

# DIE WAHRSCHEINLICHKEIT DER MAKROEVOLUTION

## Bewertung:

**Beschreibung:** Nach den enormen Fortschritten und Errungenschaften, die während des dritten Millenniums auf dem Gebiet der Genetik gemacht wurden, sind wir jetzt besser in der Lage, die Aussichten der Makroevolution der Evolutionstheorie zu beurteilen, die während der Geschichte des Universums aufgetreten ist.

leer: [Artikel Beweis für die Wahrhaftigkeit des Islam Logische Beweise](#)

leer: [Artikel Beweis für die Wahrhaftigkeit des Islam Die Existenz Gottes](#)

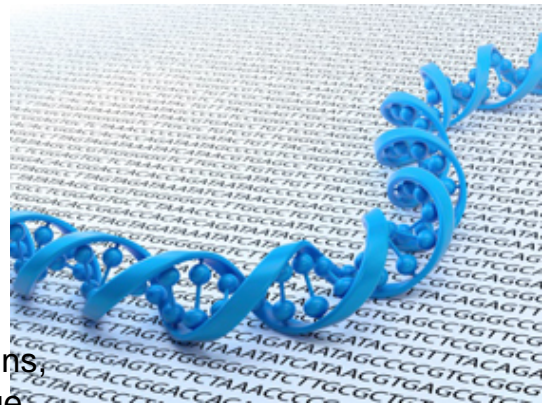
von: Ibrahim Abuharb (© 2016 I. A. Abuharb)

Veröffentlicht am: 29 Feb 2016

Zuletzt verändert am: 01 Aug 2022

## Einleitung

Die Wissenschaft hat seit der Wende zum 21. Jahrhundert enorme Fortschritte und Errungenschaften in der Genetik verzeichnet. Wissenschaftler haben ganze Genome von über 2800 Organismen / Arten einschließlich des Menschen sequenziert und festgehalten, und die Zählungen sind noch im Gange.<sup>[1]</sup>



Die Makroevolution der Evolutionstheorie erzählt uns, dass sich Menschen, genau wie andere mehrzellige Lebensformen, aus primitiven, einzelligen Organismen aus dem Reich der Prokaryoten oder noch primitiver entwickelt haben.<sup>[2]</sup> Prokaryoten sind einzellige Organismen, die keinen wahren Zellkern besitzen, so dass ihr Genom nicht durch eine Membran von der restlichen Zelle abgetrennt ist. Sie sind die frühesten und primitivsten Lebensformen, die auf der Erde zu finden sind.<sup>[3]</sup> Besteht die Möglichkeit, dass diese Evolution von einer einfachen Zelle zu einem menschlichen Wesen in der Frühzeit des Universums stattgefunden hat?

Das menschliche Genom<sup>[4]</sup> enthält ungefähr 3 Milliarden chemische nukleotidische Basenpaare (A, C, T, und G).<sup>[5]</sup> Ungefähr 34 Millionen nukleotide Basenpaare des menschlichen Genoms verschlüsseln die Proteinproduktion, die für alle Prozesse des Lebens notwendig ist.<sup>[6]</sup> Diese 34 Millionen Nukleotide werden als Gene bezeichnet. Proteine sind aus Aminosäuren aufgebaut. Jede Aminosäure wird von einem Codon verschlüsselt und jeder Codon besteht aus drei Nukleotiden.

Du kannst dir Nukleotide wie Alphabete aus vier Buchstaben vorstellen und Codons als Worte aus drei Buchstaben.

Die Sequenz dieser Nukleotide innerhalb der Gene ist das, was die Eigenschaften und Funktionen eines Lebewesens und seiner Natur bestimmt; sei es ein Bakterium, eine Pflanze, ein Fisch oder ein Mensch. Die Sequenz der Kodierung sowohl in menschlichen Genen als auch in anderen Organismen ist so anspruchsvoll, präzise und gut organisiert, dass sie mit den Sequenzen des Alphabets in einem Gedicht von Shakespeare, eines Romans, einer Doktorarbeit oder einem Wörterbuch mit zwei Millionen Wörtern (zwei Bänden) vergleichbar ist.

Gemäß der Makroevolution sei diese präzise Sequenz, Kodierung aufgrund zufälliger Mutationen<sup>[7]</sup> und natürliche Selektion entstanden.

## Maximal mögliche Mutationen während des Zeitalters des Universums

Wir werden hier versuchen die maximale Anzahl von Mutationen herauszufinden, die während des Alters des Universum auf der Grundlage von Annahmen die die Evolution unterstützen, auftreten konnten.

Die höchste Zahl von Mutationen, die ein menschliches Genom während des Verlaufs der Evolution von einer einzelnen Zelle zum Menschen durchlaufen kann, ist drei Milliarden Mutationen pro Generation, denn dann ist die größte Größe des Genoms von Säugetieren erreicht. Dies ist eine extreme Annahme zugunsten der Evolution. In Wirklichkeit rangiert die Mutationsrate ungefähr zwischen 0.003 und 350 Mutationen pro Genom pro Generation.<sup>[8]</sup>

Die kürzeste Generationszeit, von der bis jetzt berichtet wurde, ist die Generation des *Pseudomonas natriegens*, eines Meeresbakteriums, mit einer Generationszeit von 9.8 Minuten.<sup>[9]</sup> Nichtsdestotrotz, wenn wir nochmals bis zum äußersten Ende zugunsten der Entwicklung der Evolution gehen, können wir annehmen, dass wir jede Sekunde eine neue Generation erhalten. Doch während des Alters des Universums<sup>[10]</sup>, das ungefähr 15 Milliarden Jahre beträgt,<sup>[11]</sup> beträgt die maximale Anzahl von Generationen, die erreicht werden kann:

Alter des Universums in Jahren × Tage pro Jahr × Sekunden pro Tag  
15 Milliarden × 365 × 86400  
das entspricht weniger als  $10^{18}$  Generationen (eine 1 mit 18 Nullen dahinter).

Das letzte Stück Information, das benötigt wird, um die maximale Zahl möglicher Mutationen zu berechnen, ist die Population dieser einzelligen Organismen. Hierfür werden wir eine sehr große Zahl annehmen, die keinen Raum für mehr lässt; die Zahl der Atome im sichtbaren Universum, das sind ungefähr  $10^{82}$ .<sup>[12]</sup>

Auf der Grundlage dieser Ergebnisse und großzügigen Annahmen beträgt die Höchstzahl von Mutationen, die im gesamten Universum während seiner gesamten Lebenszeit auftreten kann:

Mutationen pro Generation × Generationen während des Alters des Universums ×  
Population  
3 Milliarde ×  $10^{18}$  ×  $10^{82}$   
was weniger als  $10^{110}$  Mutationen (eine 1 mit 110 Nullen dahinter) sind.

## Zahl der zufälligen Mutationen, die für die Evolution zu einem Menschen erforderlich ist

Die Gene des menschlichen Genoms bestehen aus ungefähr 34 Millionen Nukleotiden.  
[\[13\]](#)

Das größte Genom in einfachen, einzelligen Organismen, Prokaryoten, enthält in etwa 13 Millionen Nukleotiden.[\[14\]](#)

Daher besteht zwischen prokaryotischen Organismen und Menschen ein Unterschied von mindestens 21 Millionen Nukleotiden. Und damit sich eine Einzelle zu einem Menschen entwickeln kann, muss der evolutionäre Prozess mindesten 21 Millionen Nukleotide mit der korrekten Nukleotidbase und in der korrekten Sequenz mutieren - was Einfügungen enthalten kann

In Genen wird jede Aminosäure - der Baustein von Proteinen, die lebensnotwendig für alle Lebensprozesse sind - von 3 Nukleotiden kodiert, die als Codon bezeichnet werden. 21 Millionen Nukleotiden bedeutet 7 Millionen Codons.

Zufällige Mutationen besitzen eine von drei Auswirkungen: neutral, zerstörend (schädlich) oder nützlich. Nur nützliche Mutationen können zum Evolutionsprozess beitragen.

In lebenden Organismen gibt es 20 verschiedene Aminosäuren und einen Stopp-Code,  
[\[15\]](#) also insgesamt 21.[\[16\]](#) Jede Mutation wird zu einer dieser 20 Aminosäuren oder zum Stopp-Code führen.[\[17\]](#)

Daher besitzt jede Mutation, die innerhalb der Gene stattfindet, in der Kodierungsregion des Genoms,[\[18\]](#) eine Chance von ungefähr  $1/21$  nicht die Aminosäure zu verändern (d.h. die Kodierung für dieselbe Aminosäure) und damit eine neutrale Mutation zu sein, und eine Chance von etwa  $20/21$  die Aminosäure zu verändern.[\[19\]](#) 70% dieser  $20/21$  Mutationen sind zerstörende (schädliche) Mutationen.[\[20\]](#) Trotzdem werden wir der Evolution zuliebe von der Annahme ausgehen, dass alle Mutationen, die Aminosäuren verändern, nützliche Mutationen darstellen. Daher besitzt jede Mutation eine Chance von  $20/21$  nützlich zu sein.[\[21\]](#)

Aus diesem Grund liegt die Wahrscheinlichkeit für 7 Millionen Codonen, zufällig mit nützlichen Mutationen zu mutieren, bei:

Chance auf nützliche Mutation *angesichts der Kraft* der Zahl der Codonen  
*20/21 angesichts der Kraft* von 7 Millionen

das entspricht **1 auf über  $10^{100,000}$**  (eine 1 mit 100,000 Nullen dahinter).[\[22\]](#)

Könnte die natürliche Auslese die Chance von Mutationen in unserem Szenario verbessert haben? Niemals, da das, was natürliche Auslese im Grunde tut, ist Abstammungslinien mit positiven und neutralen Mutationen zu erhalten und Abstammungslinien mit schädlichen Mutationen zu beseitigen. Natürliche Auslese bewahrt nützliche Mutationen nicht davor, wieder mutiert zu werden. Desweiteren haben wir in unserem Szenario bereits angenommen, dass alle Mutationen entweder neutral oder nützlich seien und die schädlichen Mutationen ausgeschlossen. Daher kann natürliche Auslese in diesem Szenario nichts verbessern.

## Schlußfolgerung

Aus diesem Grund benötigen wir mehr als  $10^{100,000}$  (eine 1 mit 100,000 Nullen dahinter) zufällige Mutationen, die auftreten, damit sich aus einem einzelligen Organismus ein Mensch entwickeln kann, jedoch können wir während des gesamten Alters des Universums nur weniger als  $10^{110}$  (eine 1 mit 110 Nullen dahinter) Mutationen erhalten, selbst wenn das gesamte Universum zur Bühne für diesen Evolutionsprozeß würde.

All' diese Berechnungen basieren auf den menschlichen Genen - diese stellen weniger als 2% der Genome dar - ohne den Bereich in Betracht zu ziehen, der ungefähr 98% der menschlichen Genome ausmacht. Das ENCODE Project Consortium war in der Lage, biochemische Funktionen von 80% des menschlichen Genoms zuzuordnen und fanden heraus, dass ungefähr 20% davon die Gene reguliert. Das Ergebnis des fünfjährigen ENCODE Projekts wurde 2012 in den Journalen Nature, Science, Genome Biology und Genome Research veröffentlicht.[\[23\]](#) Das ENCODE Konsortium aus 442 Forschern, die sich in 32 Instituten auf der ganzen Welt befinden, brauchte 300 Jahre Computerzeit und fünf Jahre im Labor, um ihre Ergebnisse zu erhalten.

Hoffentlich war diese Studie nützlich, um etwas Licht auf dieses Thema zu werfen.

[Kommentare, Gegenbeweise und Kritiken zu diesem Artikel sind willkommen, sie können sie dem Autor senden unter [comments@i-g.org](mailto:comments@i-g.org)].

---

Fußnoten:

[1] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/browse/>

[2] <http://jmicro.oxfordjournals.org/content/early/2012/09/28/jmicro.dfs062.full>  
[http://www.bbc.co.uk/nature/history\\_of\\_the\\_earth](http://www.bbc.co.uk/nature/history_of_the_earth)  
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK9841/>  
<http://www.sciencemag.org/content/323/5911/198.full?sid=d1229251-19db-4c22-ad69-f77105acb632>  
<http://www.nature.com/scitable/content/the-origin-of-mitochondria-and-chloroplasts-14747702>  
[http://evolution.berkeley.edu/evolibrary/article/\\_0/endosymbiosis\\_03](http://evolution.berkeley.edu/evolibrary/article/_0/endosymbiosis_03)

[3] <http://www.nature.com/scitable/definition/prokaryote-procariote-18>  
<http://www.nature.com/scitable/content/the-origin-of-mitochondria-and-chloroplasts-14747702>  
<http://biology.about.com/od/cellanatomy/ss/prokaryotes.htm>

[4] Ein Genom ist der vollständige Satz von DNA oder RNA eines Organismus, der alle seine Gene beinhaltet. Jedes Genom enthält alle vererbaren Informationen, die benötigt werden, um einen Organismus zu bilden und aufrechtzuerhalten.

[5] <http://www.genome.gov/18016863>

[6] <http://www.nature.com/nature/journal/v431/n7011/full/nature03001.html>

[7] Mutationstypen beinhalten: Substitution, Einfügen, Tilgung, Leserahmen ebenso wie andere Arten (<http://evolution.berkeley.edu/evosite/evo101/IIIC3aTypes.shtm>).

[8] <http://www.genetics.org/content/148/4/1667.full>  
<http://www.genetics.org/content/156/1/297.full>  
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2910838/> [Tabelle 1]  
<http://sandwalk.blogspot.com/2007/07/mutation-rates.html>

[9] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC279347/>

[10] Warum nicht nur während der Lebenszeit der Erde? Einfach um jegliche Annahmen zu eliminieren, dass irgendwelche Genomcodes von der Erde in den äußeren Weltraum gelangt sein könnten.

[11] <http://imagine.gsfc.nasa.gov/docs/features/exhibit/tenyear/age.html>

[12] <http://www.universetoday.com/36302/atoms-in-the-universe/>  
<http://plato.stanford.edu/entries/computability/>

[13] <http://www.nature.com/nature/journal/v431/n7011/full/nature03001.html>

[14] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3236041/>

[15] Es gibt 64 Codons. Im Durchschnitt kann jede Aminosäure und der Stopp-Code mit einem von drei Codons kodiert werden [siehe Fußnote # 17].

[16] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK21950/> [Abbildung 10-27]  
<http://www.nature.com/scitable/definition/genetic-code-13>  
<http://hyperphysics.phy-astr.gsu.edu/hbase/organic/gencode.html>

[17] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK22358/> [Tabelle 5.4]  
[http://en.wikipedia.org/wiki/DNA\\_codon\\_table](http://en.wikipedia.org/wiki/DNA_codon_table)  
<http://www.nature.com/scitable/topicpage/nucleic-acids-to-amino-acids-dna-specifies-935>

[18] Wenn Mutationen außerhalb der Gene stattfinden, dann ist das offensichtlich neutral für die Gene. Es ist bemerkenswert, dass bei den meisten mehrzelligen Organismen mit einer Genomgröße von über 100 Million Nucleotiden, die Gene lediglich weniger als die Hälfte der Genome verbrauchen (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18384817> und [http://www.tcm.phy.cam.ac.uk/~tmf20/PUBLICATIONS/jtb\\_07.pdf](http://www.tcm.phy.cam.ac.uk/~tmf20/PUBLICATIONS/jtb_07.pdf)).

[19] Präzise bedeutet das, dass die Chance eine Aminosäure zu verändern, zwischen  $20/21$  und  $20.318/21$  liegt, aber nicht höher. Es ist nicht exakt  $20/21$ , weil ein Codon nicht zu sich selbst mutiert. Die Obergrenze der Chance wurde durch folgende Gleichung erreicht:  $(63 - ((64/21) - 1)) / (64 - 1) = 20.318/21$ . In allen Fällen ist das Ergebnis für die Wahrscheinlichkeit, das in dieser Studie erreicht wurde dasselbe.

[20] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1871816/>

[21] Diese Chance von  $20/21$  darauf nützlich zu sein, kann auch auf den seltenen Fall vollständige Codons einzufügen oder auf Kodierung in großem Maßstab angewendet werden. Alle Studien haben bestätigt, dass nur ein kleiner Anteil von zufälligen Mutationen (in allen ihren Arten) nutzbringend sind, während die Mehrheit von ihnen entweder schädlich oder neutral sind. Dies ist offensichtlich, weil sie zufällig sind. Daher ist es eine sehr großzügige Annahme, eine Chance von  $20/21$  dafür, nützlich zu sein, einzuräumen. (<http://www.nature.com/scitable/topicpage/genetic-mutation-441>, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1871816/>, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1617134/>, <http://global.britannica.com/EBchecked/topic/399695/mutation>, <http://www.nature.com/hdy/journal/v84/n4/abs/6887250a.html>, <http://www.genetics.org/content/148/4/1667.full.pdf>, und <http://www.sciencemag.org/site/feature/data/pharmacia/1999/Cascalho.xhtml>).

[22] Um große Ziffern zu berechnen, könntest du einen besonderen Rechner benötigen, wie diesen: [http://www.ttmath.org/online\\_calculator](http://www.ttmath.org/online_calculator).

[23] <http://www.nature.com/nature/journal/v489/n7414/full/nature11247.html>  
<http://www.guardian.co.uk/science/2012/sep/05/genes-genome-junk-dna-encode>  
<http://www.sciencemag.org/content/337/6099/1159.summary>

Die Web Adresse dieses Artikels:

<https://www.islamreligion.com/de/articles/10330/die-wahrscheinlichkeit-der-makroevolution>