

100 lat po Darwinie Czy istnieje inteligentny plan rozwoju życia na Ziemi?

Jerzy Dzik

Instytut Paleobiologii PAN, Instytut Zoologii UW

(tekst wykładu inaugurującego Rok Darwina w *Auditorium Maximum* Uniwersytetu Warszawskiego; 15 stycznia 2008 roku)

Postawiono mi trudne zadanie. Mam mądrze odpowiedzieć na pytanie, które większości przyrodników zdaje się raczej niepoważne. Wiem przy tym, że moi słuchacze mają ugruntowany pogląd na ten temat, którego łatwo nie zmienią. Wątpię, bym kogokolwiek przekonał, dobitnie i głośno wypowiadając dziś swoją opinię o sprawie, choćby najbardziej autorytatywną. Myślę więc, że lepiej ograniczyć się do pokazania dróg wiodących do wiedzy o historii życia na Ziemi i przedstawienia najważniejszych faktów niezbędnych do jej zrozumienia. Liczę na to, że dostatecznie wyraziste staną się wówczas powody sceptycyzmu do pytania postawionego w tytule.

Istota nauki

Zacząć wypada od dotarcia do sensu „inteligentnego planu”, którego ma dotyczyć moje wystąpienie. To importowany z Ameryki i skrojony na tamtejsze potrzeby przejaw odwiecznej potrzeby widzenia świata na ludzką miarę. Trudno bowiem nam sobie wyobrazić, że rozumny porządek w otaczającej nas przyrodzie może nie mieć osobowej sprawczej przyczyny. Również z przyczyn ambicjonalnych. Jak bowiem dopuścić do głowy myśl, że wzniosła postać człowieczeństwa jest rezultatem przypadkowego i bezmyślnego działania praw fizyki i chemii? O wiele łatwiej odwołać się do wyobrażenia zewnętrznej rozumnej siły skrojonej na naszą miarę, niż zmusić się do szukania sensu w gmatwaninie zjawisk przyrodniczych.

Oznacza to jednak dopuszczenie notorycznej nadprzyrodzonej interwencji w bieg spraw świata żywego. Po to, by zapewnić z góry określony końcowy rezultat przemian. Innymi słowy jest to koncepcja permanentnego cudu. Tytuł mojego wystąpienia oznacza więc pytanie, czy istnieją naukowe przesłanki dopuszczające nadprzyrodzoną interwencję w bieg ewolucji.

Ale co to znaczy „naukowe”? Fundamentem dzisiejszej nauki są dwie proste reguły: zasada oszczędności metodologicznej (parsymonia, czyli brzytwa Ockhama) przy wypowiedaniu wszelkich sądów i wymaganie ich testowalności. Znaczy to, że badacz przyrody nie powinien wprowadzać do rozważań elementów (bytów) niekoniecznych a każde jego wnioskowanie powinno być konfrontowalne z obserwacjami przyrody (doświadczeniami). Tak działają badacze z dziedzin przyrodoznawstwa o ugruntowanej pozycji w obrębie nauki. Problem jednak z tym, że ewolucja z reguły nie jest oszczędna i rzadko biegnie najprostszą możliwą drogą. Do tego nie da się obalić hipotez co do jej przyszłego biegu, bo jest on z zasady nieprzewidywalny. To dlatego naukowy status teorii ewolucji bywa kwestionowany. Paradoksalnie, gdyby rzeczywiście nie należała do rewiru nauki, „ewolucjonizm” byłby po prostu ideologią przeciwstawną religijnemu kreacjonizmowi, gdy równocześnie do naukowego statusu pretenduje inna alternatywa teorii ewolucji, czyli koncepcja *intelligent design*.

Nie wypada jednak w tym kontekście zapominać o tym, że sformułowanie „teoria ewolucji” jest co najmniej dwuznaczne. Do objaśnienia różnych aspektów ewolucji biologicznej używa się bowiem fundamentalnie odmiennych sposobów wnioskowania.

Przywykło się sądzić, że Karol Darwin był twórcą kompletnego teoretycznego opisu zjawiska ewolucji, tak jednak nie jest. Darwin wysunął teorię objaśniającą mechanizm ewolucji, ale nie jej przebieg.

Zjawisko ewolucji

Teoria Darwina w postaci dzisiejszej, uzyskanej po półtora stulecia badań nad jej naturą, głosi, że jeśli obiekty cechujące się losowo powstającą i zmiennością dziedziczonych właściwości poddać selekcji, to w kolejnych pokoleniach dominować poczną te z nich, które są preferowane. Jest to opis mechanizmu pozwalającego na przewidywanie rezultatów działań w odniesieniu do obiektu o znanych właściwościach i wyjściowym stanie. Tak od stuleci postępują hodowcy nowych ras zwierząt i roślin. Teoria Darwina w ścisłym rozumieniu jest więc testowalna (falsyfikowalna) i nie różni się metodologicznie od klasycznych teorii przyrodoznawstwa.

Dziś treść teorii Darwina zdaje się truizmem. Wiemy bowiem, na czym polega zmienność i dziedziczność. Darwin, publikując w 1859 roku swoje *opus magnum* o ewolucji, ledwie się tego domyślał. Nie konstruował jednak przecież swojej teorii jako pustego intelektualnego ćwiczenia – postawił sobie zadanie objaśnienia natury zjawiska, które było już wówczas dobrze rozpoznane. Nie Karol Darwin odkrył ewolucję, bo prowadzono nad nią badania już znacznie wcześniej. I to przy pomocy solidnych metod badawczych.

Jedno z takich zapomnianych doniesień ilustrujących przygotowanie ówczesnych przyrodników do przyjęcia teorii ewolucji wyszło drukiem w 1847 roku, zatem dekadę przed dziełem Darwina. Był to rezultat ekspedycji okrętu *Beacon* w rejon Morza Egejskiego z udziałem znakomitego ówczesnego badacza mięczaków, Edwarda Forbesa. Forbes, wraz ze współpracującym z nim porucznikiem (późniejszym wiceadmirałem) Thomasem A.B. Sprattem zbadali następstwo form kopalnych ślimaków w liczących około 5 mln lat warstwach gliny na wyspie Kos u wybrzeża Turcji. Stwierdzili, że zmian urzeźbienia ich muszelek nie da się wyjaśnić inaczej, niż dopuszczając możliwość przekształcania się (transmutacji) gatunków.

Dziś znane są dziesiątki podobnych następstwa populacji w warstwach skalnych i przyjmujemy za zasadne interpretowanie ich jako przykłady kopalnego zapisu ewolucji. Podstawę do takiego sądu dają dwa założenia. Po pierwsze, że mniej więcej normalny (gaussowski) rozkład częstości w klasach wartości cech organizmów jest przejawem wymiany genów drogą krzyżowania w obrębie populacji. Pozwala to na twierdzenie, że próbka skamieniałości z pojedynczej warstwy skalnej wykazująca taki rozkład zmienności jest reprezentatywna dla niegdyś istniejącego gatunku. Założenie to jest powszechnie stosowane w biologii dzisiejszych organizmów – bez niego trudno byłoby rozpoznawać ich gatunki. Drugie założenie jest równie oczywiste – przyjmuje się, że jeśli dwie próbki z kolejnych warstw skalnych nie różnią się istotnie od siebie, to reprezentują różne stadia jednego ciągu genealogicznego. Jeśli zaś skrajne próbki takiego ciągu różnią się od siebie dogłębnie, jest to przejaw ewolucji.

Opis przebiegu ewolucji to już teoria, choć nie Darwina. Hipotezy o związku przodek-potomek na poziomie populacji są testowalne na gruncie paleontologii. Linie ewolucyjną należy wtedy rozdzielić na elementarne zdarzenia. Jeśli kierunek nacisku selekcyjnego nie zmieniał się chaotycznie, spodziewać się można stopniowych przemian morfologii między próbkami. Zwiększając gęstość opróbkowania wystarczy wykazać nieciągłość następstwa (np. w wyniku migracji), by obalić hipotezę o związku ewolucyjnym.

Jak daleko da się dojść w poszukiwaniach kompletnego kopalnego zapisu ewolucji? Rzecz jasna, tylko znikoma część niegdyś żyjących organizmów pozostawiła po sobie ślady w warstwach skalnych. Są jednak takie ich rodzaje, które nie tylko dają się badać w setkach

próbek złożonych z mrowia szczątków, ale umożliwiają wgląd w przebieg formowania się cech ich anatomii w trakcie rozwoju osobniczego. Co więcej, rozwój osobniczy można wykalibrować nawet w pojedynczych dniach. Możliwości takie otwiera choćby dzienna cykliczność przyrostu emalii zębów czy kostek słuchowych ryb.

Kiedy w badaniach przebiegu ewolucji wiążemy rozkład zmienności z krzyżowaniem w obrębie populacji, przywołujemy aspekt różnorodności świata żywego, który nie jest konieczną konsekwencją darwinowskiego mechanizmu ewolucji.

Geneza różnorodności biologicznej

Wbrew tytułowi dzieła Darwina *O pochodzeniu gatunków...*, sprawa pochodzenia gatunków nie została w nim wyjaśniona. Korzystając z ówczesnego zasobu wiedzy biologicznej Darwin nie mógł nawet wiedzieć, czym jest gatunek organizmu żywego. Dlaczego ma on wyraźnie odrębną i w zasadzie niezmienną postać w skali trwania naszego życia. Do tego niezbędna jest osobna teoria. Teoria płci – niemożliwa do skonstruowania bez wiedzy Grzegorza Mendla o mechanizmach krzyżowania czy Thomasa Morgana o naturze zapisu genetycznego.

Dopiero pół wieku po śmierci Karola Darwina genetyk populacyjny Fiodor Dobrzański (Theodosius Dobzhansky) i zoolog Ernst Mayr wyjaśnili naturę gatunku biologicznego. To oni powinni użyć tytułu *O pochodzeniu gatunków...* do swoich książek. Mechanizm łączenia, wymiany i uporządkowanego rozdzielania zapisu genetycznego z różnych linii genealogicznych osobników jest istotą zjawiska płci i przyczyną występowania gatunków. Gdyby nie płęć, świat żywy składałby się z nieprzeliczonej liczby genetycznie osobnych istot dający się co najwyżej subiektywnie przyporządkować do szczepów. Dzięki płci – i ewolucji – są grupy osobników (populacje) dysponujące wspólną pulą genową i oddzielone od innych niemożnością partycypowania w wymianie genów. Dzieje się tak, bo rozbieżna ewolucja izolowanych populacji po jakimś czasie prowadzi do takiej odmienności, że nie da się technicznie przeprowadzić wymiany albo też rezultaty wymiany prowadzą do zaburzeń w wykorzystaniu zapisu genetycznego. Tylko dzięki temu możemy próbować policzyć te parę milionów istniejących dziś gatunków i opłakiwać wymieranie części z nich.

Wbrew mylącemu tytułowi dzieła Darwina, powstawanie gatunków (specjacja) nie jest przyczyną ani nawet istotą ewolucji. Jest tylko jednym z jej skutków. Ewolucja może zachodzić bez wytwarzania gatunków. Tak się zresztą działo przez pierwsze parę miliardów trwania życia na Ziemi, kiedy uformowały się podwaliny organizacji komórki i większość zjawisk biologicznych.

Koncepcja gatunku zastosowana do zbioru współczesnych sobie populacji pozwala na testowanie i łatwe obalenie tez o tym, czy jakaś populacja należy do określonego gatunku czy też nie. Wystarczy przeprowadzić test krzyżowania. Oczywiście jest mnóstwo komplikacji wynikających z tego, że bariery genetyczne między gatunkami są nie w pełni wykształcone. Można jednak śmiało powiedzieć, że teoria gatunku biologicznego, tak jak teoria płci czy sama teoria Darwina to solidne, falsyfikowalne teorie dzisiejszej biologii. Powraca więc pytanie, dlaczego teoria ewolucji miałyby być нефalsyfikowalna? By się do odpowiedzi na to pytanie przybliżyć, przywołać trzeba kolejny obszar rozważań o ewolucji, którego rozpoznanie nie było zasługą Karola Darwina. Mowa o opisie przemian różnorodności biologicznej w wielkiej skali dziesiątków milionów lat czasu geologicznego, czyli o drzewie rodowym organizmów.

Filogeneza

Historię przemian złożoności świata żywego przedstawiano w konwencji drzewa rodowego na długo przed Darwinem. I na długo przed zaakceptowaniem ewolucyjnej przyczyny takiej

formy powiązań między wymarłymi organizmami. Nie wiemy, jak Louis Agassiz, sławny szwajcarski badacz wymarłych ryb i lodowców alpejskich, mógł pogodzić swój ortodoksyjny kreacjonizm z prezentacją w 1844 roku drzewa rodowego ilustrującego pokrewieństwa kopalnych ryb. *Explicite* ewolucyjny sens nadał drzewu rodowemu dopiero zoolog i wolnomyśliciel Ernst Haeckel, który nazwał proces ewolucyjnych przekształceń szczepów organizmów filogenezą.

Z racji swojego zawodu Ernst Haeckel odwoływał się w konstrukcji drzew rodowych głównie do organizmów dziś żyjących. Jego drzewa filogenetyczne nie grzeszą rygorystycznym metodologicznym z dzisiejszego punktu widzenia, ale by je skonstruować musiał przynajmniej podświadomie przyjąć fundamentalne założenie filogenetyki. To mianowicie, że istnieje związek pomiędzy odmiennością jakiegokolwiek pary gatunków dzisiejszych organizmów a czasem, który upłynął od rozdzielenia się ich dróg ewolucji. Wykorzystując to założenie, można uznać drzewkowaty diagram pokrewieństw między organizmami (dendrogram, kladogram, fenogram) za drzewo rodowe. Pokrewieństwo można oszacować na podstawie liczby zgodności cech lub hierarchicznego porządku w ich rozprzestrzenieniu. Najprostsze, najbardziej obiektywnie wydzielane i z grubsza równowartościowe cechy to pojedyncze aminokwasy w białkach czy nukleotydy w kwasach nukleinowych. Filogenetyka molekularna jest dziś jedną z najbardziej dynamicznie rozwijających się dziedzin wiedzy.

Związek pomiędzy czasem a zmianami ewolucyjnymi jest jedynie statystyczny, także w odniesieniu do zmian (mutacji) nukleotydów czy aminokwasów. Zignorowanie nierównowartościowości poszczególnych zmian i odmienności tempa ewolucji pomiędzy różnymi grupami organizmów może całkowicie zdeformować drzewo rodowe. Linie szczególnie szybko ewoluujące ukażą się wtedy mylnie jako najbardziej pierwotne. Uwiarygodnienie drzewa wymaga starannego wykalibrowania jak największej liczby jego gałęzi w milionach lat przy użyciu danych paleontologicznych (wiemy np., że tempo ewolucji much jest dwukrotnie większe niż pajaków). Dopiero wtedy można interpolować i ekstrapolować interpretacje.

Tu znów pojawia się pytanie, jak daleko można dojść w wykorzystaniu danych paleontologicznych do takich celów. Możliwości te są niebywale dzięki szczęśliwie równoczesnemu i równoległemu do filogenetyki molekularnej rozwojowi technik badawczych paleobiologii. Z zapisu kopalnego bez trudu daje się dziś uzyskać dane o kształtach, rozmiarach a nawet wewnętrznej strukturze pojedynczych komórek organizmów sprzed setek milionów lat. Ze skał wydobywa się nawet zawarte w osłonkach jajowych zarodki zwierząt sprzed pół miliarda lat ukazujące szczegóły ich wnętrza.

Tym, co najbardziej przyciąga uwagę nie są jednak przecież subtelności przebiegu ewolucji wymarłych robaczek. Niepokoi przede wszystkim możliwość pochodzenia nas samych z małpiego łoża na gałęzi afrykańskiego baobabu.

Pochodzenie człowieka

A tu niewiele da się poradzić przeciw faktom. Do czasu ekspansji cywilizowanego człowieka liczebność jego populacji nie była większa od któregośkolwiek z przeciętnych gatunków świata zwierząt. Stosownie do tego i produkcja biologiczna populacji nie była imponująca, a to przecież liczba składanych w ziemi zwłok decyduje o jakości zapisu kopalnego. Badania żadnego innego gatunku świata żywego nie uzyskały jednak tak dobrego finansowania, jak gatunek wynalazcy pieniędzy. Nic więc dziwnego, że rezultaty są nieproporcjonalnie duże w stosunku do możliwości. Mimo to bez końca trwać będą przecież spory o szczegóły interpretacji danych. Nie będzie zgody, na ile gatunków podzielić pieczołowicie pozbierane kostki i zęby. Nie zmienia to jednak postaci rzeczy – przebieg uformowania się ludzkiej anatomii z małpiej jest już rozpoznany z całkiem sporą precyzją.

W mniejszym lub większym przybliżeniu prześledzić możemy naszą genealogię wstecz przez stadium podobnych do szczura pierwotnych ssaków sprzed stu milionów lat czy rybich przodków sprzed czterystu milionów lat aż do prawie pół miliarda lat – obecnego krańca możliwości paleontologii w tej dziedzinie. Ze skrucą przyznaję jedynie, że nie wiemy jak wyglądała szczegółowa anatomia naszych przodków w stadium robaka. Problemy, przed którymi stoimy mają jednak całkiem zwyczajny charakter. To jasne, że przecież mnóstwo zagadnień nauki pozostaje tajemnicą. I całe szczęście, bo czym byśmy zajęli naszych uczniów? Nie ma jednak żadnych przesłanek by twierdzić, że metoda rozumowania, którą stosujemy w nauce zawodzi z powodu anomalii w zapisie kopalnym zmuszających do przywołania przyczyn nadprzyrodzonych. Sprzeciw wobec pochodzenia człowieka od małpy jest problemem natury psychologicznej, nie naukowej.

Rzeczywiste problemy fundamentalnej natury związane z teorią ewolucji ukryte są całkiem gdzie indziej. Są na styku przyrodoznawstwa i nauk historycznych.

Historyczne i inżynierskie aspekty ewolucji

Filogenetyka paleontologiczna jest jedyną dziedziną biologii, która zmuszona jest do posługiwania się metodami wnioskowania swoistymi dla nauk historycznych. By to zauważyć, trzeba jednak najpierw oczyścić zagadnienia ewolucji biologicznej z tych aspektów, które nie są dla nich swoiste. Z aspektów dających się wyjaśnić przy użyciu standardowej metodologii fizykochemii. Nazywamy je inżynierskimi, zwykle chodzi bowiem o zjawiska i struktury, które służą organizmom żywym do pozyskiwania materii i energii ze środowiska. Po to, by się rozmnażać i opanowywać środowisko. Jak to czynić, zapisane jest w chromosomach.

Inżynierskimi rezultatami ewolucji zajmuje się większość biologów. Wystarczy im odwołanie się do wiedzy chemicznej i fizycznej (dokonanie redukcji biologii do fizykochemii), by zinterpretować badane zjawiska. Stają jednak bezradni przed pytaniem: dlaczego właśnie w ten sposób przebiega dany proces czy skonstruowany jest narząd, skoro nasza wiedza dopuszcza dziesiątki innych rozwiązań? Dlaczego rogi służące samcom do walk godowych mewają tak całkiem różne pochodzenie? Dlaczego mięśnie wykorzystujące chemiczną energię z glukozy i zasadę dźwigni umieszczone są na zewnątrz belkowatego szkieletu u jednych zwierząt (kręgowce) a wewnątrz sztywnej rury u innych (stawonogi). Odpowiedź wymaga odwołania się do przeszłości historycznej. Wymaga odtworzenia przebiegu ewolucji tych organizmów.

Jak jednak poznawać i opisywać przebieg ewolucji, by nie wypaść z kolein ścisłej metody naukowej. By teorie filogenetyczne pozostały falsyfikowalne? W początkach rozwoju nowoczesnej nauki próbowano na to znaleźć odpowiedź imitując wprost i nader powierzchownie teorie fizyki. Próbowano dotrzeć do praw rozwoju historycznego. W dziedzinie historii społeczeństwa podejście to znalazło rozległe zastosowanie i kojarzy się dziś z nazwiskami Georga W.F. Hegla i Karola Marksa. W biologii to już tylko odległa historia, ale pojęcia bezwładności ewolucyjnej (ortogenezy), starzenia się szczepów (typostrofizmu) czy wskazywanie określonego celu ewolucji (terminalizm) są wciąż przypomniane podczas wykładów uniwersyteckich. Chyba nikt nie traktuje ich już poważnie. Wyprowadzone z nich wnioski nie dają się bowiem rygorystycznie skonfrontować z danymi doświadczalnymi. Nie da się przewidzieć biegu ewolucji.

Testowalność hipotez filogenetycznych

Nie można przewidywać przyszłej ewolucji z powodu jej mechanizmu. Dobór, działając na losową zmienność, wprowadza do populacji organizmów nowy porządek (informację). W

dłuższej skali czasu prowadzi to do „wynałzków” ewolucyjnych dramatycznie zmieniających warunki funkcjonowania układów żywych. I nieprzewidywalnych tak, jak nieprzewidywalne są wynalazki technologiczne przewracające do góry nogami wcześniejsze oczekiwania.

Przewidywanie jest możliwe tylko wtedy, kiedy niezmienna pozostaje pula genowa populacji i stały jest kierunek nacisku selekcyjnego (tak jest i w ekonomii). Dlatego modne niegdyś ekstrapolowanie w przyszłość ewolucyjnego rozwoju anatomii człowieka nie ma sensu. Gdyby bowiem nadal działał na nasz gatunek nacisk selekcyjny (a praktycznie nie działa przy obecnym poziomie eliminacji osobników przed zakończeniem rozrodu), jego kierunek byłby całkiem odmienny od tego, który kształtował nas przez ostatni milion lat.

Tak więc porzucić należy sposoby wnioskowania wzięte z fizykochemii i polegające na przewidywaniu (predykcji) przyszłego stanu układów żywych na podstawie znajomości stanu wyjściowego i przy użyciu testowanej teorii. Pozostaje jednak możliwość testowania hipotez o przebiegu ewolucji wstecz osi czasu, przez retrodykcję. To metoda skuteczna, bo dzięki niej skonstruowaliśmy przecież drzewo rodowe organizmów. Przy jej użyciu porzucamy wcześniejsze interpretacje w miarę pozyskiwania nowych danych.

A to niemożność przewidywania ewolucji jest powodem oskarżania teorii ewolucji o nienaukowość. Zarzutu niewłaściwie kierowanego w stronę Karola Darwina zamiast do Ernsta Haeckela. Stosując właściwą metodę wnioskowania (retrodykcji), wspólną zresztą z humanistyczną historią (gdzie również aspekty historyczne splatają się z inżynierskim), można jednak konstruować teorie falsyfikowalne.

Idea zastosowania teorii Darwina do objaśnienia historycznych przemian człowieczeństwa nie jest nowa. W sposób zadowalający biologa proponował to już Karl R. Popper w swojej koncepcji Świata 3., czyli ewolucji świadomości społecznej (poznania bez podmiotu poznającego). Odpowiednikiem puli genowej był dla niego zasób ludzkiej wiedzy dziedzicznej przez nauczanie i modyfikowanej (powiedzmy, że losowo) w wyniku wprowadzania modyfikacji i ulepszeń. Zadania selekcji wypełnia wolny rynek. Oczywiście, ewolucji społecznej daleko do rygoru, któremu podlega ewolucja biologiczna. Nie mają więc głębszego sensu próby mechanicznego nakładania pojęć biologicznych na aspekty społeczne. Niemniej, analogia ta zdaje mi się bardzo pouczająca. Przynajmniej na tyle, by posłużyć się przykładem z dziedziny ewolucji technologii do uzmysłowienia nietrafności idei *intelligent design* w zastosowaniu do ewolucji.

Popatrzmy na to, co działo się w ewolucji średniowiecznych katedr. Nie było wówczas wydziałów architektury na politechnikach, ale wiedza inżynierska przekazywana była (dziedziczona) w strzechach budowlanych (*Bauhütten*). Proces budowy odbywał się pod ścisłą kontrolą selekcyjną. Co rusz budowle się waliły a pozytywny dobór odnosił się do kosztów i konstrukcyjnej klarowności, która dawała należyty efekt estetyczny. Ograniczeniem tempa przemian była podaż mutacji, czyli wynalazków umożliwiających budowanie coraz wyższych świątyń o coraz większej rozpiętości sklepień. Ewolucję zainicjował wynalazek gurtu pozwalając na rozdzielenie procesu na etapy i uwolnienie szalunku powierzchni sklepiennych od konieczności opierania na ziemi. Potem wykreślanie szalunku żeber w formie wycinku koła umożliwiła umieszczenie na jednej wysokości zworników sklepień i wierzchołków poprzecznych łuków. Wreszcie pojawiła się umiejętność rozprowadzenia rzeczywistych naprężeń pod dekoracyjną powłoką rzekomych żeber i filarów. Oto klasyczny opis przebiegu ewolucji, dający się odnieść w równym stopniu i do organizmów i produktów technologicznych. Zadajmy jednak podstawowe pytanie: czy wynalazca gurtu przewidywał ostateczny rezultat procesu przemian? Czy potrzebny jest nam jakikolwiek nadzorca tego procesu, by mógł on przebiegać zgodnie z zadziwiającą regularnością? Oczywiście, nie. Postęp był kumulacją pojedynczych nieprzewidywalnych (i nierzadko przypadkowych) wynalazków podlegających następnie selekcji.

Pozostaje więc odpowiedzieć już tylko na ostatnie pytanie. Skoro w trakcie ewolucji biologicznej nie jest niezbędna zewnętrzna interwencja, to może choć do jej zainicjowania musimy przywołać zewnętrzną rozumną moc sprawczą?

Pochodzenie życia

To często się słyszy, nawet z ust wykształconych przyrodników: życie jest zbyt skomplikowane, by mogło powstać drogą przypadku. I rzeczywiście, nawet najprostszy z dziś żyjących organizmów jest zbyt złożony, by uformował się losowo. Co więcej, nie mógł tą drogą powstać nawet wspólny przodek wszystkich dziś żyjących organizmów.

Ostatni wspólny przodek dzisiejszych organizmów (w angielskim skrócie nazywany LUCA) był bowiem organizmem wyposażonym w nośnik dziedziczności (dwuniciowe DNA) oraz niebywale złożony mechanizm enzymatyczny umożliwiający przeniesienie dziedziczonej informacji na czytnik (transkrypcja na jednoniciowe RNA) a następnie wykorzystanie do produkcji białek (translacja). Wszystko to się odbywało w osłonie lipidowych błon i ściany komórkowej. Nad budową czegoś takiego długo musiałyby się zastanawiać najtęższe umysły i pewnie niewiele by zdziały.

Problem ten przełamał już w 1976 roku Jeffrey Tse-fei Wong, pracujący wówczas w Toronto. Zwrócił uwagę na zadziwiającą prawidłowość w różnorodności liter (nukleotydowych tripletów) kodu genetycznego. Kiedy bowiem spróbował użycia technik filogenetyki do ich uporządkowania w diagram pokrewieństw, rezultat okazał się całkiem spójny logicznie. Konieczne było wprowadzenie zaledwie nielicznych hipotetycznych stadiów, by przez zmiany pojedynczych nukleotydów ułożyć wszystkie znane kody w nieukorzenione (jakby widziane od góry) drzewo rodowe. Najbardziej zaskakujące jest jednak to, że diagram ten precyzyjnie nakłada się na wykonany w podobnym duchu diagram pokrewieństw między aminokwasami kodowanymi przez te triplety. Pośrodku są najprostsze aminokwasy a na obrzeżu dalsze etapy w procesach syntezy biologicznej. Kod na mRNA jest rozpoznawany przez przenoszące określony aminokwas tRNA, nie ma on więc do aminokwasów żadnego chemicznego powinowactwa. Oznacza to, że diagram Wonga sięga do historycznych (nieinżynierskich) przyczyn różnorodności liter kodu i mamy do czynienia z rzeczywistym drzewem rodowym. Na początku były więc tylko nieliczne proste aminokwasy a nowe ich rodzaje pojawiały się w toku ewolucji, kodowane przez modyfikowane triplety kodu. Znaczy to ni mniej ni więcej, lecz że na początku było zbyt mało rodzajów aminokwasów, by ułożyć z nich niezbędną różnorodność skutecznie działających enzymów!

Jak zatem przebiegały wtedy procesy katalizy biologicznej? Znamy odpowiedź na to pytanie. Wiemy, że funkcje katalityczne obok białkowych enzymów mogą również pełnić cząsteczki RNA (i pełnią do dziś jako „rybozomy”). Białka nie są więc niezbędne do procesów życiowych (jakkolwiek wątle by bez nich były). Skoro tak, to nie jest konieczny kod genetyczny. DNA przejęło niegdyś funkcję archiwisty zapisu genetycznego, bo jest chemicznie trwalsze od RNA. Można sobie jednak wyobrazić sytuację, kiedy zarówno funkcje nośnika informacji jak i katalizatora procesów energetycznych pełni ta sama cząsteczka – RNA. Jest więc do pomyślenia świat RNA, nieporównanie prostszy od dzisiejszego świata DNA. Wciąż jednak o znacznym stopniu złożoności.

Chciałoby się zidentyfikować cząsteczki, które mając stabilność nie mniejszą od RNA mogły się samopowielać i katalizować to powielanie bez udziału złożonych procesów chemicznych. Nie ma jednak spójnej hipotezy, która by ten etap ewolucji, poprzedzający świat RNA, wyjaśniała. Że jest to możliwe, dowodzi istnienie kwasów peptydonukleinowych, w których miejsce nietrwałego cukru (rybozy) zajmuje pierwotny aminokwas (glicyna). Związki te są wykorzystywane w terapii nowotworów, zastępują bowiem kwasy nukleinowe,

blokując w efekcie procesy życiowe. Skądinąd glicyna może też zastąpić cukry w procesach energetycznych organizmów.

Nie wiemy, jak naprawdę wyglądały pierwsze obiekty żywe. Nie ma jednak powodu wątpić w możliwość spontanicznego powstania łańcuchowych polimerów zdolnych do autokatalitycznego samopowielania przy użyciu energii chemicznej ze środowiska. To wystarcza do zainicjowania darwinowskiej ewolucji przez selekcję.

Wnioski

Do tego, by w ogóle dopuścić istnienie nadprzyrodzonych zdarzeń w ewolucji, trzeba by najpierw dokonać obserwacji zdarzeń przyrodniczych, których nie da się wywnioskować z wiedzy o stanie poprzedzającym i z praw przyrody rządzących przemianami. Wówczas albo prawa są błędne, albo dokonała się nadprzyrodzona interwencja. Nie są mi jednak znane naukowe przesłanki do twierdzenia, że kiedykolwiek w trakcie ewolucji życia na Ziemi związki przyczynowo-skutkowe miały charakter nadprzyrodzony. Teoria Darwina zadowalająco wyjaśnia mechanizm ewolucji biologicznej i jest w pełni falsyfikowalna. Falsyfikowalne są również hipotezy o przebiegu ewolucji (filogenezie), tyle że rozumowanie przeprowadzane być musi wstecz osi czasu (przez retrodykcję) ze względu na termodynamiczną naturę procesu. To dlatego nie można przewidzieć przyszłego biegu ewolucji biologicznej ani historii cywilizacji i nie ma potrzeby twierdzić, że procesy te odbywają się pod nadzorem jakiegokolwiek rozumnej zewnętrznej siły. O rezultacie darwinowskiej ewolucji, zarówno biologicznej jak technologicznej, decyduje mechanizm przemian oraz okoliczności, w której przebiegają. Jeśli czuwał nad tym czynnik zewnętrzny, był prawdziwie nadprzyrodzony, bo niewidoczny i nieidentyfikowalny metodą nauki.

Konkluzji tej nie wypada pozostawić bez komentarza. Jest mnóstwo pytań o fundamentalnym znaczeniu, na które *scientia* nie potrafi odpowiedzieć, bo nie umie ich odpowiednio sformułować czy dotrzeć do odpowiednich danych. Jest jeszcze więcej pytań takich, które ignoruje, uznając za pozbawione sensu w kategoriach swojej metody. Wszystkie razem stanowią zbiór zagadnień metafizyki, których nie możemy lekceważyć, bo byłoby to wbrew naszym biologicznym i duchowym potrzebom. Pamiętać jednak trzeba o tym, że jest metafizyka dla nieuków i jest prawdziwa metafizyka dla dobrze poinformowanych. Ta pierwsza, a do niej należy koncepcja *intelligent design*, omija wiedzę łatwo dostępną i nieudolnie wyważa dawno już otwarte drzwi. Ta druga, prawdziwa metafizyka zaczyna się tam, gdzie kończą się obecne możliwości nauki. By do niej dojść, przejść trzeba przez pole stosownej dziedziny wiedzy aż po jego krawędź i wyrzeć poza nią. Innej drogi nie ma.