterblichkeit der Seele wollen wir schweigen, da Biologen nicht kompetent sind, sich dazu zu äußern). Es wird behauptet, die weniger komplexen Zwischenformen, wie beispielsweise von Augen oder Enzymkaskaden, würden nicht funktionieren. Unsere wirbellosen Vorfahren hatten aber sehr wohl simple, aber dennoch funktionierende Strukturen, und ihre Träger pflanzten sich erfolgreich fort – wir können dies an ihren zum Teil wenig verändert noch heute überlebenden Nachfahren sehr gut erkennen.

Weiter implizieren Anhänger von ID fälschlich, dass alle Lebewesen optimal angepasst seien, denn ein allmächtiger Kreator würde wohl keine imperfekten Organismen schöpfen. Allerdings liefern das häufige Aussterben von Arten und auch die vielfachen und offenkundigen Mängel der Anpasstheit offensichtliche Gegenargumente gegen ID – sie sind aber nicht nur mit der Evolutionsbiologie kompatibel, sondern sogar von ihr vorhergesagt. Denn das Aussterben von Arten und deren Mängel müssten dadurch ja geradezu das „Unintelligent Design“ der Schöpfung belegen. Da Selektion nicht in die Zukunft sehen kann, können Organismen auch nicht zielgerichtet einer Perfektion zustreben, sondern sind immer nur so gut, wie sie unter den herrschenden Selektionsbedingungen der vorherigen Generation sein mussten (siehe auch NZZ vom 16.2.05: „Wie perfekt sind Anpassungen wirklich?“). Nichts in der Natur ist deshalb „perfekt“ oder „optimal“.

Ein drittes Missverständnis ist die Annahme, durch Wahrscheinlichkeitsberechnungen scheinbar „belegt“, dass die traditionellen Mechanismen der Evolution des Genoms (aber auch im Prinzip aller komplexen Strukturen) von Lebewesen nicht

Ist das Leben zu komplex, um allein mit bekannten evolutionsbiologischen Mechanismen erklärt werden zu können?

ausreichen, um sie hervorgebracht haben zu können. So postulieren Kreationisten oft, dass das Alter unseres Universums nicht ausreichen würde, um selbst das relativ einfache und kleine Genom eines Bakterium, wie des in uns zu Millionen und Abermillionen lebenden Darmbakteriums *Escherichia coli*, allein durch „Würfeln“ – damit sind wohl zufällige Mutationen gemeint – entstehen zu lassen. Die Existenz eines Schöpfers wurde aus dieser „Unwahrscheinlichkeit“ abgeleitet, denn es gibt nun einmal *E. coli* und noch Millionen anderer Organismen, deren noch größere Komplexität daher gewiss, so das ID-Credo, zu groß ist, um durch eine Kette von zufälligen Mutationen entstanden zu sein.

Dies ist ein typisches, aber biologisch wie statistisch grundfalsches Argument der Kreationisten gegen Evolution. Die Wahrscheinlichkeit, im Lotto (6 aus 49 ohne Superzahl) zu gewinnen, lässt sich einfach berechnen und ist 1:13.983.816. Die Wahrscheinlichkeit ist also 0,00000715 Prozent. Man müsste daher durchschnittlich für 268.919 Jahre jede Woche Lotto spielen, um, statistisch gesprochen, einmal sechs Richtige zu haben. Aber es kann natürlich schon beim ersten Tipp glücken, und selbstverständlich wird fast jede Woche jemand die richtigen sechs Zahlen wählen, denn es tippen ja viele Millionen wöchentlich. Aber auch Populationsgrößen, die Anzahl der Individuen in einer Population, einiger Arten sind riesig, so dass wenn auch nur ein Individuum genetisch durch eine Mutation „im Lotto gewinnen“ sollte, sich diese vorteilhafte Mutation theoretisch auf die gesamte Population ausbreiten kann.

Am 27. Juni 2000 veröffentlichte die *Frankfurter Allgemeine Zeitung* auf sechs Seiten des Feuilletons die Abfolge der DNS-Sequenz eines sehr kleinen Teils des 3,3 Milliarden Basenpaare umfassenden menschlichen Genoms. Die vor wenigen Wochen veröffentlichte Genomsequenz des Schimpansen gleicht der unseren, bis auf einige verstreute Mutationen, Genduplikationen und Chromosomenänderungen, fast vollständig (der durchschnittliche Unterschied pro Gen ist etwa 1,2 Prozent) und in keinem Gen um mehr als zwei Prozent. Dies ist natürlich kein Zufall, sondern ein sicheres Zeichen unserer nahen Verwandtschaft.

Die etwa 3,3 Milliarden Nukleotide G, A, T und C (das genetische Alphabet besteht nur aus diesen vier Nukleotidtypen) des *Homo sapiens*- oder *Pan troglodytes*-Genoms, in Fontgröße zwölf nebeneinander geschrieben, ergeben immerhin eine Länge von etwa fünftausend Kilometern und enthalten die Information, die am Ende einen funktio-

nierenden Menschen oder Schimpansen ausmachen. Kann so ein komplexes Genom allein durch eine ziellose Serie von Zufällen entstanden sein? Die grob simplifizierte (und damit falsche) Wahrscheinlichkeit wäre 3.300.000.000 hoch 4 (also 1 zu ~1,18 hoch 38, wenn an jeder Position des Genoms G, A, T und C die gleiche Wahrscheinlichkeit hätte) – unmöglich, dass so etwas zufällig geschehen könnte. Aber müssen wir deshalb die Existenz eines Schöpfers postulieren, damit so etwas Komplexes durch Mutation allein (Selektion wird von ID dabei grundsätzlich ignoriert) entstanden sein könnte? Dies ist keineswegs so, denn so wie ein Bergsteiger beim Erklimmen eines (Fitness-)Gipfels nicht an jeder Wegscheide wieder von vorne im Tal zu laufen anfangen muss, sondern sogar mit hoher Wahrscheinlichkeit den nächsten Schritt in die richtige Richtung machen kann, so können auch Genome, die in den Hügeln und Bergen einer Fitnesslandschaft unterwegs sind, sich Mutationsschritt für Mutationsschritt einen



Evolution funktioniert nicht durch blindes Zusammenwürfeln der Nukleotide, wie es simplifizierende „Wahrscheinlichkeitsberechnungen“ voraussetzen.

Fitness-Hügel hinaufbewegen, allerdings immer in der Gefahr, dass ein benachbarter Gipfel sie hätte viel höher gelangen lassen.

Genome sind aber – und dies ist wichtig – keine zufälligen Ansammlungen von Basenpaaren, sondern sie sind in bei der sexuellen Fortpflanzung immer wieder neu verteilte Abschnitte, die Gene, gegliedert, die wiederum in so genannten Introns und Exons organisiert sind. Exons sind die DNS-Abschnitte von Genen, die in Aminosäuren (und damit Proteine) übersetzt werden. Introns und Regionen vor dem ersten und nach dem letzten Exon eines Gens enthalten zusätzlich bestimmte wichtige steuernde Informationen (beispielsweise wo und wann in der Entwicklung Gene angeschaltet werden), die oft nur sechs Basenpaare lang sind. Mutationen, auch wenn sie relativ selten sind und sich Genome mit Prüfenzymen sogar auch noch gegen Mutationen schützen, kommen auf das gesamte Genom bezogen relativ häufig vor.

Wie Gene evolvieren und wie die genetische Information in „protein-kodierenden“ Exons organisiert ist, ist recht gut verstanden. Die genaue Abfolge von jeweils drei Nukleotiden G, A, T, oder C ist in Exons in so genannten Triplets organisiert, die dann in Ketten der 20 verschiedenen natürlich vorkommenden Aminosäuren übersetzt werden, die alle Proteine der Zellen des Körpers ausmachen. Warum Triplets? Bei Dupletts wären 2 hoch 4, also nur 16 Kombinationen von vier Basen möglich gewesen, hätten daher nicht ausgereicht für die 20 Aminosäuren. Dreierkombinationen von vier Basen ergeben insgesamt 64 (3 hoch 4) Kombinationen, und dies wird im Genom dahingehend genutzt, dass die meisten Aminosäuren von mehreren möglichen Triplets kodiert sind. Außerdem gibt es noch Signalkodons, die den Beginn (ATG) oder das Ende (TAA, TAG, TGA) eines proteinkodierenden Teils eines Genes signalisieren. Beispielsweise würde eine fiktive DNS-Sequenz TCT TGT CAT ATT AGT AGC ATG GCT TGT CAT GAA CGT ein Protein mit der Abfolge der Aminosäuren Serin, Cystin, Histidin, Isoleucin, Argenin, Argenin, Methionin, Alanin, Cystin, Histidin, Glutamin, Argenin haben, im 1-Buchstabencode abgekürzt: S C H I R R

M A C H E R. Punktmutationen in Exons, die nur ein Nukleotid verändern oder gar löschen (und damit den Leserahmen von DNS zu Aminosäuren ändern), haben in Exons einen besonders großen, oft negativen Effekt. Aber dies ist nur ein Beispiel aus einer ganzen Reihe von Mutationstypen. Diese Tripletorganisation, der genetische Code, wurde bald nach der Entdeckung der DNS-Struktur von Watson und Crick von Physikern und Molekularbiologen geknackt und ist universell in (fast) allen Organismen gleich.

Die (Fast)-Universalität der Tripletorganisation ist auch ein wichtiger Beweis dafür, dass das Leben auf diesem Planeten nur einmal entstanden ist, oder zumindest eine bestimmte der wahrscheinlich sehr vielen ursprünglichen Linien überlebt hat, denn wenn jede Spezies de novo entstanden oder geschaffen worden wäre, warum hätte der allmächtige Schöpfer dann so wenig Fantasie haben sollen, den genetischen Code in allen Organismen gleich zu lassen? Es gibt keinen Grund, dass beispielsweise TCT für Serin kodiert. Jede andere Kombination von G, A, T und C hätte vielleicht ähnlich gut funktioniert, aber sobald dieser Code einmal feststand, wurde dieser Zufall seit 3,5 Milliarden Jahren evolutionär eingefroren und blieb seit der Entstehung des Lebens unverändert. Der zufällige genetische Code wurde zur Notwendigkeit.

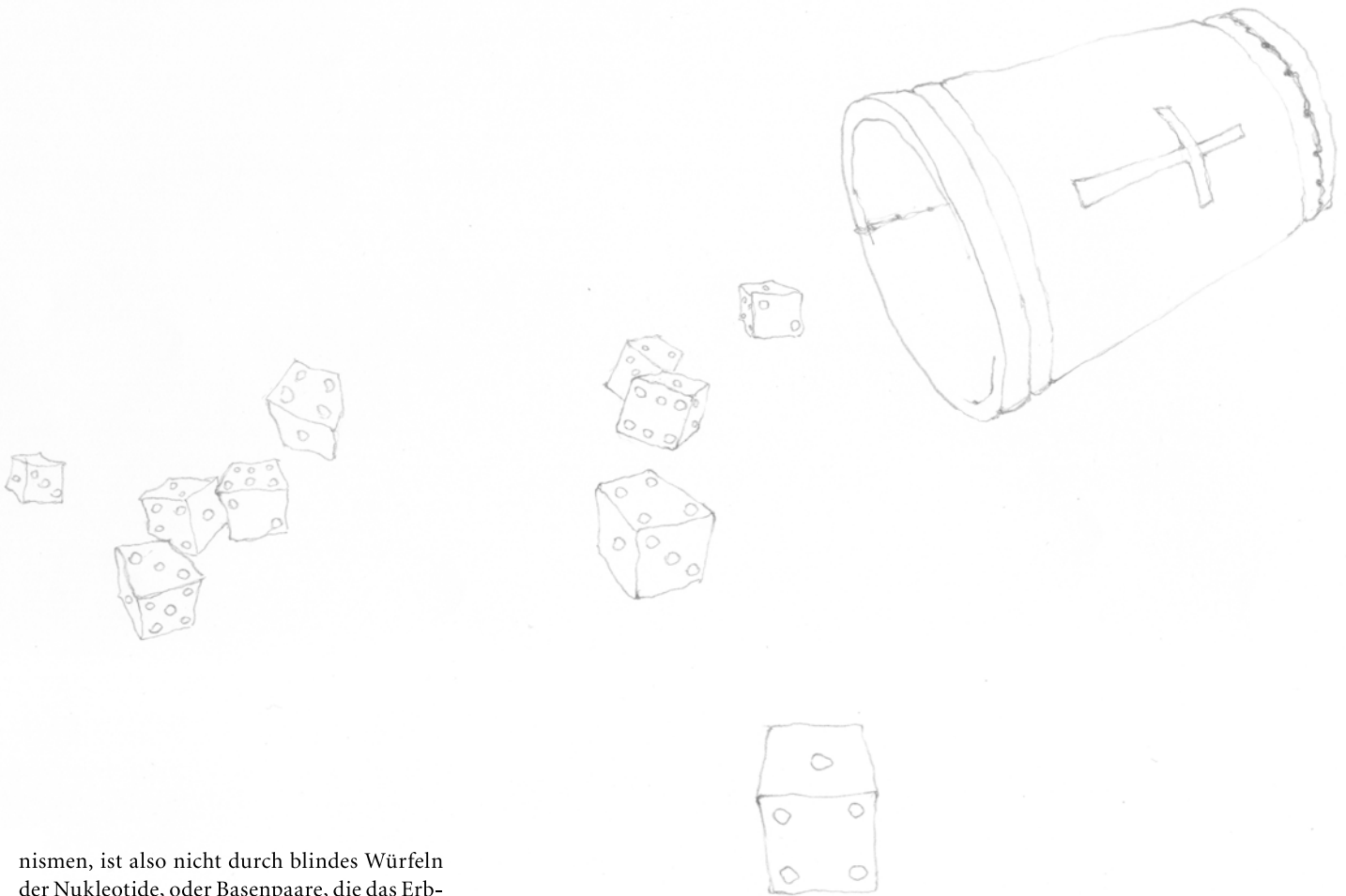
Wir wissen dies, denn frühe Organismen, wie in den letzten Jahren durch vergleichende genomische Analysen klar wurde, tauschten Teile von Genen oder sogar ganze Gene oder Genome miteinander aus. Wenn der genetische Code Dialekte gehabt hätte, wäre dieser so genannte horizontale Genaustausch nicht möglich gewesen, denn ein DNS-Kauderwelsch hätte höchstwahrscheinlich nicht funktionelle Proteine zur Folge gehabt und die Hybridorganismen hätten nicht überlebt. Aber Organismen, die sich funktionierende Gene von anderen Organismen „ausborgen“ können, haben unzweifelhaft selektive Vorteile.

Auch unsere Zellen tragen den Beweis für diese Milliarden Jahre zurückliegenden Ereignisse. Jede eukaryontische Zelle, auch jede Zelle unseres Körpers, enthält Hunderte oder

sogar Tausende von Mitochondrien genannten Zellorganellen mit eigener Zellmembran und eigenem kleinen, aus nur 16.569 Basenpaaren und 13 proteinkodierenden Genen bestehenden Genom. Dieses Genom, samt Bakterium, das es enthielt, wurde, wie Lynn Margulis schon vor 30 Jahren erkannte, von einem anderen Prokaryonten vor Milliarden von Jahren aufgenommen. So ist auch unser Körper ein symbiontischer Organismus; ein Gemisch von ursprünglich unabhängigen evolutionären Linien, die aber gemeinsam besser funktionierten. Viele der mitochondriellen Gene wanderten ins Genom, und die Mitochondrien, wie auch der Rest der Zelle, wurde abhängig voneinander, konnten ohne das andere Genom nicht mehr leben. Ferner trägt auch unser Genom noch zu einem nicht unerheblichen Teil Gene bakteriellen Ursprungs, wie Sequenzvergleiche der letzten Jahre zeigten. Aber es gibt noch viele weitere evolutionäre Mechanismen, wie Genfunktionen sich über evolutionäre Zeiträume hinweg verändern.

Wenn die fiktive Proteindomain SCHIRRMACHER eine bestimmte Funktion hat, so ist es denkbar, dass der SCHIRR-Teil eine andere Unterfunktion als der MACHER-Teil erfüllt. Wenn beide Teile in verschiedenen Exons des Gens organisiert wären, dann könnte beispielsweise eine Duplikation des MACHER-Exons, ein relativ häufiger Vorgang, zu einer Superfunktion (Supermacher) führen, oder das MACHER-Exon in ein anderes Gen transloziert werden, was auch recht oft passiert. Molekularevolutionäre Experimente mit dem harmlosen menschlichen Darmbakterium *Escherichia coli*, die sich alle 20 Minuten teilen und so theoretisch 26.280 Generationen innerhalb eines Jahres hervorbringen, zeigten dies. Ein rein praktisches Problem (experimenteller) Evolution sind die üblicherweise langen Generationszeiten, die es erschweren, während der Lebensspanne eines Evolutionsforschers, zum Beispiel Fitnessveränderungen, über Generationen zu messen, deshalb werden für diesen Zweig der Evolutionsforschung oft Bakterien wegen ihrer sehr kurzen Generationszeiten als Modellsystem verwandt.

Homo sapiens, wie auch alle anderen Orga-



nismen, ist also nicht durch blindes Würfeln der Nukleotide, oder Basenpaare, die das Erbmaterial ausmachen, entstanden, wie es solche simplifizierenden „Wahrscheinlichkeitsberechnungen“ voraussetzen. Wir hatten Vorfahren bis zurück vor 3,5 Milliarden Jahren auf diesem Planeten. Und diese hatten zum Teil sehr viel kleinere Genome. Aber nehmen wir nur das Genom des *E. coli*, das aus nur 4.639.221 Nukleotiden besteht, die für nur 4290 Gene kodieren. Dass selbst so ein immer noch relativ komplexes Genom allein de novo zufällig aneinandergereiht entstände, wäre wirklich sehr, sehr unwahrscheinlich – auch wenn sieben Milliarden Menschen jeweils Milliarden von ihnen in ihrem Darm beherbergen. Populationsgröße, wie das Beispiel der Lottospieler zeigt, ist eine Variable, neben Selektion, die von Kreationisten gerne ignoriert wird.

Aber so funktioniert Evolution nicht. Dies sind nur die üblichen „Berechnungen“ von Kreationisten. Bei dreieinhalb Milliarden Jahren Mutation und Selektion und damit Evolution mit so vielen Generationen pro Jahr und unzähligen evolutionären Linien kann sehr viel passieren, ja musste sehr viel geschehen – selbst morphologisch divergente Tierstämme fingen einmal „klein“ an, nämlich als neue Arten und die verteilte Makroevolution (Evolution auf der überartlichen Ebene) beinhaltet keinerlei besondere oder andere Mechanismen als die auf Populationsebene stattfindende Mikroevolution. Antibiotikaresistenzen evolvieren in nur wenigen Jahren, Influenzaviren fordern jedes Jahr neue Grippeimpfstoffe, und neue Arten können in wenigen tausenden Generationen entstehen

– dies ist mittlerweile für viele Arten gezeigt worden. Die beschriebenen innerartlichen (mikroevolutionären Prozesse) pflanzen sich auf der überartlichen (makroevolutionären) Ebene fort. Es ist somit nichts „Magisches“ oder mit evolutionsbiologisch anerkannten Mechanismen Unvereinbares an makroevolutionären Prozessen oder Mustern. Die meisten Evolutionsbiologen sind sich einig, dass keine grundsätzlich anderen evolutionären Mechanismen in der Makro- als in der Mikroevolution arbeiten, auch wenn Kreationisten nicht müde werden, dies zu behaupten.

Auch relativ seltene Mutationen sind über evolutionäre Zeiträume kreativ. So akkumulierten etwa 40.000.000 Mutationen, die das Genom von Schimpanse und Mensch unterscheiden, seit wir vor sechs Millionen Jahren einen gemeinsamen Vorfahren hatten. Diese genetischen Unterschiede machen den Unterschied zwischen diesen beiden Primaten aus. Unsere Vorfahren, die Neandertaler, sind uns genetisch noch sehr viel ähnlicher, denn der letzte gemeinsame Vorfahre von Schimpanse und Mensch lebte vor fünf bis sechs Millionen Jahren, aber der von Neandertalern und Menschen nur vor 500.000 bis 600.000 Jahren.

Menschen unterscheiden sich durchschnittlich um etwa ein Zehntel dieser genetischen Variation. Aber nicht nur Punktmutationen, die den Wahrscheinlichkeitsberechnungen der Kreationisten zu Grunde liegen, verändern Genfunktionen, sondern eine ganze Palette von anderen Mutationstypen erzeugt genetische Variation.

Einer der wichtigen anderen evolutionär funktionsdiversifizierenden Mechanismen wurde von Walter Gilbert Exon-shuffling genannt. Dabei werden Exone zwischen verschiedenen Genen hin- und herbewegt. Der Harvard-Nobelpreisträger Walter Gilbert berechnete, dass es nur etwa 200 verschiedene Proteinmotive gibt, die dann in verschiedenen Kombinationen das tausende umfassende Proteinuniversum aller Organismen ergeben. So können aus relativ wenigen Typen von Proteindomänen neue Proteine mit gänzlich verschiedenen Funktionen entstehen. Mit Sicherheit gab es also aus heutiger Sicht funktionierende Proto-Proteine, die schon als Netzwerke zusammenarbeiteten. Diese lassen sich auch in verschiedensten Formen in den weiten Ästen des Baums des Lebens identifizieren.

Wo Intelligent Design also meint, die moralische Natur des Menschen vor den „blinden“ Mechanismen der Naturwissenschaft bewahren zu müssen, raubt sie ihm gerade jene Freiheitseigenschaften, die ihn erst zum wirklichen Menschen machen

Duplikationen verschiedenster Form sind ein weiterer Mechanismus der Entstehung genetischer Variationen. Die Wichtigkeit von Gen- und Genomduplikationen für die „großen Schritte“, der Evolution, beispielsweise vom Einzeller zum Vielzeller oder dem Ursprung der Landwirbeltiere, ist seit den Arbeiten von Susumo Ohno in den 70er-Jahren bekannt (s.a. A. Meyer / Y. Van de Peer, [Hg.]: *Genome evolution: gene and genome duplication and the origin of novel gene function*, Kluwer Academic Publishers, 2003). Duplizierte Gene erlauben es, Mutationen in der zweiten Kopie zu akkumulieren, die zu neuen Genfunktionen führen können. Die andere „Sicherheitskopie“ kann weiterhin die ursprüngliche Funktion erfüllen. Dieses Redundanzprinzip trifft nicht nur auf einzelne Exone oder Gene zu, sondern sogar ganze Genome werden gelegentlich dupliziert und führen zur spontanen Entstehung neuer Arten, oder können, wie beispielsweise bei vielen unserer Nutzpflanzen – denken Sie an Blumenkohl und Rosenkohl, die zur gleichen Art gehören – den Phänotyp innerhalb einer Art radikal ändern.

Das nur 1.308.759 Basenpaare große Genom des bisher kleinsten bekannten frei lebenden Bakteriums *Pelagibacter* hat nur 1354 Gene und enthält keinerlei duplizierte Gene, keine viralen Genome und keine „junk“ DNS, die mehr als 95 Prozent unseres Genoms ausmacht (selbstverständlich ist auch unser Genom nicht „perfekt“). Dies ist der wohl erfolgreichste Organismus der Erde. Es wird geschätzt, dass etwa zwanzig Milliarden Milliarden Milliarden *Pelagibacter* in den Weltmeeren leben, mit einem Gesamtgewicht, das das aller Fische der Ozeane übersteigt. Der Krankheitserreger *Mycoplasma genitalium* hat mit 580.073 Nukleotiden und nur 483 Genen das kleinste Genom. Ein Minimalgenom eines Organismus besteht wahrscheinlich aus nur ca. 250 Genen. Damit kommen wir schon leicht in den Bereich, wo in den Billionen von Versuchen, die sicherlich in der frühen Erde stattfanden, die Entstehung von Genomen erklärbar und wahrscheinlich ist. Die DNS-

Basenabfolge von diesen etwa 250 Genen könnte schon bald mit heutigen Technologien allein synthetisiert werden und so künstliche Genome/Leben kreiert werden. Craig Venter bemüht sich zurzeit darum. Mit dem noch kleineren Genom eines Phagenvirus ist dies schon gelungen.

Das Leben auf diesem Planeten fing also einfach an, mit kleinen Genomen und wenigen Genen und Proteinen. Aber ungezählte Mikroben hatten wenigsten dreieinhalb Milliarden Jahre mit vielen Tausenden Generationen pro Jahr und in zig Milliardenanzahlen der Populationen Zeit, die Gene zu vermischen und die Genomkomplexität zu erhöhen. In den Genomen heutiger Organismen lassen sich immer noch eindeutige genetische „Überreste“ finden, die klare Indizien dieser Evolutiongeschichte enthalten. So sind etwa 60 Prozent unseres Genoms schon in Vögeln und Reptilien zu finden und etwa 88 Prozent gleichen dem von Mäusen.

Was schließlich den Vorwurf betrifft, der „blinde Evolutionsprozess“ durch Variation und Selektion – also durch Versuch und Erfolg beziehungsweise Irrtum, auf dem schließlich auch die wichtigsten Lernvorgänge beruhen, denen wir unsere hochgerühmte Intelligenz verdanken – könne doch sicher weder Geist noch Willensfreiheit und moralische Verantwortung hervorbringen, so könnte gerade das Gegenteil richtig sein. Tatsächlich müsste nämlich eine engstirnig kreationistische Theorie der Entstehung der Natur als Fertigprodukt eines Schöpfers genau jene Bedingungen dieser geistigen und moralischen Freiheit des Naturwesens *Homo sapiens* in Frage stellen. Dies hat schon Goethe zu Eckermann am 15. Oktober 1825 bemerkt: „Sobald wir dem Menschen die Freiheit zugestehen, ist es um die Allwissenheit Gottes getan, denn sobald die Gottheit weiß, was ich tun werde, bin ich gezwungen zu handeln, wie sie es weiß.“ Es ist vielmehr – wenn irgendetwas Schöpferisches – der grandiose „Schöpfungsplan“ der Natur, ihr die molekulare Selbstorganisation und deren Weiterentwicklung nach den darwinischen Evolutionsprinzipien zu ermöglichen,

die am Ende eines Jahrtausends dauernden Prozesses die Wahlverhaltensfreiheit von Tieren, die Entscheidungsfähigkeit des Menschen und damit auch sein moralisches Verantwortungsvermögen hervorgebracht haben.

Damit erweist sich, dass ein solcher kreativer Evolutionsprozess allemal weit kreativer ist, als die Adepten eines Kreationismus einem Schöpfer vorschreiben zu müssen meinen. Sie trauen ihm wohl allenfalls die Konstruktion einer deterministischen „Uhrenwelt“ nach den unkreativen Prinzipien vorausbestimmter physikalischer Mechanik zu, während die belebte Welt, wie sie die Biowissenschaften erforschen und ständig besser verstehbar machen, eher von einem Schöpfer künden würden, der ihr die ganze Freiheit – mit allen lebensgefährdenden Risiken – eines Prozesses nach darwinischen Evolutionsprinzipien gewährt.

Wo Intelligent Design also meint, die moralische Natur des Menschen vor den „blinden“ Mechanismen materialistisch-rationalistischer, reduktionistischer Naturwissenschaft bewahren zu müssen, raubt sie ihm gerade jene Freiheitseigenschaften, die ihn erst zum wirklichen Menschen machen: was für eine beschränkte Theorie, selbst wenn hohe Würdenträger und Präsidenten sich zu ihr bekennen. ■

.....

Axel Meyer, geb. 1960, ist Professor für Zoologie und Evolutionsbiologie an der Universität Konstanz (www.evolutionsbiologie.uni-konstanz.de). Hubert Markl, geb. 1938, ist Professor für Biologie der Universität Konstanz. Als Buch erschien von Markl zuletzt *Schöner neuer Mensch?* (Piper Verlag, 2002). In *Novo79* beschrieb Markl in seinem Artikel „Über die Natur der Juristerei“ das Verhältnis zwischen Biologen und Juristen. Beim vorliegenden Text handelt es sich um eine überarbeitete und erweiterte Version eines Artikels, der am 17.9.05 in der *Frankfurter Allgemeinen Zeitung* erschien.

LESETIPPS

- ▶ Kenneth R. Miller: *Finding Darwin's God*, Harper Perennial, 1999
- ▶ Ernst Mayr: *Das ist Evolution*, Bertelsmann 2003