

Szymon Suchański \*

# Dobór kumulatywny – istota ewolucjonizmu

Organizmy żywe, jakie dzisiaj i dawniej występowały na Ziemi, są zbyt skomplikowane i niebotycznie różnorodne (plany budowy, zdolności adaptacyjne etc.), aby mogły powstać w wyniku działań niezintegrowanych i nieselektywnych. Z drugiej strony współczesna nauka i jej koryfeusz odrzucają, przynajmniej oficjalnie, wszelkie rozwiązania odwołujące się do Rozumnej Mocy Stwórczej. Jak w takim razie bioróżnorodność powstała? Oto dogmat biologii ewolucyjnej:

Darwinowska odpowiedź brzmi — wskutek stopniowych zmian, krok po kroku, poczynając od najprostszych początków, od pierwotnych obiektów tak prostych, że mogły powstać przez przypadek. Każda kolejna zmiana w tym stopniowym procesie ewolucyjnym była wystarczająco prosta w stosunku do stadium poprzedniego, żeby mogła nastąpić przypadkiem.<sup>1</sup>

Obiektem zmian są instrukcje zaszyfrowane w nici DNA, czyli w genach, dotyczące sekwencji (kolejności) cząsteczek aminokwasów w białku. Każda zmiana w genach może wywołać zmianę w budowie i funkcjonowaniu organizmu. Zgodnie z przyjmowanym raczej bezrefleksyjnie założeniem przez ewolucjonistów, to właśnie DNA stanowi *pełną* informację wystarczającą do zbudowania każdego organizmu. To stanowi punkt wyjścia w rozwiązaniach teoretycznych znanego i czołowego neodarwinisty —

---

\* Autor jest studentem chemii na Uniwersytecie Wrocławskim.

<sup>1</sup> Richard Dawkins, **Ślepy zegarmistrz czyli, jak ewolucja dowodzi, że świat nie został zaplanowany**, Biblioteka Myśli Współczesnej, PIW, Warszawa 1994, s. 81.

Richarda Dawkinsa.

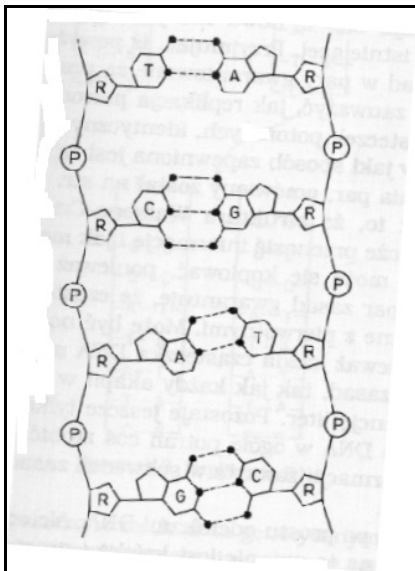
## 1. Pochodzenie informacji genetycznej wg R. Dawkinsa

Richard Dawkins w swojej książce **Ślepy zegarmistrz**, będącej przykładem niezwykle konsekwentnej argumentacji na rzecz ewolucji, proponuje mechanizm, który mógłby wyjaśnić złożoność Natury.<sup>2</sup> W przyrodzie mamy do czynienia z dwoma rodzajami doboru: jednorazowym i kumulatywnym. Dobór **jednorazowy** selekcjonuje (sortuje) obiekty np. kamyki, geny itp. tylko jeden raz i na tym kończy się jego działanie. Natomiast w procesie doboru **kumulatywnego** obiekty ulegają reprodukcji (powieleniu) i wyniki jednego procesu sortowania przez sito doboru naturalnego zostają poddane następnemu takiemu procesowi, którego wyniki zostają poddane następnemu... i tak dalej. Produkt finalny w jednym pokoleniu stanowi punkt startu doboru w następnym pokoleniu. Mechanizm funkcjonuje przez miliony lat i dotyczy ogromnej liczby populacji.

Jaki jest związek doboru kumulatywnego z genezą organizmów żywych? Otóż Autor dokonuje redukcji organizmu żywego do informacji zaprogramowanej w DNA:

SYSTEM ŻYWY = ZESPÓŁ GENÓW

Cząsteczka DNA jako struktura materialna może podlegać zmianom, np. mutacjom, a tym samym być obiektem działania doboru kumulatywnego.



**Struktura DNA**

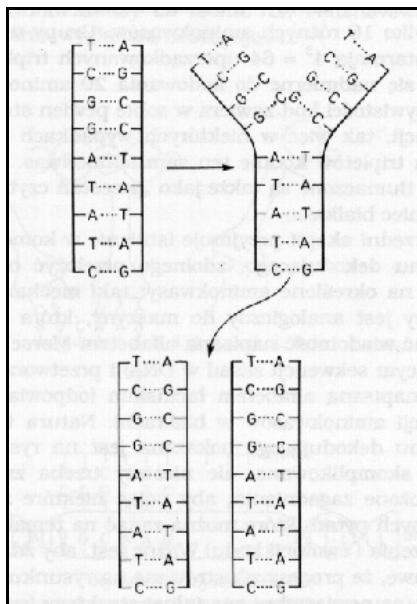
---

<sup>2</sup> Tamże, ks. 81-93.

Według Dawkinsa różnice między gatunkami to różnice zasadniczo *tylko* między genami. Wychowanek Uniwersytetu Oxfordzkiego dokonuje tutaj założenia, że skoro DNA determinuje budowę każdego białka, czyli jego trójwymiarowy, zwinięty kształt,<sup>3</sup> a białka sterują procesami biochemicznymi, w wyniku czego mogą powstawać złożone struktury (np. oko, mózg etc.), to w takim razie geny stanowią receptę na zbudowanie organizmu żywego:

Za oknem pada deszcz instrukcji, deszcz programów, deszcz algorytmów określających, jak ma rosnąć drzewo, jak ma wytwarzać puch. I nie jest to żadna metafora, tylko szczerą prawdą, która nie byłaby bardziej prawdziwa, nawet gdyby za oknem padał deszcz dyskietek komputerowych.<sup>4</sup>

Czy ta teza jest dzisiaj słuszna i rzeczywiście dotyczy wszystkich organizmów — o tym nieco później. Przyjmując jej prawdziwość, problem powstania nowego gatunku zredukuje się do problemu powstania mechanizmu tworzącego funkcjonalny gen. Oczywiście, różnice między na przykład gadami a ptakami dotyczą bardzo wielu genów, ale mechanizm, który potrafi wyjaśnić powstanie jednego genu, powinien wyjaśnić, zdaniem Autora, powstanie zespołu genów (odpowiednio



**Replikacja DNA**

<sup>3</sup> Tamże, s. 195.

<sup>4</sup> Tamże, s. 181.

większa ilość czasu na ich wykreowanie).

Przyjmijmy więc, że zdanie

EWOLUCJA JEST FAKTEM (1)

jest genem odpowiedzialnym za powstanie nowego gatunku, np. bakterii. Hipotetyczny przodek tej bakterii nie dysponował takim funkcjonalnym genem. Posiadał on natomiast cały szereg innych genów, które warunkowały jego rozwój, m.in. taki:

KREACJONIZM TO FAKT (2)

Jakie jest prawdopodobieństwo, że gen (2) przekształci nam się w wyniku działania np. mutacji w nowy gen (1), który umożliwi powstanie gatunku? Jeśli mamy do czynienia z alfabetem składającym się tylko z dużych liter plus znak przerwy, to otrzymujemy 27 różnych znaków. Każda z 27 liter (o ile znak przerwy potraktować jako osobną literę) może się znaleźć na początku zdania. Prawdopodobieństwo, że pierwszą literą będzie E, wynosi  $1/27$ . Z kolei prawdopodobieństwo, że w genie (2) pojawi się najpierw litera E, a potem W, czyli EW, wynosi  $1/27 \cdot 1/27 = 1/729$ . Łatwo wyliczyć, że prawdopodobieństwo znalezienia się trzech liter EWO wynosi  $1/27 \cdot 1/27 \cdot 1/27 = (1/27)^3 = 1/19\ 683$ . Szansa powstania genu (1), zaczynając od genu (2), wynosi ostatecznie  $(1/27)^{20} \approx 10^{-29}$ . Gdyby jednak w ciągu prawie 4 miliardów lat powstał taki gen, co w przypadku organizmów rozmnażających się w tempie wykładniczym (bakterii) mogło mieć miejsce, nie wyjaśnia to w żaden sposób bioróżnorodności.<sup>5</sup> Liczba genów

---

<sup>5</sup> Wartość  $10^{-29}$  jako prawdopodobieństwo powstania funkcjonalnego genu należy uznać za mocno zaniżone, nawet biorąc pod uwagę to, iż kodował on białko nie będące optymalnym katalizatorem. Generalnie białka mają długość łańcucha liczącą przynajmniej 100 aminokwasów (w komórce występuje 20 rodzajów aminokwasów tzw. podstawowych). Prawdopodobieństwo powstania białka o ściśle określonej sekwencji i długości łańcucha 100 aminokwasów wynosi  $10^{130}$ . Jak niewyobrażalnie wielka jest to liczba, niech świadczy to, że oszacowana liczba cząstek elementarnych (nie atomów!) w całym Wszechświecie nie jest większa niż  $10^{100}$ . A przecież

koniecznych do prawidłowego funkcjonowania „prymitywnych” jednokomórkowych grzybów-drożdży wynosi około 7 000,<sup>6</sup> a gdzie i kiedy miały powstać geny warunkujące rozwój tak złożonych i licznych grup organizmów jak owady, kręgowce, rośliny nasienne? Dawkins doskonale zdaje sobie z tego sprawę: „Gdyby procesy ewolucji zależeć miały od doboru jednorazowego, to nigdy by do niczego nie doszło”.<sup>7</sup> Proponuje on zatem inny mechanizm — *dobór kumulatywny*.

Komórki bakteryjne mnożą się szybko i średnio co 40 minut następuje powielenie materiału genetycznego. Co jakiś czas, bardzo rzadko, zdarzają się błędy w kopiowaniu DNA, skutkiem czego może powstać zmieniony gen. Również promieniowanie ultrafioletowe i czynniki chemiczne mają często własności mutagenne. Posłużmy się naszym wyjściowym genem (2):

#### KREACJONIZM TO FAKT

Kopiujemy ten gen wiele razy. Po 10 pokoleniach nastąpiły błędy w kopiowaniu sekwencji (2). *Wybieramy* wśród tych „zmutowanych” genów gen najbardziej zbliżony do genu (1). Ma on wtedy postać:

#### KWEACJONIZM TO FAKT (3)

Nie jest to duża zmiana, ale procedura powtarza się. Powielamy gen (3), który po 20 pokoleniach podlega mutacjom. *Wybieramy* znowu najbardziej podobny do genu (1):

---

białka mają długość łańcucha (średnio) złożoną z 300 aminokwasów!

<sup>6</sup> Halina Krzanowska, Adam Łomnicki, Jan Rafiński, Henryk Szarski, Jacek M. Szymura, **Zarys mechanizmów ewolucji**, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 1995, s. 333. Dla kręgowców oszacowana wartość liczby genów równa się aż od 50 000 do 100 000. Dla roślin na razie brak danych, ale biorąc pod uwagę wielkość genomu, z pewnością liczba genów przekroczy 10 000.

<sup>7</sup> Dawkins, **Ślepy...**, s. 90.

EWEACJONIZM TO FAKT.

I tak to się toczy, pokolenie za pokoleniem. Po 30 pokoleniach

EWOACJONIZM TO FAKT.

Po 60 pokoleniach

EWOLUCJA TO FAKT.

Po 100 pokoleniach otrzymujemy wreszcie szukany gen (1), który umożliwi powstanie nowego gatunku: EWOLUCJA JEST FAKTEM. Procedura taka pozwala na komputerze osiągnąć z losowej sekwencji liter w ciągu kilkunastu sekund sensowną, pożądaną. Wydaje się, że w skali milionów lat mechanizm doboru kumulatywnego jest w stanie wygenerować ogromną liczbę funkcjonalnych genów, zapewniając powstanie nowych planów budowy organizmów roślinnych i zwierzęcych. To wrażenie szybko „pryska”, jeśli przyjrzymy się podstawowym mankamentom tej koncepcji.

A. Nie istnieje w komórce sekwencja DNA czyli gen lub zespół genów, do którego dobór naturalny *zmierza* i który faworyzuje.

B. Nie jest również prawdą, że dobór *wybiera* jakąś sekwencję DNA, bliższą przyszłemu, funkcjonalnemu genowi, a resztę odrzuca. Każda sekwencja z chemicznego punktu widzenia jest tak samo dobra. Tym bardziej niesposób zrozumieć, skąd dobór miałby wiedzieć, że z genu, np. EWOLUCJA JEST FAKTEM powstanie to białko, które będzie kiedyś potrzebne komórce. Dopóty, dopóki szyfr DNA nie zostanie przetłumaczony, czyli dopóki nie powstanie białko, nie wiadomo, czy to białko jest funkcjonalne dla komórki, czy też nie. ***Z budowy DNA nie wynika bezpośrednio budowa białka.***

C. Mija się również Autor z prawdą, gdy postuluje istnienie sekwencji wyjściowej o określonej długości. Mutacjom (zmianom) podlega cały DNA, a nie jakiś jeden, precyzyjnie zdefiniowany jego fragment.

D. Dawkins suponując istnienie w przyrodzie tworu pod nazwą „dobór kumulatywny”, sam siebie postawił w opozycji wobec współczesnej biologii i jej odkryć:

Bardzo ważną cechą mutacji jest ich losowość. Wprawdzie w genomie mogą być pewne miejsca bardziej niż inne narażone na wystąpienie mutacji, jednakże nie można przewidzieć czasu ani miejsca, w którym następną mutacja zajdzie. Środki mutageniczne, takie jak promienie jonizujące czy różne mutageny chemiczne, zwiększają prawdopodobieństwo mutacji, ale nie mają wpływu na miejsce i czas zajścia tych zmian w komórce.<sup>8</sup>

Cechą mutacji jest więc ich bezkierunkowość, losowość, stąd dobór kumulatywny, który jest ukierunkowany (osiągnięcie określonej sekwencji), nie może być brany pod uwagę jako mechanizm tłumaczący pochodzenie informacji genetycznej. Również jeden z polskich ewolucjonistów — Adam Łomnicki — ma duże obiekcje w stosunku do tej koncepcji: „Ta analogia Dawkinsa nie jest najlepsza, ponieważ dobór naturalny niczego nie zakłada i do niczego nie dąży, a tu założyliśmy pewne sensowne zdanie, do którego losowy zestaw liter i pustych miejsc ma dojść.”<sup>9</sup>

## 2. Informacja genetyczna cząsteczki DNA.

Biologia molekularna przez wiele lat usiłowała dowieść, że informacja zaszyfrowana w DNA jest kompletna i zawiera pełny asortyment instrukcji potrzebnych do zbudowania każdej struktury funkcjonalnej, np. białek, organelli komórkowych (błon cytoplazmatycznych, rybosomów, mitochondriów...), układów (trawiennego, nerwowego...), oraz posiada zdolność do *sterowania* procesami kształtującymi powstawanie tychże struktur.

Fundamentalna rola szyfrów zmagazynowanych w DNA, warunkujących prawidłowe funkcjonowanie i powstawanie organizmów żywych, nie ulega dzisiaj wątpliwości. Jednakże od wielu lat staje się coraz

---

<sup>8</sup> Krzanowska i inni, **Zarys...**, s. 36.

<sup>9</sup> Tamże, s. 149.

bardziej oczywiste, że DNA jest *biernym* magazynem informacji, a nie czynnikiem kierującym powstawanie złożonych, wielopiętrowych, hierarchicznych struktur biochemicznych.<sup>10</sup> Natura tego czynnika jak na razie jest zagadkowa. Okazało się także, zwłaszcza w stosunku do organizmów eukariotycznych (posiadających jądro), że informacja zaszyfrowana w DNA wystarcza często tylko do zbudowania *półproduktów*, które następnie podlegają dalszym zintegrowanym, powtarzalnym modyfikacjom, przekształceniom i uzupełnieniom.<sup>11</sup> Źródło informacji koniecznej do obróbki półproduktów również jest zagadkowe.

## Wnioski

Hipoteza typu makroewolucyjnego, przypisująca nici DNA rolę pełnego banku informacji biologicznej, w świetle osiągnięć dzisiejszej biologii molekularnej wydaje się trudna do zaakceptowania. Bez znajomości kompletnej informacji biologicznej stwierdzenia w stylu „pióra to przekształcone łuski gadów” brzmią wyjątkowo śmiesznie. Skoro do dzisiaj nie wiemy, gdzie są zgromadzone wszystkie instrukcje konieczne do budowy piór, to przypisywanie tej roli łuskom jakichś gadów ujawnia wyjątkową nieznaną genetyki. Również na poziomie samych genów, jak starałem się to wykazać na przykładzie teorii doboru kumulatywnego R. Dawkinsa, zmiana makroewolucyjna zdaje się być niemożliwa. Uważam, że teoria ewolucji potrafi wyjaśnić (częściowo), lepiej lub gorzej, zróżnicowanie

---

<sup>10</sup> Piotr Lenartowicz SJ, **Elementy filozofii zjawiska biologicznego**, Wydawnictwo Apostolstwa Modlitwy, Kraków 1984, s. 350-352 oraz s. 368-372.

<sup>11</sup> Świetny artykuł Piotra Lenartowicza SJ, Sens i zakres pojęcia informacji genetycznej, w: J. Such, E. Pakszys, J. Czerwonogóra (red.), **Rozprawy i szkice z filozofii i metodologii nauk**, Wyd. Naukowe PWN, Warszawa 1992, s. 307-319.

wśród na przykład mew, motyli, żab, dębów itd., ale jest zupełnie bezradna pragnąc wyjaśnić genezę odpowiednio ptaków, owadów, płazów, roślin okrytonasiennych:

W tym właśnie miejscu wychodzi na jaw pewna słabość „neodarwinizmu” w teorii ewolucji, która została poddana masowej krytyce w mniejszym stopniu przez biologów, a w większym przez fizyków. Skoro istnieje tak ogromna ilość możliwych kombinacji i przemawiają za tym wszystkie konkretne odkrycia naukowe, wtedy do wartości astronomicznej wzrasta nieprawdopodobieństwo, że poszczególne elementy złożą się na konkretną kombinację. Jeżeli przepis informacji genetycznej, kodujący powstanie np. działającego oka kręgowca,<sup>12</sup> rzeczywiście miałby powstać wskutek niezależnych zdarzeń losowych, powodujących nagromadzenie tylu „właściwych” i „dopasowanych” mutacji, to okazałoby się, że wielki konstruktor — przypadek — nie dałby sobie z tym rady.<sup>13</sup>

Te krytyczne uwagi wobec darwinizmu kieruje nie kreacjonista, ale... ewolucjonista, prof. Josef H. Reichholf. To chyba świadczy o mizernej kondycji tej teorii.

Szymon Suchański

---

<sup>12</sup> Josef H. Reichholf, którego tu cytuję, również ulega mitowi "DNA — jedyne źródło informacji w komórce". Tutaj jak i u wszystkich organizmów wielokomórkowych pojawia się pytanie: jak to się dzieje, że komórki, na przykład ludzkie, z których każda ma ten sam DNA, tak się mogą zróżnicować (komórki jelita, nerwowe, wątrobowe etc.)? Z pewnością jest to związane z „włączaniem” i „wyłączaniem” odpowiednich genów w konkretnym stadium rozwoju, ale jak na razie nie bardzo wiadomo, jak komórki eukariotyczne dają sobie z tym radę.

<sup>13</sup> Josef H. Reichholf, **Twórczy impuls — nowe spojrzenie na ewolucję**, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 1996, s. 133.