

# Das gut gehütete Geheimnis der Evolution: Mutationen sind nicht zufällig!

von **Paul Price**

übersetzt von **Markus Blietz**

Seit fast einhundert Jahren agieren Vertreter der Evolutionstheorie im Rahmen des Paradigmas, das als „Neo-Darwinistische Synthese“, auch bekannt als „Moderne Synthese“, bezeichnet wird. Diese Sichtweise wurde wiederholt als „natürliche Selektion, die auf zufällige Mutationen wirkt“ beschrieben. Ich habe mir die Freiheit genommen, in den folgenden Zitaten Hervorhebungen vorzunehmen, um Ihnen zu zeigen, wie verbreitet diese Formulierung ist.

Die Sache reicht Jahrzehnte zurück. In einem Biologie-Lehrbuch aus den 1960er Jahren heißt es:

„Mit der Weiterentwicklung der Vererbungslehre ist man dazu übergegangen, den Begriff `Mutation´ auf plötzliche, diskontinuierliche, **zufällige Veränderungen** in den Genen und Chromosomen zu beziehen, obwohl er zu einem gewissen Teil immer noch dazu verwendet wird, um einen neuen Typus einer Pflanze oder eines Tieres zu bezeichnen.“<sup>1</sup>

Um ein Beispiel aus einem etwas neueren Biologie-Lehrbuch (von 1989) zu nennen, hier eine Lernfrage:

„Basierend auf Ihrem Wissen über die DNS-Struktur, den genetischen Code und die Proteinstruktur: Für welche Arten von **zufälligen Mutationen** erwarten Sie, dass sie in einer Abstammungsfolge von Organismen trotz natürlicher Selektion von Generation zu Generation weiter vererbt werden?“<sup>2</sup>

Eine Google-Suche nach „Biologie-Lehrbuch“ ergibt als kostenlose Variante unter „openstax“ das Online-Buch „Biology 2e“. Hier ist, was dieses Online-Buch (veröffentlicht im Jahr 2018) sagt:

„Die Vielfalt des Lebens auf der Erde ist das Ergebnis von Mutationen, also **zufälligen** Veränderungen des Erbguts im Lauf der Zeit. Diese Mutationen ermöglichen es den Organismen, sich an eine sich verändernde Umwelt anzupassen. Ein Organismus, der Eigenschaften entwickelt, die für die Umwelt geeignet sind, wird einen größeren Reproduktionserfolg haben, da er unter dem Einfluss der natürlichen Selektion steht.“<sup>3</sup>

Denken Sie einen Moment lang über den Zufall nach. Alles könnte passieren, oder? Ist es nicht ein grenzenloses Meer von Möglichkeiten? Wenn man so darüber nachdenkt und die Magie der scheinbar unbeschränkten Zeit anwendet, kann die Entstehung von Leben durch Zufall plausibel erscheinen. Immerhin hat die Natur viel Zeit,

iStockphoto



um nach und nach mit zufälligen Variationen zu arbeiten und nur die besten auszusortieren. Aber das war die ganze Zeit ein Märchen!

Der berühmte Vertreter der Evolutionstheorie Dr. Stephen J. Gould sagte vor seinem Tod Folgendes:

„In Lehrbüchern über Evolution wird Variation immer noch oft als ‚zufällig‘ bezeichnet. Wir alle wissen, dass diese Bezeichnung falsch ist, aber wir verwenden den Ausdruck aus Gewohnheit weiter. Darwinisten haben nie für ‚zufällige‘ Mutationen im eingeschränkten und technischen Sinne von ‚gleich wahrscheinlich für jeden Fall‘ argumentiert, wie zum Beispiel beim Werfen eines Würfels. Unser unsauberer Gebrauch von ‚zufällig‘ trifft, zumindest in einem umgangssprachlichen Sinn, den Kern dessen, was wir damit aussagen wollen – nämlich, dass adaptive Variation *keinen Bezug zur Richtung der evolutionären Veränderung* haben darf; oder, noch deutlicher ausgedrückt: im Prozess der Schaffung neuen (biologischen) Rohmaterials durch aufeinanderfolgende Veränderungen gibt es nichts, was diesen Prozess zwingt, sich von adaptiven Variationen beeinflussen zu lassen.“<sup>4</sup>

*Wie praktisch, dass dieser „unsaubere“ (und andauernde) Sprachgebrauch zufällig ein wesentliches Grundproblem der Evolutionstheorie überdeckt.*

Wow, Dr. Gould, was für ein verblüffendes Eingeständnis! Wie praktisch, dass dieser „unsaubere“ (und andauernde) Sprachgebrauch zufällig ein wesentliches Grundproblem der Evolutionstheorie überdeckt. Wenn Mutationen nicht zufällig sind, wie das Werfen eines Würfels, dann bedeutet das, dass bestimmte Ergebnisse wahrscheinlicher sind. Und wenn bestimmte Ergebnisse wahrscheinlicher sind, wie könnte das dann auf lange Sicht nicht die Richtung der evolutionären Veränderung beeinflussen?

Offensichtlich ist dieser Punkt nicht jedem entgangen. Im Jahr 2014 brachte ein Wissenschaftsjournalist namens Kevin Kelly einen Artikel heraus, der forderte, dass die Idee zufälliger Mutationen in den „Ruhestand“ gehen sollte:

„Während wir nicht sagen können, dass Mutationen zufällig sind, können wir sagen, dass es eine beträchtliche zufällige Komponente gibt, so wie beim Werfen eines gezinkten Würfels. Gezinkte Würfel sollten aber dennoch nicht mit Zufälligkeit verwechselt werden, denn auf lange Sicht – und das ist der Zeitrahmen für Evolution – wird eine einseitige Neigung spürbare Auswirkungen haben!“<sup>5</sup>

Warum verwenden dann so viele weiterhin diese irreführende Bezeichnung? Kelly hat einige schockierend ehrliche Antworten für uns:

„Es gibt mehrere, miteinander zusammenhängende Gründe, warum diese unbegründete Idee weiterhin ohne Beweise verbreitet wird [und tatsächlich, wie ich zeigen werde, den Indizien widerspricht]. Der erste Grund ist die Befürchtung, dass nicht-zufällige Mutationen **von Kreationisten missverstanden und missbraucht** werden könnten, um die Realität und Bedeutung von Evolution durch natürliche Selektion fälschlicherweise zu leugnen. Der zweite Grund ist, dass, wenn Mutationen nicht zufällig sind und stattdessen irgendein Muster haben, dieses Muster dann eine Mikrorichtung in der Evolution vorgibt. Und da biologische Evolution nichts anderes als eine Abfolge von Mikroaktionen ist, die sich zu Makroaktionen akkumulieren, lassen diese Mikromuster die Möglichkeit zu, dass Evolution Makrorichtungen hat. Das lässt alle möglichen Arten von Alarmglocken läuten. Denn wenn es evolutionäre Makrorichtungen gibt, woher kommen sie dann? Und was sind diese Richtungen? Bis heute gibt es kaum einen Konsens über Beweise für Makrorichtungen in der Evolution, die über eine bloße Zunahme der Komplexität hinausgehen; die Vorstellung einer Evolution mit irgendeiner Richtung ist aber so konträr zum aktuellen Dogma der modernen Evolutionstheorie, dass sie weiterhin die Annahme der **Zufälligkeit** vertritt.“

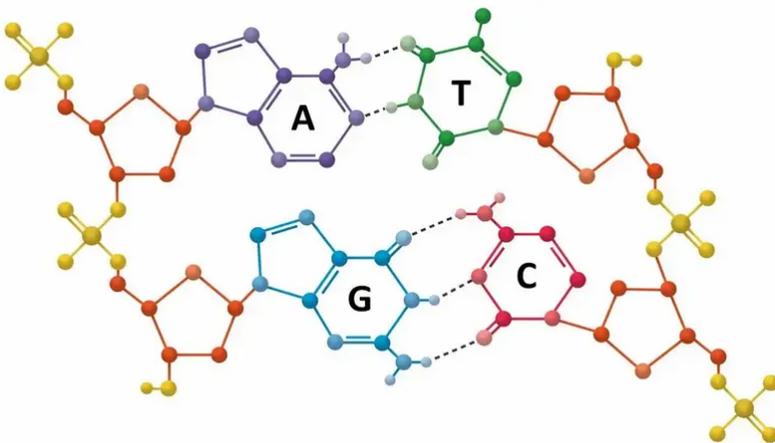
Da haben wir es! Die Verwendung des Wortes „Zufall“ ist (zumindest für einige) ein bewusster Trick, um die Menschen über die Evolutionstheorie zu täuschen. Ist das nicht das, was unser Wissenschaftsautor oben gerade schwarz auf weiß zugegeben hat? Sie wollen nicht, dass wir bösen Kreationisten die Gelegenheit nutzen, um auf all die Probleme hinzuweisen, die mit dieser Idee der nicht-zufälligen Mutationen verbunden sind. Nun, zu spät, denn jetzt ist die Katze aus dem Sack. Ich lasse die Alarmglocken läuten, was dieses fundamentale Problem der Evolutionstheorie betrifft!

## Was bedeutet es, wenn bei Mutationen von einer „Tendenz“ die Rede ist?

Wenn Mutationen eher zu bestimmten Ergebnissen führen als zu anderen, was genau ist dann diese Tendenz? Die vorherrschende Ansicht ist derzeit, dass GC → AT-Mutationen wahrscheinlicher sind. Um zu erläutern, was das genau bedeutet, brauchen wir eine kurze Auffrischung zum Thema grundlegende DNS-Struktur.

## Grundlegendes zum Aufbau der DNS

Die DNS besteht aus 4 Nukleotiden oder Basen, die als Basiselemente des Codes (wie Buchstaben) fungieren. Sie werden durch die Buchstaben A, T, C und G repräsentiert. Die DNS ist aber eine Doppelhelix, was bedeutet, dass jede Base auf der anderen Seite der Helix mit einer entsprechenden Base gepaart ist, und diese korrespondieren auf eine bestimmte Weise. Wenn Sie also die Basenfolge auf der einen Seite der Doppelhelix kennen, können Sie die andere Seite vorhersagen, indem Sie einfach G und C, sowie A und T austauschen. Ein darauf basierendes statistisches Maß, der sogenannte GC-Gehalt, bezieht sich dabei auf den Prozentsatz der auftauchenden Gs und Cs im Vergleich zu As und Ts.



**Abbildung 1:** Das A-T-Paar ist durch zwei Wasserstoffbrückenbindungen verbunden, während das G-C-Paar drei Bindungen aufweist. Die Wasserstoffbrücken zwischen komplementären Basen verbinden die beiden Helices der DNS miteinander.

## Die Basen-Tendenz

Es gibt zahlreiche Hinweise darauf, dass bei allen Mutationen eine allgemeine Tendenz in Richtung AT besteht (d.h. GC-Nukleotide mutieren bevorzugt zu AT).<sup>6,7</sup> In einer Arbeit von Hildebrand et al. heißt es:

„Es wurde vorgeschlagen, dass es sowohl bei Prokaryoten [zelluläre Lebewesen mit Zellkern, Anm. d. Übers.] als auch bei Eukaryoten [zelluläre Lebewesen ohne Zellkern, Anm. d. Übers.] eine universelle Tendenz von Mutationen in Richtung AT gibt... Unsere Analyse bietet eine begrenzte Unterstützung für diese Hypothese.“<sup>7</sup>

Die genauen Gründe für diese Tendenz haben mit den grundlegenden Gesetzen der

Chemie, sowie den Aktionen verschiedener Enzyme wie der DNS-Polymerase zu tun – die vielen Spekulationen und Debatten auf diesem Gebiet zu behandeln, würde den Rahmen dieses Artikels sprengen.

Wenn aber dieser gegen den GC-Gehalt gerichtete Mutationstrend durchgängig auftritt und Mutationen das „Rohmaterial“ für Evolution sind, warum haben wir dann überhaupt GC-reiche Genome (oder Abschnitte von Genomen)? Es wurden einige hypothetische Mechanismen der natürlichen Selektion zugunsten des GC-Gehalts vorgeschlagen,<sup>6</sup> aber diese scheinen alle das Problem zu ignorieren, dass die meisten Mutationen so klein sind, dass sie – für sich alleine betrachtet – vernachlässigbare Auswirkungen haben (in Übereinstimmung mit der „neutralen Theorie“).<sup>8</sup> Die Autoren der Hildebrand-Studie geben das Problem zu und schreiben ziemlich kleinlaut:

„Eine solche allgemeine Abnahme des GC-Gehalts bei GC-reichen Spezies ist eindeutig nicht akzeptabel ... Dies deutet daher darauf hin, dass die natürliche Selektion **oder eine andere Kraft** einen hohen GC<sup>4</sup>-Gehalt in vielen Bakterien aufrechterhält.“

Wenn man bedenkt, dass es sich hier um eine von Experten begutachtete wissenschaftliche Arbeit handelt, klingt das nicht gerade sehr wissenschaftlich, oder? „Eine andere Kraft?“ Ähnlich spekulativ ist ein anderes Paper von Couce et al., in dem Daten aus Lenskis berühmtem Long Term Evolution Experiment (LTEE) mit E. Coli analysiert wurden [Langzeit-Evolutionsexperiment an Eschericia coli Bakterien unter der Leitung von Richard Lenski, Anm. d. Übers.]:

„Trotz dieses Mutationsdrucks sind große, GC-reiche Genome in allen Bakterienstämmen weit verbreitet, was auf starke Kräfte hindeutet, die die Genome aus ihrem Mutationsgleichgewicht treiben. Viele adaptive Erklärungen wurden vorgeschlagen, einschließlich biosynthetischer Kosten und der größeren Stabilität von GC-reichen Sequenzen unter Hochtemperatur-, Oxidations- und UV-Bestrahlungsbedingungen. **Was auch immer der besondere Selektionsdruck ist ...**“<sup>6</sup>

*Warum haben wir überhaupt GC-reiche Genome (oder Abschnitte von Genomen)?*

Ähnlich wie im Hildebrand-Paper kommt dies einem Eingeständnis von Unwissenheit gleich und ignoriert völlig das Problem, dass die meisten Mutationen zu klein sind, um überhaupt selektiert zu werden. Die Idee, dass „starke Kräfte“ am Werk sind, die den GC-Gehalt bewahren und aufbauen sollen, steht in völligem Widerspruch zur Theorie der nahezu neutralen Mutationen.

## Kann natürliche Selektion den Trend überwinden?

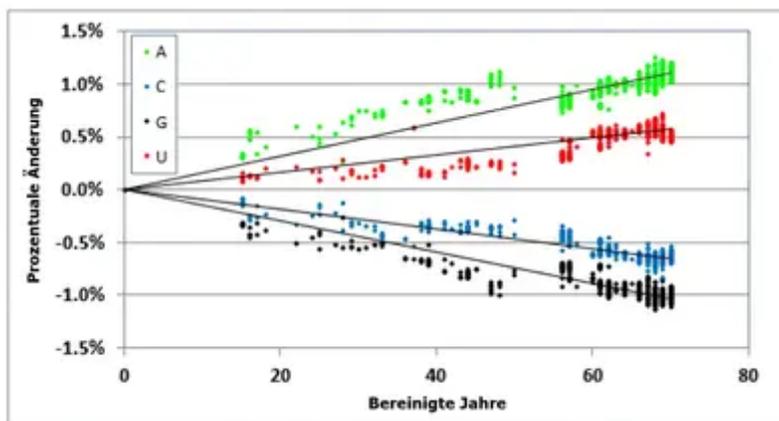
Die Spekulation, dass natürliche Selektion für die Aufrechterhaltung des GC-Gehalts verantwortlich sein könnte, scheitert daran, dass die meisten Mutationen zu klein sind, um überhaupt selektiert zu werden. Die Autoren hätten das wissen müssen, wenn man bedenkt, dass einer von ihnen (Dr. Eyre-Walker) auch eine andere Arbeit verfasst hat, in der er feststellte: „...insbesondere bei mehrzelligen Organismen ... haben die meisten Mutationen, selbst wenn sie schädlich sind, so kleine Effekte, dass man ihre Auswirkungen auf die relative Überlebensrate nicht messen kann.“<sup>10</sup>

Wenn aber die meisten Mutationen so klein sind, wie kann die Selektion dann auf sie einwirken? Damit eine Mutation von der natürlichen Selektion „gesehen“ wird, muss sie die Fähigkeit des Organismus zur Fortpflanzung beeinflussen. Aus diesem Grund sind sich sogar die säkularen Evolutionsexperten darin einig, dass sehr kleine Mutationen nicht der natürlichen Selektion unterliegen. Das macht Sinn, denn natürliche Selektion ist nur ein anderer Begriff für „differentielle Reproduktion“. Wenn eine Mutation zu klein ist, um die Reproduktion in irgendeiner merklichen Weise zu beeinflussen, dann kann natürliche Selektion nicht einmal theoretisch auf sie einwirken:

„In Bezug auf die Evolutionsdynamik ist jedoch zu erwarten, dass Mutationen, deren Auswirkungen sehr klein sind, ... eher von Drift [ein anderer von den Vertretern der Evolutionstheorie postulierter Mechanismus, wo zufällig bestimmte Genvarianten häufiger auftreten, Anm. d. Übers.] als von Selektion dominiert werden.“<sup>11</sup>

Tatsächlich gibt es nach der allgemein akzeptierten „neutralen Theorie“ der Evolution eine Grenze, unterhalb der Mutationen zu klein werden, um selektiert zu werden.<sup>12</sup> Wenn die meisten Mutationen zu klein sind, um einen nachweisbaren Unterschied für die Fortpflanzung zu machen, dann folgt daraus, dass die meisten Mutationen tatsächlich nicht von der natürlichen Selektion bearbeitet werden können:

„Mutagenese- und Mutationsakkumulationsexperimente können uns nur dann detaillierte Informationen über die DFE [Verteilung der Fitnesseffekte] von Mutationen geben, wenn diese einen mäßig großen Effekt haben, da dies die Mutationen sind, die in Laborversuchen nachweisbare Effekte haben. Es scheint jedoch wahrscheinlich, dass viele und möglicherweise die Mehrheit der Mutationen Effekte haben, die zu klein sind, um im Labor nachgewiesen zu werden.“<sup>10</sup>



**Abbildung 2.** Relative prozentuale Änderungen der vier Nucleotide im menschlichen H1N1-Virus von 1918 bis 2009. Die Jahre sind um das Wiederauftauchen eines Virusstammes, der im Jahr 1955 fast ausstarb und 1976 wieder in Erscheinung trat, bereinigt, so dass sich ein Gesamtzeitraum von 70 Jahren ergibt. Der Bruch in den Daten um das Jahr 55 repräsentiert nicht das Beinahe-Aussterben von 1955, sondern fehlende Daten im Zeitraum 1990-1994.

abnimmt. Einige haben versucht, dagegen zu argumentieren, und, wie ich hinzufügen möchte, erfolglos. Nach mehr als 10 Jahren hat es niemand in der säkularen Wissenschaft gewagt, diese Ergebnisse durch die Erstellung einer eigenen Simulation anzufechten.

Darüber hinaus haben Dr. Sanford und Dr. Carter 2012 ihre eigenen unabhängigen und von Experten begutachteten Untersuchungen über den zeitlichen Verlauf des H1N1-Virus (menschlicher Stamm) durchgeführt, beginnend mit seinem Ausbruch im Jahr 1917 bis hin zu seinem endgültigen scheinbaren Ende im Jahr 2009.<sup>14</sup> Sie zeigten, dass sich, genau wie Mendels Buchhalter vorausgesagt hatte,<sup>15</sup> Mutationen in der Population der Grippeviren im Laufe der Zeit kontinuierlich anhäufte. Aber nicht nur das – wichtig ist auch, dass sie zeigten, dass sich die Mutationen „nach den Gesetzen der Chemie“ anhäufte. Mit anderen Worten, die

Dr. John Sanford, der die Idee der Genetischen Entropie entwickelt hat, indem er nichts anderes als die Annahmen der neutralen Theorie verwendete, hat in den letzten Jahren viel Arbeit geleistet, um diese Hypothese zu testen und zu bestätigen. Ein großer Teil davon wurde mit einem biologisch realistischen Simulationsprogramm durchgeführt, das er mitentwickelt hat: „Mendel’s Accountant“ [„Mendels Buchhalter“, Anm. d. Übers.].<sup>13</sup> Es ist ziemlich bezeichnend, dass der realistischste „Evolutionssimulator“ der Welt von Kreationisten erstellt wurde. Dieses Programm wurde benutzt, um zu zeigen, dass Evolution aufgrund der erwarteten Anhäufung von schädlichen Mutationen in allen evolutionären Szenarien unmöglich ist. Mendels Buchhalter zeigt, dass selbst im Fall von starker Selektion die relative Überlebensrate mit der Zeit kontinuierlich

Mutationen wurden nicht wirklich herausgefiltert oder durch irgendetwas gesteuert (wie im Fall der natürlichen Selektion). Der GC-Gehalt nahm mit der Zeit ab.

## Das GC-Rätsel

Die Frage bleibt unbeantwortet: Warum ist der GC-Gehalt vieler Genome (und, noch wichtiger, einzelner Abschnitte des Genoms) so viel höher, als der Mutationstrend erzeugen würde? Der auf Mutationen basierende evolutionäre Prozess, der angeblich das Leben hervorgebracht hat, zeigt einen Trend contra GC, aber pro AT. Nach Hunderten von Millionen Jahren, in denen sich Mutationen angesammelt haben, und unter der Annahme, dass Mutationen die Quelle unserer genetischen Information sind, würde man erwarten, dass der GC-Gehalt dem allgemeinen Mutationstrend entspricht. Aber das ist nicht das, was wir finden.

## Fazit: Evolution hat keinen Mechanismus!

Ich habe mich viele Jahre lang mit Schöpfungsapologetik beschäftigt (eigentlich die meiste Zeit meines Lebens), und ich war fassungslos, als ich dieses gut gehütete evolutionäre Geheimnis entdeckte. Die meisten Menschen, einschließlich derer, die in biologischen Wissenschaften ausgebildet sind, haben absolut keine Ahnung, dass dieses wichtige Thema existiert. Wie ich in einigen der obigen Zitate untersucht habe, scheint es, dass diese allgemeine Unwissenheit kein Zufall ist; diejenigen, die darüber Bescheid wissen, entscheiden sich absichtlich, es nicht zur Sprache zu bringen, um eine Blamage für das „heilige“ Primäre Axiom der Evolution zu vermeiden. Es ist an der Zeit für uns Kreationisten, das Schweigen im großen Stil zu brechen! Die Tatsache, dass Mutationen aufgrund der Gesetze der Chemie in eine bestimmte Richtung tendieren, bedeutet, dass wir einen starken Beweis dafür haben, dass Mutationen nicht die ursprüngliche Quelle der Information in der DNS sind. Dies ist bei Weitem nicht das einzige Problem mit der Darwin'schen Evolution, aber dieses Problem ist besonders verheerend, weil es eine tiefe Unzulänglichkeit der Evolutionstheorie auf der grundlegendsten Ebene zeigt. Evolution ist wie eine Person mit verbundenen Augen, die versucht, die Kathedrale von Notre Dame aus Legosteinen® zu bauen, einen zufällig platzierten Block nach dem anderen. Je mehr wir lernen, desto mehr entpuppt sich der Darwinismus als ein primitiver Mythos, während sich die biblische Darstellung, dass das Leben von Gott geschaffen wurde, als wahr erweist.

## Literaturangaben

1. Vilee, C., *Biology* (4<sup>th</sup> ed), W.B. Saunders Company, Philadelphia, 1963, p. 517. [Zurück zum Text.](#)
2. Curtis, H. and Barnes, S., *Biology*, Worth Publishers, New York, 1989. [Zurück zum Text.](#)
3. Clark, M., Douglas, M., and Choi, J., *Biology 2e*, openstax.org/details/books/biology-2e, 28 Mar 2018. [Zurück zum Text.](#)
4. Gould, S., *The Structure of Evolutionary Theory*, The Belknap Press of Harvard University Press, Cambridge, 2002, p. 144. [Zurück zum Text.](#)
5. Kelly, K., Fully Random Mutations, edge.org/response-detail/25264, accessed 18 February 2020. [Zurück zum Text.](#)
6. Couce, A. *et al.*, Mutator genomes decay, despite sustained fitness gains, in a long-term experiment with bacteria, *PNAS* **114** (43) E9026–E9035, 24 October 2017. doi.org/10.1073/pnas.1705887114. [Zurück zum Text.](#)
7. Hildebrand, F., Meyer, A., and Eyre-Walker, A., Evidence of Selection upon Genomic GC-Content in Bacteria, *PLoS Genet* **6**(9): e1001107, 2010. doi: 10.1371/journal.pgen.1001107. [Zurück zum Text.](#)
8. Price, P., Genetic Entropy: The Silent Killer, *Creation* **41**(4):48–50, 2019. [Zurück zum Text.](#)

9. Beachten Sie die "4" nach GC; man spricht über bestimmte Positionen im Erbgut, die man "vierfach degenerierte" Positionen nennt, wo jedes der 4 Nukleotide keinen Unterschied in der Aminosäure machen würde, die in diesem Codon (kodierende Sequenz) spezifiziert wird. Man tut dies, weil der GC-Gehalt an diesen Stellen stark mit dem gesamten GC-Gehalt des Genoms korreliert. [Zurück zum Text](#).
10. Eyre-Walker, A. and Keightley P.D., The distribution of fitness effects of new mutations, *Nat. Rev. Genet.* **8**(8):610–8, 2007. doi.org/10.1038/nrg2146. [Zurück zum Text](#).
11. Shaw, R., Shaw, F., and Geyer, C., What Fraction of Mutations Reduces Fitness? A Reply to Keightley and Lynch, *Evolution* **57**(3):686–689, 2003. jstor.org/stable/3094782. [Zurück zum Text](#).
12. Siehe zum Beispiel Ref. 7. [Zurück zum Text](#).
13. Carter, R., A successful decade for 'Mendel's Accountant', *Journal of Creation* **33**(2):51–56, 2019. [Zurück zum Text](#).
14. Carter, R. and Sanford, J., A new look at an old virus: patterns of mutation accumulation in the human H1N1 influenza virus since 1918, *Theor. Biol. Med. Model.* **9**:42, 2012; doi:10.1186/1742-4682-9-42. [Zurück zum Text](#).
15. Brewer, W., Smith, F.D., and Sanford, J.C., Information loss: potential for accelerating natural genetic attenuation of RNA viruses; in: Marks II, R.J., Behe, M.J., Dembski, W.A., Gordon, B., and Sanford, J.C. (Eds.), *Biological Information—New Perspectives*, World Scientific, Singapore, pp. 369–384, 2013. [Zurück zum Text](#).

Parler

 Email