

Zurück zur Internet Library

**Wolf-Ekkehard Lönning**

29. November 2013

# **Diskussion zur Arbeit über den Haushund und Kommentare von 7 Naturwissenschaftlern**

**(Sowie "humans only 70% similar to chimps")**

(Vor-)Name des Diskussionspartners durch X. ersetzt. Arbeit Haushund: <http://www.weloennig.de/Hunderassen.Bilder.Word97.pdf>

Hallo X.:

Wie am 6. 11. 2013 versprochen, komme ich jetzt [28. 11. 2013] auf deine Punkte zur Evolution von Hund und Mensch zu sprechen (W.-E.: „Noch einmal besten Dank für deine Einwände und Überlegungen. Ich komme wahrscheinlich am Monatsende darauf zurück.“)

Du schreibst:

Hallo Wolf-Ekkhard:

Hier ein Zitat von Seite 1:

"Die Entstehung der Hunderassen beweist die Makroevolution. Oder: Die Entstehung der Hunderassen ist ein Sonderfall der Mikroevolution durch Funktionsverluste und hat mit den Kernfragen der Makroevolution absolut nichts zu tun. Aufbau komplexer neuer Information geht nur durch intelligentes Design."

Wenn ich das also recht verstehe, zeigst Du durch Deine Arbeit, dass bei der Entstehung des Hundes aus dem Wolf keinerlei intelligentes Design stattgefunden hat. Das Genom des Hundes zeigt die typischen Kennzeichen einer Population, die durch viele Nadelöhre gegangen ist, und damit viel Variation durch genetische Drift verloren hat. Dies ist zu erwarten.

Die Änderungen in der Anatomie und dem Verhalten des Hundes gegenüber dem Wolfe sind also auf leichte Veränderungen in den Genen zurückzuführen (ich verwende jetzt hier bewusst nicht dem Begriff Degeneration oder Verlustmutanten). Es sind keine wesentlich neuen Gene entstanden und dazugekommen.

Es zeigt sich also, dass selbst sehr umfangreiche anatomische Umbauten durch geringfügige Veränderungen der Gene zustande kommen können. Genau dies wird bei der normalen Artentstehung angenommen. Auch die Unterschiede zwischen Mensch und Menschenaffen sind so geringfügig, dass keinerlei intelligentes Design angenommen werden muss. Die entsprechenden vollständigen Genome liegen vor und zeigen nur eine Handvoll unscheinbare Gene, die beim Menschen neu dazugekommen sind, die gut und gerne von allein entstanden sein können.

Schlussfolgerung: Was für den Hund stimmt, sollte auch für den Menschen stimmen. Zum Glück ist bei der Mehrzahl der Menschen das Ausmaß der genetischen Drift weniger schlimm. Auch beim Hund ließe sich durch mehr Auskreuzung die genetische Gesundheit verbessern. Allerdings steht das im Widerspruch zu den Richtlinien des Verbandes für das Deutsche Hundewesen (VDH), nach denen sich zu richten allen Hundezüchtern geboten wird, damit sie offizielle Anerkennung finden. Hier wird die genetische Vielfalt durch sinnlose "Rein"-zucht verhindert.

Viele Grüße,

X.

Im Folgenden eine Punkt-für-Punkt-Diskussion deiner Ausführungen nach dem Zitat aus der 'Hundearbeit', Seite 1:

- (1) X. : „Wenn ich das also recht verstehe, zeigst Du durch Deine Arbeit, dass bei der Entstehung des Hundes aus dem Wolf keinerlei intelligentes Design stattgefunden hat.“

(a) Zur Selektionsebene (Genomebene siehe unten) möchte ich mit einem Kommentar von Matti Leisola (Professor of Bioprocess Engineering, Aalto University, Finland (emeritus), Editor-in-chief, Bio-Complexity) zur vorliegenden „Hundearbeit“<sup>1</sup> antworten: “Dog varieties have been considered as a model example of evolutionary selection power. After reading the colossal and detailed study by Dr Lönning there remains no uncertainty: Dogs are not an example of macroevolutionary change but **a result of intelligently designed variation experiment** by humans leading to genetic degeneration.“

Auf der Seite 96 der 'Hundearbeit' habe ich Alfred Russel Wallace aus dem berühmten *Ternate Essay* von 1848 an Darwin<sup>2</sup> zitiert: "Our quickly fattening pigs, short-legged sheep, pouter pigeons, and **poodle dogs** could never have come into existence in a state of nature, **because the very first step towards such inferior forms would have led to the rapid extinction of the race**; still less could they now exist in competition with their wild allies."

Und dieser Punkt wird in der 'Hundearbeit' zur Frage "artifizielle vs. natürliche Selektion" an verschiedenen Stellen aufgegriffen und die Unterschiede im Detail weiter begründet (vgl. pp. 4, 8, 46, 47, 50, 57, 66, 67, 72, 76, 96, 106, 110, 118, 119, 137, 154, 155, 181, 187, 193, 216, 247, 381).

Die gesamte Haustierzucht ist überhaupt nur durch *intelligente Selektion* möglich. Man könnte zur Selektionsebene entsprechend deinen Satz wie folgt umformulieren:

- (1) Vorschlag von W.-E. L.: „Wenn ich das also recht verstehe, zeigst Du durch Deine Arbeit, dass bei der Entstehung des Hundes aus dem Wolf **ausschließlich durch intelligentes Design** stattgefunden hat.“

Weiter in deinem Text (Genomebene):

- (2) X.: „Das Genom des Hundes zeigt die typischen Kennzeichen einer Population, die durch viele Nadelöhre gegangen ist, und damit viel Variation durch genetische Drift verloren hat. Dies ist zu erwarten.“

Prinzipiell erst einmal zutreffend. Auf der anderen Seite gibt es die erstaunliche Variabilität bei den „Copy Number Variants/Variations (CNVs) und Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs)“ auch beim Hund (Details siehe die 'Hundearbeit' pp. 150-215).

- (3) X.: Die Änderungen in der Anatomie und dem Verhalten des Hundes gegenüber dem Wolfe sind also auf leichte Veränderungen in den Genen zurückzuführen (ich verwende jetzt hier bewusst nicht dem Begriff Degeneration oder Verlustmutanten). Es sind keine wesentlich neuen Gene entstanden und dazugekommen.“

Auch zutreffend – nur dass du dabei „bewusst“ die Begriffe „Degeneration oder Verlustmutanten“ ausklammerst, erstaunt mich doch etwas. Könnte diese Vorgehensweise eventuell aus dem Ziel einer evolutionstheoretischen Erklärung der Entstehung aller Lebensformen gemäß deinem naturalistischen Gesamtweltbild resultieren?

---

<sup>1</sup> Siehe die „Kommentare von sieben Naturwissenschaftlern“ unten.

<sup>2</sup> Jenem Essay, das die Evolutionslawine seinerzeit ausgelöst hat.

Jedenfalls richtig: Es sind „keine wesentlich neuen Gene entstanden und dazugekommen.“  
Weiter dein Text:

- (4) X.: „Es zeigt sich also, dass selbst sehr umfangreiche anatomische Umbauten durch geringfügige Veränderungen der Gene zustande kommen können.“

Auch richtig. Aber genau an dieser Stelle kommen nun die Punkte „Degeneration oder Verlustmutanten“ zum Tragen. Auf den Seiten 62 und 63 der Arbeit habe ich die evolutionstheoretisch orientierten<sup>3</sup> Haustierforscher Herre und Röhrs zitiert und jetzt in der folgenden Wiederholung bestimmte Begriffe – für unsere Diskussion Schlüsselbegriffe und Schlüsselgedanken – wie folgt (kursiv etc.) hervorgehoben:

Die Haustierforscher Herre und Röhrs beschreiben die Unterschiede zwischen Wild- und Haustierformen wie folgt (1971, p.31):

„Wohl alle Organe können bei Haustieren im Vergleich zu den Wildtieren einen Wandel erfahren, ihr Zusammenwirken kann beeinflusst sein und ihre Umweltabhängigkeit, z. B. von circadianer Rhythmik oder jahreszeitlichem Wandel, kann sich ändern.“

In allen Einzelheiten begründen die Autoren in zahlreichen Arbeiten, dass ‚kein Organ, kein Körperteil der Wildtierart in der Domestikation unverändert bleibt‘ und dass sich ‚die Wandlungen bis in den Feinbau erstrecken‘, wozu noch eine ‚bemerkenswerte Variabilität in den Chromosomenzahlen‘ kommen kann (pp. 64 und 122). Bei der Frage nach der Artbildung im Zusammenhang mit den morphologischen Unterschieden kommen die Autoren in derselben oben zitierten Arbeit zu folgendem Schluss (p.149):

„Die Veränderungen der Haustiere gegenüber den Wildarten belegen den weiten Umfang der **innerartlichen Ausformungsmöglichkeiten** von Einzelmerkmalen. Dies ist ein Sachverhalt, der Systematiker ganz allgemein bei der Aufstellung neuer Arten nachdenklich und zurückhaltend stimmen sollte. Alle Individuen einer Haustierart, auch solche mit stark abgewandelten Merkmalen, zeigen unter sich und auch mit der Wildart **sexuelle Affinität und erzeugen miteinander fruchtbare Nachkommen**. Damit bilden sie eine freiwillige Fortpflanzungsgemeinschaft, gehören **zur gleichen Art**. Im Hausstand vollzieht sich nur ein **innerartlicher Merkmalswandel und keine Artbildung**. In diesem Sinne ist das Experiment Domestikation **kein Modell für die transspezifische Evolution**. Die Domestikation führte **nicht zur Bildung neuer biologischer Arten**.“ [...]

Auf der Seite 150 folgt noch einmal eine Mahnung an die Systematiker:

„Die Haustierkunde mahnt bei der Entwicklung der natürlichen Systematik auf der Grundlage von Struktureigenarten sehr kritisch zu verfahren, damit nicht abwegige Vorstellungen für Theorien über den Ablauf der Stammesgeschichte erwachsen, weil **falsche Artabgrenzungen** als Grundlage vorgelegt wurden.“

Zehn Jahre später hat Herre diese Punkte von neuem unterstrichen (1981, p. 457):

„Werden Haustiere betrachtet, so zeigt sich eine sehr viel größere Formenfülle **innerhalb gleicher Art**, als sie von Wildformen bekannt ist. Die Mannigfaltigkeit ist verwirrend, und die Unähnlichkeiten innerhalb der gleichen Art werden so groß, **daß jene Maßstäbe, welche zur Unterscheidung wildlebender Tierarten angelegt werden, ihre Gültigkeit verlieren**.“

(p. 462:) „Durch Haustiere wird besonders anschaulich, **dass morphologischer, physiologischer oder ökologischer Wandel nicht mit Artbildung verknüpft sein muss**.“

---

<sup>3</sup> Sie haben u. a. umfangreiche Beiträge in G. Heberers *Evolution der Organismen* publiziert.

Und zur Ergänzung und Erklärung dieser Phänomene der Schlüsselgedanke aus der Hundearbeit, Seite 10: „*Es ist fast durchweg der **Abbau bestehender genetischer und anatomischer Strukturen und Funktionen (bzw. die Unterbrechung/Störung/Beeinträchtigung normaler Entwicklungsabläufe)** und dazu ein Rest von Umbau, aber keineswegs der Aufbau völlig neuer Information und völlig neuer Strukturen.“*

Weiter in deinem Text:

(5) X.: „Genau dies wird bei der normalen Artentstehung angenommen.“

Für die Bildung *sekundärer* Arten kann das zutreffen („falsche Artabgrenzungen“), nicht aber auf die Entstehung *primärer* Arten (vgl. Artbegriff: <http://www.weloennig.de/Artbegriff.html>; 622 pp.) und generell nicht für die Bildung höherer systematischer Kategorien wie Familien, Ordnungen und Klassen, von der Entstehung der Baupläne z. B. im Kambrium ganz zu schweigen. Bei der Entstehung *primärer* Arten und Baupläne geht es um den Aufbau „völlig neuer Information und völlig neuer Strukturen“: Intelligentes Design.

Du fährst wie folgt fort:

(6) X.: „Auch die Unterschiede zwischen Mensch und Menschenaffen sind so geringfügig, dass keinerlei intelligentes Design angenommen werden muss.“

W.-E.L. (1997/2002: vgl. <http://www.weloennig.de/mendel22.htm>) zu den anatomischen Unterschieden zwischen Mensch und Schimpanse:

„Nach Grzimeks Tierleben (1979) kam der Evolutionstheoretiker/Anthropologe Arthur Keith zu dem Ergebnis, daß von 1065 Einzelmerkmalen Mensch und Schimpanse nur 369 Merkmale gemeinsam haben (und sich logischerweise somit auch in **696 Merkmalen vom Schimpansen unterscheiden**).“

Oder Detailfragen z. B. Holowka and O’Neill (2013: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24117363>)

“The muscular and skeletal morphology of the chimpanzee ankle and foot differs from that of humans **in many important respects.**”

Und auf der genetischen Ebene nach dem damaligen Kenntnisstand von 1,6 % Unterschieden:

„Nehmen wir die letzten und bislang "besten" Zahlen und rechnen hoch. Im haploiden Chromosomensatz hat der Mensch etwa [3,16] Milliarden Basenpaare. Bei 1,6 Prozent Abstand finden wir zwischen Mensch und Schimpanse nach derzeitigem Kenntnisstand (und wie erwähnt dürften sich die Zahlen der Unterschiede sehr wahrscheinlich weiter vergrößern) absolut:

## **50 560 000 Unterschiede!**

In jeder einzelnen Zelle also [mehr als 50] Millionen einzelne Unterschiede zwischen Mensch und Schimpanse! Lassen Sie uns bitte bei der Betrachtung des nächsten Schimpansen einmal an diese meines Erachtens doch recht beeindruckende Zahl denken : 50 560 000 Unterschiede. Nach J. und M. Gribbins Umrechnung in Seitenzahlen heißt das - wenn man alle Unterschiede aneinanderreicht - zusammengefaßt (diploid): [56 627,2] [Sechshundfünfzigtausendsechshundert siebenundzwanzig] Seiten und haploid [28 313,6] Seiten [Achtundzwanzigtausenddreihundertdreizehn] Seiten von oben bis unten nichts als unsere Unterschiede zum Schimpansen - immerhin etwa [12 bis 13] Bände der [Brockhaus Enzyklopädie] allein für die Aufzählung der Unterschiede zwischen Mensch und Schimpanse. [3 Seiten Griffintext ergeben quantitativ etwa 1 Seite Brockhaus.]“

Inzwischen ist Einiges passiert (2004):

International Chimpanzee Chromosome 22 Consortium (2004): DNA sequence and comparative analysis of chimpanzee chromosome 22. Nature 429:382-338. (Ein Ergebnis: "**...83% of chimpanzee chromosome 22 proteins are different from their human counterparts**" - The Scientist 27. Mai 2004 [20,3% signifikant unterschiedlich].)

Oder 2005: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15716009>: *Eighty percent of proteins are different between humans and chimpanzees*. *Gene*. 2005 Feb 14;346:215-9.

“...if one looks at proteins, which are mainly responsible for phenotypic differences, the picture is quite different, and **about 80% of proteins are different between the two species**. Still, the number of proteins responsible for the phenotypic differences may be smaller since not all genes are directly responsible for phenotypic characters.”

Und aus einem Kommentar von 2007:

Jon Cohen, News Focus on Evolutionary Biology, “Relative Differences: **The Myth of 1%**,” *Science*, 29 June 2007: Vol. 316. no. 5833, p. 1836, DOI: 10.1126/science.316.5833.1836. This is a very disturbing article. We have basically caught the Darwinists in a bold lie that has hoodwinked the world for over 30 years. Gagneux says, “**For many, many years, the 1% difference served us well**” – stop right there! Who is “us”? .....“Us” refers to the members of the Darwin Party.... They had a strategy to portray humans and chimpanzees as similar as possible, in order to make their myth of common descent seem more plausible." (J. Coppedge)

Siehe auch [http://www.evolutionnews.org/2007/10/humanchimp\\_evolution\\_dialogue004395.html](http://www.evolutionnews.org/2007/10/humanchimp_evolution_dialogue004395.html)

Kommentar von 2008: [http://www.evolutionnews.org/2008/01/darwins\\_failed\\_predictions\\_sli\\_9004655.html](http://www.evolutionnews.org/2008/01/darwins_failed_predictions_sli_9004655.html)

Ebenfalls 2008: [http://www.ideacenter.org/stuff/contentmgr/files/640ee5bfb01620f5eacd6675a51bc119/miscdocs/id101\\_franciscollinsrebuttal.pdf](http://www.ideacenter.org/stuff/contentmgr/files/640ee5bfb01620f5eacd6675a51bc119/miscdocs/id101_franciscollinsrebuttal.pdf)

Und 2011: [http://www.evolutionnews.org/2011/06/following\\_the\\_evidence\\_where\\_i047161.html](http://www.evolutionnews.org/2011/06/following_the_evidence_where_i047161.html)

27. Juli 2013: *With no dictionary tricks, humans only 70% similar to chimps*. Siehe Diskussion unter <http://www.uncommondescent.com/human-evolution/with-no-dictionary-tricks-humans-only-70-similar-to-chimps/>

Und noch einmal 2013 detailliert: J. P. Tompkins (2013): Comprehensive Analysis of Chimpanzee and Human Chromosomes Reveals *Average DNA Similarity of 70%: Abstract*

Since the original 2005 report for the chimpanzee (chimp) genome assembly (5X rough draft), an additional one-fold redundant coverage has been added. Using the new 6X chimpanzee assembly, a sequential comparison to the human genome was performed on an individual chromosome basis. The chimpanzee chromosomes, were sliced into new individual query files of varying string lengths and then queried against their human chromosome homolog using the BLASTN algorithm. Using this approach, queries could be optimized for each chromosome irrespective of gene/feature linear order. Non-DNA letters (gap-filling ‘N’s) were stripped from the query data and excluded from the analyses. The definition of similarity for each chromosome was the amount (percent) of optimally aligned chimp DNA. This definition was considered to be conservative because it did not include the amount of human DNA absent in chimp nor did it include chimp DNA that was not aligned to the human genome assembly (unanchored sequence contigs).

For the chimp autosomes, the amount of optimally aligned DNA sequence provided similarities between 66 and 76%, depending on the chromosome. In general, the smaller and more gene-dense the chromosomes, the higher the DNA similarity—although there were several notable exceptions defying this trend. Only 69% of the chimpanzee X chromosome was similar to human and only 43% of the Y chromosome. Genome-wide, only 70% of the chimpanzee DNA was similar to human under the most optimal sequence-slice conditions. While, chimpanzees and humans share many localized protein-coding regions of high similarity, the overall extreme discontinuity between the two genomes defies evolutionary timescales and dogmatic presuppositions about a common ancestor.

**Keywords:** comparative genomics, human-chimp DNA similarity, human genome, chimpanzee genome, DNA sequencing, genome sequencing

**Table 1.** Individual chromosome similarities for chimpanzee compared to human using optimized sequence slices and the BLASTN algorithm.

Chromosomes compared	Optimized slice size producing top similarity (number bases)	Percent chimp sequence aligned to human
1	350	70.9
2A, 2B vs 2 (human)	300	69.0
3	300	68.9
4	300	66.1
5	300	68.2
6	300	69.2
7	350	67.3
8	300	68.4
9	350	70.1
10	300	71.0
11	300	70.8
12	300	70.1
13	300	70.8
14	300	71.6
15	350	72.0
16	450	73.3
17	500	76.1
18	250	72.5
19	500	72.0
20	400	75.2
21	500	76.2
22	450	77.9
X	300	69.4
Y	400	43.2

Siehe [http://legacy-cdn-assets.answersingenesis.org/contents/379/arj/v6/chimpanzee\\_human\\_chromosomes.pdf](http://legacy-cdn-assets.answersingenesis.org/contents/379/arj/v6/chimpanzee_human_chromosomes.pdf)

Nun sagt die relative Ähnlichkeit noch nichts über die Zahl der völlig neuen Gensequenzen aus.

Das ganze Kapitel der *orphan genes* dürfte in diesem Zusammenhang jedoch sehr wegweisend und aufschlussreich sein: Siehe zum Beispiel <http://www.icr.org/article/7684/>

"Comparative genome analyses indicate that every taxonomic group so far studied contains **10–20% of genes that lack recognizable homologs** [similar counterparts] in other species." (Khalturin, K., et al. 2009).

Oder Wissler et al., (Uni Münster) (2013): <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23348040>

"Orphan genes are defined as genes that lack detectable similarity to genes in other species and therefore no clear signals of common descent (i.e., homology) can be inferred. Orphans are an enigmatic portion of the genome because their origin and function are mostly unknown and **they typically make up 10% to 30% of all genes in a genome.**"

Siehe weiter Neme und Tautz (2013): <http://genomebiology.com/1471-2164/14/117/>

"For some time it seemed that this class of genes would become smaller once the comparative databases would become larger and search algorithms would become more sensitive (Chothia, 1992; Fischer and Eisenberg, 1999). However, this expectation was not fulfilled. While the number of known gene

families that were shared across large phylogenetic distances became saturated, **the number of orphan genes kept growing** (Wilson et al., 2005; Orengo and Thornton, 2005).<sup>4</sup>

Wenn auch nur die oben genannten 10% zutreffen würden, dann hieße das, dass immerhin um die 2.000 bis 3.000 Gene beim Menschen keine homologen Sequenzen zu den Menschenaffen aufweisen würden und „völlig neu“ wären. Die *non-coding (regulatory) sequences* wären dabei wohl noch ein gesondertes Kapitel.

Ann Gauger (2013) has made the following differentiated comment on orphan genes: [http://www.evolutionnews.org/2013/07/orphan\\_genes\\_a074971.html](http://www.evolutionnews.org/2013/07/orphan_genes_a074971.html)

Siehe auch YouTube (2013): [http://www.youtube.com/watch?v=1Zz6vio\\_LhY](http://www.youtube.com/watch?v=1Zz6vio_LhY) und/oder

Paul Nelson (2013): <http://www.uncommondescent.com/evolution/icc-2013-paul-nelsons-keynote-address/>

Und noch einmal Nelson (2010): <http://vimeo.com/17132544> sowie

Cornelius Hunter (2012): <http://darwins-god.blogspot.de/2012/12/did-proteins-evolve-from-long-non.html>

Korrekturvorschlag zu Punkt 6):

- (6) W.-E. L.: „Auch die Unterschiede zwischen Mensch und Menschenaffen sind so gewaltig, dass mit völliger Sicherheit intelligentes Design angenommen werden muss.“

Du schließt nun deine Ausführungen wie folgt ab:

- (7) X.: „Die entsprechenden vollständigen Genome liegen vor und zeigen nur eine Handvoll unscheinbare Gene, die beim Menschen neu dazugekommen sind, die gut und gerne von allein entstanden sein können.“

Was ist eigentlich biologisch-genetisch ein „unscheinbares Gen“? Und überhaupt: was ist eine Handvoll Gene? Gemessen an dem fantastisch geringen Raum, den die DNA einnimmt, sind das sehr, sehr viele (wörtlich genommen). Du meinst selbstverständlich nur wenige (im übertragenen Sinne). Aber das dürfte unzutreffend sein. Deine Aussage „eine Handvoll unscheinbare Gene“ sollte jedenfalls dringend präzisiert werden.

Nach meinem Verständnis sprechen die Daten deutlich für intelligentes Design. Siehe auch die ‘Hundearbeit’ pp. 72, 89, 133, 172-174, 187, 190, 193, 202, 206, 207, 221, 223, 227, 240, 242, 246, 294, 299, 301, 312, 313, 315, 336, 338, 339, 345, 370-372, 393, 390-395.

---

<sup>4</sup> Die folgende Behauptung der Autoren zu den *orphan genes* ist *pure wishful thinking*: “Their existence suggests that functional ribonucleic acids (RNAs) and proteins can relatively easily arise out of random nucleotide sequences, although these processes still need to be experimentally.” Siehe dagegen die Serie der meist unabhängig voneinander durchgeführten Wahrscheinlichkeitsberechnungen der in der ‘Hundearbeit’ aufgeführten Autoren pp. 11 und 65 Fußnoten: <http://www.weloennig.de/NeoD.html>, <http://www.weloennig.de/AulWa.html>, <http://www.intelligentdesigner.de/>, insbesondere <http://www.intelligentdesigner.de/Wahrscheinlichkeit2.html>, und weiter <http://www.math.utep.edu/Faculty/sewell/articles/mathint.html>, [http://www.math.utep.edu/Faculty/sewell/AML\\_3497.pdf](http://www.math.utep.edu/Faculty/sewell/AML_3497.pdf) sowie die älteren Arbeiten von Erbrich (1988) und Spetner (1997) . Eine Gesetzlichkeit zu dieser Frage unter [http://www.weloennig.de/ShortVersionofMutationsLawof\\_2006.pdf](http://www.weloennig.de/ShortVersionofMutationsLawof_2006.pdf). Sie auch die Arbeiten von Gauger et al. (2010) und Gauger und Axe (2011), sowie Ewert et al. 2012 (<http://bio-complexity.org/ojs/index.php/main/article/view/BIO-C.2012.1/BIO-C.2012.1>). Siehe weiter die 4 wissenschaftlichen Arbeiten unter <http://bio-complexity.org/ojs/index.php/main/issue/view/24>

## **Kommentare von sieben Naturwissenschaftlern zu „Unser Haushund – eine Spitzmaus im Wolfspelz?“**

- “Wer kennt sie nicht, die unabsehbare Formenfülle unserer Hunde: Rassen und Promenadenmischungen und so viele Merkmale, wie lange Beine, kurze Beine, Fellfarben von Schwarz über Braun bis Weiß in allen Schattierungen, kurze Haare, lange Haare, glatt oder gelockt und sogar ohne Haare, braune Augen, blaue Augen, rote Augen, Hunderiesen, Hundezwerge, Hütehunde, Polizeihunde, Blindenhunde, Spürhunde, Schoßhunde, Kampfhunde und noch vieles andere mehr.

Woher kommt der Wolf, der Stammvater des Hundes? Und woher kommen eigentlich die Säugetiere?

Wie kam es zur Vielfalt der Säuger? War es vielleicht die sog. Evolution, also der blinde Zufall? War es beim Hund allein die Hundezüchtung? Woher kommen die Gene für diese vielen Arten und auch für die vielen Merkmale des Hundes? Gibt es diese Gene überhaupt? Auf diese und viele andere Fragen gibt das Buch Antwort.

Sehr bemerkenswert ist, dass dieses Buch die Behauptung der Evolutionsbiologie, der Hund sei ein Evolutionsprodukt aus dem Wolf mit neuen Genen und höherer Komplexität, mit großer Akribie wissenschaftlich widerlegt. Anhand der Forschungsergebnisse vieler Fachwissenschaftler weist Lönnig nach, dass die große Vielfalt unserer Hunde im Wesentlichen durch Abbau und Verlust von Genen des Wolfsgenom entstanden ist. Es sind keine neuen Gene nachweisbar, und die Komplexität des Wolfsgenoms ist auch nicht im Hund gewachsen, sondern hat sich verringert. Gerade durch diese Einengung des Wolfsgenoms konnte das Haustier Hund entstehen, und durch Gen- und Funktionsverluste konnte die große Vielfalt in Anatomie, Morphologie und Verhalten des Haushundes sich entfalten. Das weist Lönnig an einer Fülle von Hundemerkmalen nach. Gleichfalls konnte er nachweisen, dass für die Ausprägung neuer Merkmale beim Hund die postulierte Wirkungsweise einer Makroevolution in keinem Falle als Ursache in Frage kam.

In diesem Buch kommen wohl alle Aspekte zum Hund vor, auch ausführlich Genetik und Molekularbiologie zum Hund, sodass neben der dominierende Frage zur Entstehung des Hundes auch eine Fülle von wichtigen und wissenswerten Einzelheiten angeboten werden.

Lönnig geht bei der Erklärung der Entwicklung zum Hund vielfach auf den Vergleich Evolution – Intelligent Design ein und weist nach, dass die ID–Betrachtung viele Probleme lösen kann, vor denen die Evolution kapitulieren muss.

Eine sehr reiche Bebilderung mit Hunderassen und Hundemerkmalen unterstützt sehr gelungen die vielfältigen Aspekte des Haushundes.

Die vielen Informationen und Fakten auf fundierter wissenschaftlicher Basis und die Entstehung des Hundes auf der Basis von nicht makroevolutionären Prozessen führen zu einem vertieften Hundebild – ein lesenswertes Buch.“

**Dr. Werner Gieffers, Biologe, Senior Scientist und Gruppenleiter am Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung in Köln von 1991 bis 2005 (retired), Wissenschaftler dort ab 1984.**

- "Dr. Loennig shows forcefully that one of the chief examples Darwinists rely on to convince the public of macroevolution - the enormous variation in dogs - actually shows the opposite. Extremes in size and anatomy are purchased at the cost of broken genes and poor health. Even several gene duplications were found to interfere strongly with normal growth and development as is also often the case in humans. So where now is the evidence for Darwinian evolution of organisms?"

**Dr. Michael. J. Behe, Professor of Biological Sciences at Lehigh University, USA.**

- "Evolutionary, developmental biology views evolution as the result of changes in development and is considered as a potential bridge between micro- and macro scales of evolution. In this book, Dr. Lönnig discusses in depth **the** current literature on the developmental genetics (mutations in genes controlling developmental processes) of dogs and found no arguments for macroevolution. Furthermore, with many cogent arguments and facts he is standing up for intelligent design as an adequate explanation for the specified complexity of placental/marsupial wolves. I would also recommend this book to readers interested in the origin and characteristics of dog breeds."

**Dr. Joseph Merregaert, Professor of Molecular Biology, University of Antwerp, Belgium** (emeritus). Interestingly, Prof. Merregaert has been working for some time on the development of markers for the osteo-chondrogenic lineage.

- "The wide variety of domestic dog breeds is often cited as an example of macroevolution through selection. Dr. W.-E. Loennig, however, with the attention to detail and carefully documented arguments characteristic of his works, shows that, instead, the development of dog breeds is "almost entirely the result of deterioration of existing genetic and anatomical structures and functions or interruption/disturbance/reduction of normal developmental paths, but never through the appearance of truly new information or new structures" (p. 10). Michael Behe argues in *The Edge of Evolution*, in 2007, as did Loennig already in his 1971 Master of Science Thesis and in his 1986 book "Species Concepts" (Artbegriff), that wherever microevolution is observed in Nature, it is due primarily to loss-of-function mutations. Here Loennig shows that the same pattern holds for the development of dog breeds as well. Can we really prove macroevolution by disturbance or losses of function, either on the genetic or anatomical levels?"

**Dr. Granville Sewell, Professor of Mathematics, University of Texas El Paso, USA.**

- "The book of Dr. Loennig calls attention to the evolutionist dogma that the small, horizontal microevolutionary and degenerative changes, which are observed during selective dog breeding, lead to large, vertical macroevolutionary changes (which are never observed). This never directly proved assumption of macroevolution is a faith that lies at the background of evolutionary thinking. The present book demonstrates that the spontaneous development of entirely new higher systematic categories (as new genera, families and orders) exploring random beneficial mutations and external factors (natural selection) are never observed and is unacceptable as a source of complex new life forms in view of the principles of modern genetics. This applies to dogs and their numerous breeds as well. Wolf-Ekkehard Lönnig carefully investigates and painstakingly documents the vast amount of genetic data obtained up to now on the origin of the domestic dog and its relevance for its enormous variation.

These data - mostly losses of function mutations, but also some gene duplications disturbing or interrupting healthy development - clearly show that all the evolutionary hype on dog variation as "substrate" for macroevolution believed in by many evolutionary biologists is totally out of place. It demonstrates that many of them need an improved understanding of the topic, especially cell physiology and genetics. Interestingly, the prominent evolutionist Richard Dawkins disqualifies critics of macroevolution as being "ignorant", "stupid" and possibly "wicked" and later also "insane": "...tormented, bullied, or brainwashed" (see p. 51).

Quite accidentally, the small book by the distinguished professor of physiology and genetics Dr. J. A. Mejsnar "*The Myth of Evolution*" (in Czech) appeared recently, arguing also against this central dogma of macroevolution from the point of protein biophysics, genetic principles and thermodynamics. He is in accord with Dr. Loennig and the present book that the genetic as well as paleontological findings distinctly point to an intelligent origin of the higher systematic categories including the dog family. Of course, we do not know, how a potential designer formed the cosmic laws and constants and promoted the origin of life and development simply because we haven't yet any physical instrument to measure such influence, say from another or more universe(s) we can call

heavens. But we may see the results and reach the truth about the origin of our universe and life similarly to a forensic investigator unveiling the questions who and when a “crime“ was committed, which is, of course, positive in this particular case (see also *A Positive, Testable Case for Intelligent Design*, pp. 174 and 313).

Although it will not always be easy to study the scientific treatise on hand by a prominent scientist dedicated to a true understanding of the origin of domestic dogs and its relevance for evolution and design, I am sure that you will gain a new idea when you attentively read the book, how dogs became our loyal helpers and companions, not by blind chance, but humans and dogs are, in fact, "made for each other" (see p. 129) due to the dog's exceptional innate genetic potential and individually acquired epigenetic properties.“

**Dr. František Vyskočil, DrSc., Professor of Physiology and Neurobiology**, Member of the Learned Society CZ, Member of the Physiological Society London, Cambridge Institute of Physiology, AVČR Faculty of Natural Sciences, **Charles University, Prague, Czech Republic.**

- “Dog varieties have been considered as a model example of evolutionary selection power. After reading the colossal and detailed study by Dr Lönnig there remains no uncertainty: Dogs are not an example of macroevolutionary change but a result of intelligently designed variation experiment by humans leading to genetic degeneration.“

**Dr. Matti Leisola, Professor of Bioprocess Engineering, Aalto University, Finland** (emeritus), Editor-in-chief, Bio-Complexity

- “This book is a very scholarly critical review of the genetic evidence regarding the relevance of the enormous amount of phenotypic variation in different dog breeds for the question of macroevolution. This book shows that the claim by Dawkins and other evolutionary biologists that the derivation of the various dog breeds from the wolf is a 'proof of macroevolution' is scientific nonsense. I - as a medical geneticist - must confess that I find it incredible that anyone would appeal to changes which - as pointed out in the book - are almost all 'degenerate,' caused by loss of function recessive mutations as well as some gene duplications (both of which cause disease and major abnormalities in man as well as dogs) as examples of mutations which might change 'a fish into a man.' I find the claim beyond the ridiculous as this detailed scientific treatise makes clear. If this is the best 'evidence' for macroevolution that Dawkins can appeal to then the battle is lost. Moreover there is a developing consensus even within the mainstream evolutionary community that macroevolution did not come about as a result of a summation of microevolutionary changes. While the causation of higher level order in biology remains inexplicable in Darwinian terms it is time to reconsider seriously the possibility of design.”

**Dr. med. Dr. rer. nat. Michael Denton** (MD Medicine, Bristol University, PhD Biochemistry, King's College, London University). 1990-2005: **University of Otago, New Zealand.**

**Zurück zur Internet Library**