



ISSN 2299-0356

<http://www.nauka-a-religia.uz.zgora.pl/images/FAG/2018.t.15/art.02.pdf>

Filozoficzne Aspekty Genezy — 2018, t. 15

Philosophical Aspects of Origin s. 415-440

Sy Garte

Nowe idee w biologii ewolucyjnej: od NDMS do EES *

W ostatnich latach teoretyczna biologia ewolucyjna przeszła wiele zmian. Przez długi czas powszechnie akceptowano tradycyjny paradygmat ewolucjonistyczny, ale nowe dane i koncepcje z wielu dziedzin nauk biologicznych zaczęły podważać *status quo* teorii ewolucji. Nie ma wątpliwości, że ewolucja nastąpiła. Niemniej niektóre nowe idee mogą być interesujące dla chrześcijan, pragnących pogodzić wiarę w Stwórcę z akceptacją nauki o ewolucji.

Koncepcja ewolucji drogą doboru naturalnego, zaproponowana przez Karola Darwina, pozostaje najlepszym wyjaśnieniem różnorodności życia. Teoria Darwina dotyczyła naturalnej selekcji odmian biologicznych. Darwin prowadził staranne obserwacje i dzięki temu wiedział, że we wszystkich gatunkach istnieją odmiany, a selektywna hodowla może potęgować zmienność zwierząt i roślin. Nie miał jednak żadnej wiedzy ani o źródle takiej zmienności, ani o podstawie dziedziczenia szczególnych cech odmian. Klucz do zrozumienia źródła zmienności w procesie ewolucji dostarczył Gregor Mendel, który odkrył, że za odmienne fenotypy odpowiadają alternatywne allele.

SY GARTE, PH.D. — Rutgers University, e-mail: sygarte@gmail.com.

© Copyright by Sy Garte, *Perspectives on Science and Christian Faith*, Dariusz Sagan & *Filozoficzne Aspekty Genezy*.

* Sy GARTE, „New Ideas in Evolutionary Biology: From NDMS to EES”, *Perspectives on Science and Christian Faith* 2016, vol. 68, no. 1, s. 3-11, <https://www.asa3.org/ASA/PSCF/2016/PSCF3-16Garte.pdf> (21.08.2018). Za zgodą Autora i Redakcji z języka angielskiego przełożył: Dariusz SAGAN.

Synteza neodarwinowska

W połowie dwudziestego wieku, jeszcze przed poznaniem chemicznej natury genu, biologowie badali mutacje zachodzące w eksperymentalnych populacjach bakterii, aby znaleźć odpowiedzi na pytania o rolę celowości i przypadku w tworzeniu mutacji. Czy bakterie wykazują tendencję do mutowania tych konkretnych genów, które pomogą im przetrwać stres środowiskowy, taki jak głód lub narażenie na działanie toksycznych farmaceutyków, czy też po prostu generują losowe mutacje i następnie podlegają selekcji ze względu na stopień swojego dostosowania? Salvador Luria i Max Delbrück podjęli to pytanie w latach czterdziestych dwudziestego wieku, opracowując elegancki system zwany „testem fluktuacyjnym”.¹

Wyniki tych eksperymentów były jasne: mutacje są losowe, a powstałe w ten sposób allele podlegają selekcji ze względu na ich relatywne dostosowanie. Odkrycie to przyczyniło się do powstania „nowoczesnej syntezy” neodarwinowskiej (NDMS — *neo-Darwinian modern synthesis*). Zgodnie z tym ujęciem kluczową rolę w tworzeniu zmienności fenotypowej odgrywa genetyka molekularna, zaś celowość zastąpiono przypadkowym tworzeniem zmienności, stanowiącym pierwszy etap ewolucji. W trakcie kolejnych pięćdziesięciu lat prowadzono badania podstawowych mechanizmów biologii komórkowej i molekularnej. Dzięki uzyskanym wynikom potwierdzono i ogromnie poszerzono wiedzę o strukturze i funkcjonowaniu życia na poziomie genetycznym, w tym o szczególnym przebiegu zachodzenia mutacji w DNA.

W każdej dziedzinie nauki dobre teorie umożliwiają logiczne połączenie odrębnych fragmentów danych lub wiedzy w różnych dziedzinach tak, by utworzyły funkcjonalny i sensowny obraz. Tak było właśnie w przypadku NDMS, dzięki której zunifikowano paleontologię i biologię ewolucyjną z genetyką i biologią molekularną. Mocna strona NDMS, to jest jej prostota jako teorii unifikującej perspektywę ewolucyjną z genetyką, okazała się jednak również jej słabością. NDMS nie jest bowiem w stanie wyjaśnić pewnych najnowszych ustaleń na temat ogromnej złożoności sposobów funkcjonowania układów biologicznych na najgłębszym poziomie.

¹ Por. Salvador E. LURIA and Max DELBRÜCK, „Mutations of Bacteria from Virus Sensitivity to Virus Resistance”, *Genetics* 1943, vol. 28, no. 6, s. 491-511.

Problem z NDMS polega na tym, że zgodnie z nią losowe mutacje w DNA stanowią jedyny wyznacznik zmienności fenotypowej pośród osobników. Przez dziesiątki lat idea łańcucha przyczynowego, obejmującego powolne gromadzenie mutacji, zmienność fenotypową i dobór naturalny, wydawała się zbyt potężna, by mogła zostać podważona jako fundament teorii ewolucji.

Wszystkie teorie naukowe są jednak dynamiczne i podlegają nieustannym zmianom. Teorie formułowane w ramach biologii ewolucyjnej nie stanowią w tym względzie wyjątku. Teoria ewolucji ulega zmianom od kilkudziesięciu lat. Ostateczna akceptacja teorii dryfu neutralnego doprowadziła do zmodyfikowania idei, że pozytywne mutacje przystosowawcze są jedynymi siłami napędowymi zmian ewolucyjnych, a dotyczy to zwłaszcza obszaru genetyki populacyjnej.²

Od wielu lat dyskutowana jest, zaproponowana przez Stephena Jaya Goulda, teoria przerywanej równowagi, która początkowo była stanowczo odrzucana przez neodarwinistów. Zapis kopalny zdaje się ukazywać długie okresy (liczące setki milionów lat) bardzo małych zmian przerywanych niezwykle krótkimi „momentami” (w skali czasu geologicznego) eksplozji nowych form. Najlepiej znana jest eksplozja kambryjska, ale istnieją też liczne inne przykłady. Dane paleontologiczne wskazują na krótkie okresy radykalnych zmian, a naukowcy proponują nowe koncepcje mechanizmów molekularnych, mające wyjaśnić, jak to jest możliwe.

Zasugerowano, że NDMS w istocie wstrzymuje rozwój teorii ewolucji.³ Koncepcja samolubnego genu,⁴ stanowiąca podstawę dużej części współczesnego neodarwinizmu, została podważona przez odkrycie, że życie jest złożone już na poziomie komórki i genomu. Jak na blogu BioLogos napisał Denis Alexander:

² Por. Motoo KIMURA, „Preponderance of Synonymous Changes as Evidence for the Neutral Theory of Molecular Evolution”, *Nature* 1977, vol. 267, no. 5608, s. 275-276.

³ Por. Kevin N. LALAND, John ODLING-SMEE, Marcus W. FELDMAN, and Jeremy KENDAL, „Conceptual Barriers to Progress within Evolutionary Biology”, *Foundations of Science* 2009, vol. 14, no. 3, s. 195-216.

⁴ Por. Richard DAWKINS, **Samolubny gen**, przeł. Marek Skoneczny, *Na Ścieżkach Nauki*, Prószyński i S-ka, Warszawa 1996.

Koncepcja „samolubnego genu” miała swoje pięć minut sławy, ale obecnie zastąpił ją obraz subtelnie zestrojonego układu genomowego, w którym wszystkie rodzaje produktów genów współdziałają ze sobą za pośrednictwem zawilego kompleksu sieciowego, by tworzyć muzykę życia. Szeroki wachlarz sygnałów epigenetycznych włączających i wyłączających geny zapewnia stały przepływ dwukierunkowej komunikacji między genomem a środowiskami, w których się on znajduje.⁵

Istnieją liczne publikacje krytykujące NDMS z różnych punktów widzenia.⁶ Wielu biologów ewolucyjnych przyjmuje alternatywne mechanizmy zmienności. Wciąż istnieje jednak bardzo pewna siebie i aktywna w sferze publicznej grupa zatwardziały neodarwinistów, którzy — często raczej z powodów filozoficznych niż naukowych — odrzucają jakiegokolwiek odstępstwa od przyjętego dogmatu.

Rozszerzona synteza

Obecnie biologia ewolucyjna znajduje się więc w stanie niezwykłego zamiętu. W wielu dziedzinach cała masa danych, dotyczących między innymi ewolucyjnej biologii rozwoju i epigenetycznej kontroli funkcjonowania genomów, otworzyła drogę do reinterpretacji paradygmatu neodarwinowskiego. Aktualna sytuacja w biologii jest analogiczna do rewolucji w dwudziestowiecznej fizyce. Teoria względności i mechanika kwantowa nie zajęły miejsca fizyki newtonowskiej, lecz uzupełniły ją, pogłębiając naszą wiedzę. Darwin pozostaje Newtonem

⁵ Denis ALEXANDER, „Made in the Image of God: Human Values and Genomics”, *BioLogos* 15 January 2013, <https://biologos.org/blogs/archive/made-in-the-image-of-god-human-values-and-genomics> (23.08.2018).

⁶ Por. Mae-Wan HO and Peter T. SAUNDERS, „Beyond Neo-Darwinism — An Epigenetic Approach to Evolution”, *Journal of Theoretical Biology* 1979, vol. 78, no. 4, s. 573-591; Eugene V. KOONIN, „Towards a Postmodern Synthesis of Evolutionary Biology”, *Cell Cycle* 2009, vol. 8, no. 6, s. 799-800; Michael R. ROSE and Todd H. OAKLEY, „The New Biology: Beyond the Modern Synthesis”, *Biology Direct* 2007, vol. 2, no. 30; Denis NOBLE, „Neo-Darwinism, the Modern Synthesis and Selfish Genes: Are They of Use in Physiology?”, *The Journal of Physiology* 2011, vol. 589, no. 5, s. 1007-1015; Jonathan B. EDELMANN and Michael J. DENTON, „The Uniqueness of Biological Self-Organization: Challenging the Darwinian Paradigm”, *Biology and Philosophy* 2007, vol. 22, no. 4, s. 579-601; Stephen Jay GOULD, „Tempo and Mode in the Macroevolutionary Reconstruction of Darwinism”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States* 1994, vol. 91, s. 6764-6771; Denis NOBLE, „Central Tenets of Neo-Darwinism Broken: Response to «Neo-Darwinism Is Just Fine»”, *Journal of Experimental Biology* 2015, vol. 218, s. 2659.

biologii, a teoria ewolucji drogą doboru naturalnego nie przestanie pełnić roli podstawowej idei łączącej wszystkie dane biologiczne. Z drugiej strony transformację przechodzi wiedza o pierwszym stadium procesu ewolucji, to jest o mechanizmach rządzących dziedziczną zmiennością (o których Darwin się nie wypowiadał). Koncepcja, zgodnie z którą ewolucja jest wynikiem powolnego, nieustannego procesu kumulacji małych zmian genetycznych i fenotypowych, odchodzi w zapomnienie z powodu odkrycia szybkich i radykalnych zmian fenotypu, będących skutkiem działania różnych mechanizmów.

Ostatnio na łamach *Nature* miała miejsce dyskusja między tymi, którzy uważają, że konieczna jest nowa, rozszerzona synteza ewolucyjna (EES — *extended evolutionary synthesis*),⁷ a tymi, którzy utrzymują, że NDMS wyjaśnia wszystkie nowe dane biologiczne (i że nowe pojęcia teoretyczne nie są niezbędne). Towarzyszyły jej też komentarze uczestników obu stron sporu.⁸ Sześć lat wcześniej odbyło się spotkanie szesnastu naukowców ewolucjonistów, którzy zaczęli formułować idee wchodzące w zakres EES.⁹ Wiele koncepcji przedstawionych przez tę grupę dotyczy interakcji między genomami a środowiskiem. Główne z nich to idee tworzenia nisz i epigenetycznego dziedziczenia zmian. Dochodzą do tego również inne obszary, takie jak ewolucyjna biologia rozwoju. Chociaż nie stworzono jeszcze żadnej unifikującej ramy teoretycznej, jasne jest, że wielu naukowców chciałoby sformułować spójną EES, która obejmie odkrycia z licznych dziedzin.

Część czołowych badaczy usiłujących utworzyć nową syntezę ewolucyjną (w tym James Shapiro, Gerd Müller, Denis Noble, Eugene Koonin i Eva Jablonka) założyła stronę internetową o nazwie The Third Way [Trzecia droga], za pośrednictwem której rozpowszechniają swoje poglądy.¹⁰ Poniższy cytat pochodzi

⁷ Por. Massimo PIGLIUCCI, „Do We Need an Extended Evolutionary Synthesis?”, *Evolution* 2007, vol. 61, s. 2743-2749.

⁸ Por. Kevin N. LALAND *et al.*, „Does Evolutionary Theory Need a Rethink?: Researchers Are Divided Over What Processes Should Be Considered Fundamental”, *Nature* 2014, vol. 514, no. 7521, s. 161-164.

⁹ Por. John WHITFIELD, „Biological Theory: Postmodern Evolution?”, *Nature* 2008, vol. 455, s. 281-284.

¹⁰ Por. The Third Way: Evolution in the Era of Genomics and Epigenomics, <http://www.thirdwayofevolution.com/> (23.08.2018).

z opisu ich misji:

Znakomita większość ludzi wierzy, że istnieją tylko dwie alternatywne drogi wyjaśniania pochodzenia różnorodności biologicznej. Jedną z nich jest kreacjonizm, w którym nieodzowną rolę odgrywa interwencja boskiego Stwórcy. Jest to stanowisko ewidentnie nienaukowe, ponieważ do procesu ewolucji wprowadza arbitralną siłę nadnaturalną. Powszechnie akceptowaną alternatywę stanowi neodarwinizm, który bez wątpienia jest nauką naturalistyczną, lecz pozostaje ślepy na wiele współczesnych danych molekularnych i przyjmuje zbiór nieuzasadnionych założeń na temat przypadkowej natury dziedzicznej zmienności. Neodarwinizm ignoruje ważne, szybko zachodzące procesy ewolucyjne, takie jak symbiogeneza, horyzontalny transfer genów, działanie ruchomych elementów DNA i modyfikacje epigenetyczne. Ponadto, pomimo braku realnych podstaw empirycznych, niektórzy neodarwiniści uznali dobór naturalny za wyjątkową siłę stwórczą, dzięki której da się rozwiązać wszystkie trudne problemy ewolucyjne. Wielu dzisiejszych naukowców widzi potrzebę głębszej i pełniejszej eksploracji wszystkich aspektów procesu ewolucyjnego.

Powyższy fragment daje jasno do zrozumienia, że wielu naukowców jest gotowych na przyjęcie nowego teoretycznego ujęcia biologii ewolucyjnej w całej jej złożoności. Objasnia też, że cel tego ruchu w żadnym wypadku nie ma charakteru teistycznego, lecz jest nim rozwój naukowego ujęcia biologii ewolucyjnej.

Nowe źródła dziedzicznej zmienności

Jako ważne siły napędowe ewolucji proponowane są ekologiczne i fizjologiczne interakcje z aktywnym genomem. W ramach ekspansywnej i wyzwalającej postnowoczesnej syntezy do standardowego modelu mutacji punktowych dołączają symbioza i parazytyzm, duplikacje całych genomów,¹¹ utraty dużych

¹¹ Por. GuangJun ZHANG and Martin J. COHN, „Genome Duplication and the Origin of the Vertebrate Skeleton”, *Current Opinion in Genetics and Development* 2008, vol. 18, no. 4, s. 387-393; Paramvir DEHAL and Jeffrey L. BOORE, „Two Rounds of Whole Genome Duplication in the Ancestral Vertebrate”, *PLoS Biology* 2005, vol. 3, no. 10, E314; Andrew L. HUFTON *et al.*, „Early Vertebrate Whole Genome Duplications Were Predated by a Period of Intense Genome Rearrangement”, *Genome Research* 2008, vol. 18, no. 10, s. 1582-1591; Jeremy E. COATE and Jeff J. DOYLE, „Divergent Evolutionary Fates of Major Photosynthetic Gene Networks Following Gene and Whole Genome Duplications”, *Plant Signaling and Behavior* 2011, vol. 6, no. 4, s. 594-597; Olivier JAILLON *et al.*, „Genome Duplication in the Teleost Fish *Tetraodon Nigroviridis* Reveals the Early Vertebrate Proto-Karyotype”, *Nature* 2004, vol. 431, no. 7011, s. 946-957.

części genomów, horyzontalny transfer genów,¹² retrotranspozycja,¹³ zmiany epigenetyczne,¹⁴ wielkoskalowa reinyżeria genomu w odpowiedzi na bodźce środowiskowe¹⁵ oraz mutacje warunkowane środowiskowo.¹⁶ Nowe teoretyczne uzupełnienia biologii ewolucyjnej znajdują podstawę raczej w złożoności opisywanej przez biologię systemową niż w nazbyt uproszczonym ujęciu genetycznego determinizmu i genocentrycznej interpretacji funkcji komórkowych.

Jednym z typów zmian sekwencji DNA, które — jak wiemy — odgrywają zasadnicze role w powstawaniu mutacji, są duplikacje genów o różnym stopniu

¹² Por. U. Cecilia ALSMARK *et al.*, „Horizontal Gene Transfer in Eukaryotic Parasites: A Case Study of *Entamoeba histolytica* and *Trichomonas vaginalis*”, *Methods in Molecular Biology* 2009, vol. 532, s. 489-500; Jean-Luc DA LAGE, Georges FELLER, and Stefan JANECEK, „Horizontal Gene Transfer from Eukarya to Bacteria and Domain Shuffling: The Alpha-Amylase Model”, *Cellular and Molecular Life Sciences* 2004, vol. 61, no. 1, s. 97-109; Daniel J. JACKSON *et al.*, „A Horizontal Gene Transfer Supported the Evolution of an Early Metazoan Biomineralization Strategy”, *BMC Evolutionary Biology* 2011, vol. 11, s. 238-244; Luis BOTO, „Horizontal Gene Transfer in Evolution: Facts and Challenges”, *Proceedings of the Royal Society B* 2010, vol. 277, no. 1683, s. 819-827.

¹³ Por. Zhongge ZHANG and Milton H. SAIER, Jr., „Transposon-Mediated Adaptive and Directed Mutations and Their Potential Evolutionary Benefits”, *Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology* 2011, vol. 21, no. 1-2, s. 59-70; Richard CORDAUX and Mark A. BATZER, „The Impact of Retrotransposons on Human Genome Evolution”, *Nature Reviews Genetics* 2009, vol. 10, no. 10, s. 691-703; Evan A. FARKASH and Eline T. LUNING PRAK, „DNA Damage and L1 Retrotransposition”, *Journal of Biomedicine and Biotechnology* 2006, no. 1, 37285.

¹⁴ Por. HO and SAUNDERS, „Beyond Neo-Darwinism...”; Eva JABLONKA and Gal RAZ, „Transgenerational Epigenetic Inheritance: Prevalence, Mechanisms, and Implications for the Study of Heredity and Evolution”, *The Quarterly Review of Biology* 2009, vol. 84, no. 2, s. 131-176; Michael K. SKINNER, „Environmental Epigenetics and a Unified Theory of the Molecular Aspects of Evolution: A Neo-Lamarckian Concept That Facilitates Neo-Darwinian Evolution”, *Genome Biology and Evolution* 2015, vol. 7, no. 5, s. 1296-1302.

¹⁵ Por. James A. SHAPIRO, „A 21st Century View of Evolution: Genome System Architecture, Repetitive DNA, and Natural Genetic Engineering”, *Gene* 2005, vol. 345, s. 91-100; James A. SHAPIRO, „Revisiting the Central Dogma in the 21st Century”, *Annals of the New York Academy of Sciences* 2009, vol. 1178, s. 6-28; James A. SHAPIRO, „How Life Changes Itself: The Read-Write (RW) Genome”, *Physics of Life Reviews* 2013, vol. 10, no. 3, s. 287-323; Eugene V. KOONIN and Valerian V. DOLJA, „A Virocentric Perspective on the Evolution of Life”, *Current Opinion in Virology* 2013, vol. 3, no. 5, s. 546-557.

¹⁶ Por. John CAIRNS, Julie OVERBAUGH, and Stephan MILLER, „The Origin of Mutants”, *Nature* 1998, vol. 335, s. 142-145; Susan M. ROSENBERG, „Evolving Responsively: Adaptive Mutation”, *Nature Reviews Genetics* 2001, vol. 2, no. 7, s. 504-515; Patricia L. FOSTER, „Mechanisms of Stationary Phase Mutation: A Decade of Adaptive Mutation”, *Annual Review of Genetics* 1999, vol. 33, s. 57-88; Barbara E. WRIGHT, „Stress-Directed Adaptive Mutations and Evolution”, *Molecular*

nasilenia, począwszy od duplikacji pojedynczych genów, a skończywszy na duplikacjach całych genomów. Istnieją mocne świadectwa na to, że duplikacja całego genomu miała miejsce mniej więcej w czasie powstania kręgowców.¹⁷ Taka duplikacja nastąpiła też w dwóch różnych momentach w okresie między powstaniem strunowców i szczękowców. Duplikacja całych genomów (WGD — *whole genome duplication*) jest zdarzeniem niezwykle korzystnym (i rzadkim) w kategoriach ewolucyjnych, ponieważ w dużej mierze umożliwia wypróbowanie rozmaitych wariantów zmian w genomach organizmów bez zakłóceń ze strony doboru oczyszczającego lub równoważącego. WGD, dostarczając dodatkowej, nadmiarowej kopii każdego genu, pozwala na bardzo szybkie i radykalne skoki ewolucyjne, takie jak rozwój nowych struktur i funkcji, na przykład chrząstek i szkieletów kostnych. Dysponujemy danymi wskazującymi, że WGD wystąpiły u roślin kwiatowych,¹⁸ przy powstaniu ryb kostnoszkieletowych¹⁹ i prawdopodobnie przy wielu innych kluczowych przejściach ewolucyjnych.

Duplikacja genu zachodzi często za pomocą mechanizmu zwanego retrotranspozycją, w którym gen jest duplikowany w nowym miejscu wskutek działania elementów genetycznych nazywanych retrotranspozonami.²⁰ Liczba i lokalizacje tych elementów genetycznych znane są w genomach licznych gatunków. Ostatnio uzyskano świadectwa na to, że szybka ewolucja kariotypu u gibbonów spowodowana była insercją retrotranspozonu.²¹ Odkryto, że takie zdarzenia nastąpiły w trakcie ewolucji naczelnych, gdy wspólny przodek goryli, szympan-

Microbiology 2004, vol. 52, no. 3, s. 643-650; Milton H. SAIER, Jr., „Did Adaptive and Directed Mutation Evolve to Accelerate Stress-Induced Evolutionary Change?”, *Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology* 2011, vol. 21, no. 1-2, s. 5-7; ZHANG and SAIER, Jr., „Transposon-Mediated Adaptive and Directed Mutations...”; Susan M. ROSENBERG and Christine QUEITSCH, „Combating Evolution to Fight Disease”, *Science* 2014, vol. 343, no. 6175, s. 1088-1089.

¹⁷ Por. ZHANG and COHN, „Genome Duplication...”; DEHAL and BOORE, „Two Rounds of Whole Genome Duplication...”; HUFTON *et al.*, „Early Vertebrate...”.

¹⁸ Por. COATE and DOYLE, „Divergent Evolutionary Fates...”.

¹⁹ Por. JAILLON *et al.*, „Genome Duplication in the Teleost Fish...”.

²⁰ Por. ZHANG and SAIER, Jr., „Transposon-Mediated Adaptive and Directed Mutations...”; CORDAUX and BATZER, „The Impact of Retrotransposons...”; FARKASH and LUNING PRAK, „DNA Damage...”.

²¹ Por. Lucia CARBONE *et al.*, „Gibbon Genome and the Fast Karyotype Evolution of Small Apes”, *Nature* 2014, vol. 513, no. 7517, s. 195-201.

sów i ludzi oddzielił się od linii orangutanów.²² Amplifikacja genu prowadzi do wytworzenia wielu kopii jednego genu, które mogą następnie stymulować ewolucję w tym miejscu. Tasowanie egzonów oraz elementy powtarzalne odgrywają ważną rolę w duplikacji i tworzeniu nowych genów u much.²³

Innym mechanizmem szybkich wielkoskalowych zmian w genomie jest horyzontalny transfer genów, w którym jeden organizm przekazuje dużą część materiału genetycznego innemu organizmowi. Zjawisko to jest dobrze znane u bakterii. Okazuje się, że takie transfery genów zachodziły między prokariotami, takimi jak bakterie, a eukariotami, takimi jak pasożyty i gąbki.²⁴ Horyzontalny transfer genów może też wyjaśniać występowanie u bakterii zwierzęcopodobnej alfa-amylazy, wskazując, że pochodzi ona od zwierząt i roślin. Horyzontalny transfer genów z bakterii do eukariotów powiązано z powstaniem mineralizacji u gąbek, która doprowadziła ostatecznie do wykształcenia szkieletów u współczesnych zwierząt.

Naturalna inżynieria genetyczna

James Shapiro, opracowując model, który nazwał naturalną inżynierią genetyczną (NGE — *natural genetic engineering*), przez kilkadziesiąt lat gromadził liczne dane dotyczące zdolności komórek do dokonywania dużych zmian w genomie.²⁵ Zgodnie z jego poglądem komórka potrafi kontrolować genom w takim samym stopniu, w jakim genom kontroluje komórkę. Te źródła zmienności genetycznej, jeśli odnieść je do ewolucji, nie wpisują się w neodarwinowski model powolnych, progresywnych zmian. Są one bowiem szybkie, radykalne i obejmują wielkie zdarzenia molekularne, takie jak duplikacja całych genomów, transpozycja dużych fragmentów DNA prowadząca do masowej reinży-

²² Por. Jinchuan XING *et al.*, „Emergence of Primate Genes by Retrotransposon-Mediated Sequence Transduction”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States* 2006, vol. 103, no. 47, s. 17608-17613.

²³ Por. Shuang YANG *et al.*, „Repetitive Element-Mediated Recombination as a Mechanism for New Gene Origination in *Drosophila*”, *PLoS Genetics* 2008, vol. 4, s. 78-87.

²⁴ Por. ALSMARK *et al.*, „Horizontal Gene Transfer in Eukaryotic Parasites...”; DA LAGE, FELLER, and JANECEK, „Horizontal Gene Transfer...”; JACKSON *et al.*, „A Horizontal Gene Transfer...”; BOTO, „Horizontal Gene Transfer in Evolution...”.

²⁵ Por. SHAPIRO, „A 21st Century View of Evolution...”.

nierii białek oraz horyzontalny transfer regionów kodujących z plastydów, wirusów i innych organizmów.²⁶

Jednym z takich rewolucyjnych zdarzeń był ogromny krok ewolucyjny dokonany, gdy komórka pochłonęła bakterię, która przeżyła i mogła funkcjonować wewnątrz swojego gospodarza. W ten sposób powstały komórki eukariotyczne z mitochondriami. Nikt nie uważa, że zdarzenie to było powolnym, stopniowym procesem. Richard Dawkins uznał je za jednorazowy, niewiarygodnie szczęśliwy przypadek, niemalże równoważny powstaniu życia. (W istocie wydarzył się on co najmniej dwukrotnie, gdyż chloroplasty powstały, gdy bakterie zostały pochłonięte przez pradawną komórkę roślinną.)

Mutacje warunkowane środowiskowo

W roku 1988 w artykule autorstwa Johna Cairnsa i współpracowników wykazano, że bakterie mogą tworzyć korzystne mutacje specjalnie po to, by radzić sobie z silnym stresem środowiskowym.²⁷ W artykule tym w znacznym stopniu odstępiono od koncepcji „czysto losowych” mutacji. Te korzystne mutacje (nazywane teraz mutacjami warunkowanymi środowiskowo lub SDM [*stress-directed mutations*]) powstają do pięciu razy szybciej niż mutacje neutralne. Liczni badacze potwierdzili to zjawisko i odkryli różne wyjaśniające je mechanizmy molekularne.²⁸

Stres prowadzi do derepresji specyficznych genów pełniących funkcje powiązane z tym stresem. Biorący się stąd wyższy poziom transkrypcji tych genów umożliwia powstanie w strukturach pętlowych niesparowanych i odsłoniętych zasad, które są podatniejsze na mutacje. Kilku badaczy odkryło świadectwa na to, że za mutanty powstające wskutek SDM wśród głodujących bakterii od-

²⁶ Por. SHAPIRO, „How Life Changes Itself...”; KOONIN and DOLJA, „A Virocentric Perspective...”.

²⁷ Por. CAIRNS, OVERBAUGH, and MILLER, „The Origin of Mutants...”.

²⁸ Por. ROSENBERG, „Evolving Responsively...”; FOSTER, „Mechanisms of Stationary Phase Mutation...”; WRIGHT, „Stress-Directed Adaptive Mutations and Evolution...”; SAIER, Jr., „Did Adaptive and Directed Mutation Evolve...”; ZHANG and SAIER, Jr., „Transposon-Mediated Adaptive and Directed Mutations...”; ROSENBERG and QUEITSCH, „Combating Evolution to Fight Disease...”.

powiadają inne mechanizmy molekularne niż te wywołujące zwykle zdarzenia mutacyjne. Większość mutacji związanych z SDM występuje w genach, które uległy derepresji po raz pierwszy. Derepresja genów może prowadzić do superskręcania i znacznie szybszego tempa mutacji. Superskręcanie DNA podczas selektywnej transkrypcji genów stanowi jeden z głównych molekularnych prekursorów SDM u bakterii. Takie zmiany w superskręcaniu mogą być skutkiem rozmaitych stresorów środowiskowych, na przykład zmian w osmolarności, temperaturze czy anaerobiozie.

W poniższej wypowiedzi Susan Rosenberg wyraźnie umieszcza zjawisko SDM w kontekście postneodarwinowskich mechanizmów:

Długoletnie założenie losowej, stałej i stopniowej mutagenyzy zostało obalone, ponieważ zaobserwowano, że mutacje następują częściej, gdy komórki są źle przystosowane do swoich środowisk.²⁹

Ewolucyjna biologia rozwoju, regulacja genów

Ewolucyjna biologia rozwoju to dziedzina badań biologicznych, w ramach której w ciągu ostatniej dekady dokonano głębokich i ważnych odkryć.³⁰ Biologia rozwoju organizmu zawsze była bardziej zagadkowa niż biologia normalnego funkcjonowania komórek. Trudno było odpowiedzieć na pytania o to, w jaki sposób komórki ulegają zróżnicowaniu przed wykształceniem się wyspecjalizowanych narządów i jak dochodzi do tego u różnych gatunków. Wiedzę w tej dziedzinie w wielkim stopniu poszerzono dzięki niedawnym badaniom dotyczącym *Drosophila* i myszy. Idea, że mechanizmy ewolucyjne mogą być związane ze zdarzeniami następującymi w trakcie procesu rozwoju (o czym mówi ewolucyjna biologia rozwoju), umożliwiła olbrzymi postęp, którego konsekwencji teoretycznych nadal jeszcze w pełni nie znamy.³¹

²⁹ ROSENBERG and QUEITSCH, „Combating Evolution to Fight Disease...”, s. 1089.

³⁰ Por. Sean CARROLL, **Endless Forms Most Beautiful: The New Science of Evo Devo and the Making of the Animal Kingdom**, W.W. Norton & Company, New York 2005.

³¹ Por. Gerd B. MÜLLER, „Evo-Devo: Extending the Evolutionary Synthesis”, *Nature Reviews Genetics* 2007, vol. 8, s. 943-949.

Obecnie jest jasne, że za rozwój zwierząt odpowiadają specyficzne geny, które funkcjonują jako regulatory sieci innych genów.³² Wciąż badane są szczegóły tego złożonego mechanizmu, ale rozumiemy już pewne ogólne zasady. Po pierwsze, wiele genów biorących udział w procesie rozwoju cechuje znaczny stopień utrwalenia i mogą one funkcjonować u gatunków bardzo oddalonych od siebie pod względem filogenetycznym. Niektóre z tych genów — geny Hox — mają niezmiernie złożone sieci interakcji. W ramach tych sieci produkt jednego genu może potęgować lub hamować transkrypcję wielu innych genów, których część reguluje, z kolei, ekspresję kolejnych genów, tworząc kaskadę podobną do kaskad enzymów obserwowanych w przypadku czynności hormonalnych w komórkach.³³ Wyniki uzyskane w ramach projektu ENCODE,³⁴ pokazujące, że zjawisko transkrypcji niekodującego DNA jest znacznie częstsze niż oczekiwano, potwierdziły wyjątkową rolę regulacji ekspresji genów w wielu zjawiskach biologicznych, między innymi w tych, o których mówią biologia rozwoju i teoria ewolucji.

Okazuje się, że małe zmiany — zachodzące drogą mutacji lub w wyniku zmian warunków środowiskowych — w aktywności kilku kluczowych genów mogą mieć duży wpływ na plan budowy ciała organizmu. Jeżeli takie genetyczne lub epigenetyczne zmiany są dziedziczone, to w krótkim okresie możliwe są radykalne zmiany kształtu i struktury organizmów.

Sieci regulatorowe genów

Wiemy, że w procesie rozwoju udział biorą sieci genów regulowanych przez inne geny, które są, z kolei, regulowane przez sygnały środowiskowe i wewnętrzne. Prowadzone są intensywne i owocne badania sieci regulatorowych genów (GRN — *gene regulatory networks*) aktywnych w procesie rozwo-

³² Por. Siddhartha ROY and Tapas K. KUNDU, „Gene Regulatory Networks and Epigenetic Modifications in Cell Differentiation”, *IUBMB Life* 2014, vol. 66, no. 2, s. 100-109.

³³ Por. Joost M. WOLTERING, „From Lizard to Snake: Behind the Evolution of an Extreme Body Plan”, *Current Genomics* 2012, vol. 13, no. 4, s. 289-299; Siew Woh CHOO and Steven RUSSELL, „Genomic Approaches to Understanding Hox Gene Function”, *Advances in Genetics* 2011, vol. 76, s. 55-91.

³⁴ Por. Mark B. GERSTEIN *et al.*, „Architecture of the Human Regulatory Network Derived from ENCODE Data”, *Nature* 2012, vol. 489, no. 7414, s. 91-100.

ju. W przypadku niektórych organizmów, takich jak jeżowce (szkarłupnie), szczegółowo opisano ogromnie złożone sieci regulatorowe.³⁵ Na etapie przygotowań znajdują się podobne badania nad kręgowcami (kurami, rybami), a nawet ssakami (myszami).³⁶

Naukowcy specjalizujący się w dziedzinie ewolucyjnej biologii rozwoju postulują, że mutacje w pewnych genach mogą mieć radykalny wpływ na rozwój planów budowy ciała, umożliwiając szybkie zmiany w morfologii kończyn, wzorca segmentacji i tak dalej. Zjawiska plejotropii i epistazy są w stanie wyjaśnić, jak małe zmiany genetyczne mogą wyrzucić szeroki i radykalny wpływ na ewolucję fenotypów.

Z drugiej strony konsekwencją faktu, że sieci regulatorowe genów zostały dobrze utrwalone w długim okresie ewolucji, jest to, że istnieją silne ograniczenia kierunku ewolucji. Jest to zgodne ze zjawiskiem buforowania genów, dzięki któremu możliwa jest stabilność wzorców ekspresji genów i które można powiązać ze zjawiskiem ewolucyjnej konwergencji. Ten rodzaj redundancji kontroli genetycznej pozwala na zachowywanie genetycznej różnorodności i na szybkie zmiany, gdy wymuszają to czynniki środowiskowe.

Konwergencja

Stephen Jay Gould zasłynął stwierdzeniem, że gdyby przewinąć taśmę ewolucji biologicznej do tyłu i puścić ją od nowa, to rezultaty byłyby odmienne.

³⁵ Por. Veronica F. HINMAN and Alys Marie CHEATLE JARVELA, „Developmental Gene Regulatory Network Evolution: Insights from Comparative Studies in Echinoderms”, *Genesis* 2014, vol. 52, no. 3, s. 193-207; Veronica F. HINMAN, Kristen A. YANKURA, and Brenna S. McCAULEY, „Evolution of Gene Regulatory Network Architectures: Examples of Subcircuit Conservation and Plasticity Between Classes of Echinoderms”, *Biochimica et Biophysica Acta* 2009, vol. 1789, no. 4, s. 326-332; Charles A. ETTENSOHN, „Lessons from a Gene Regulatory Network: Echinoderm Skeletogenesis Provides Insights into Evolution, Plasticity and Morphogenesis”, *Development* 2009, vol. 136, s. 11-21.

³⁶ Por. Andrea STREIT *et al.*, „Experimental Approaches for Gene Regulatory Network Construction: The Chick as a Model System”, *Genesis* 2013, vol. 51, no. 5, s. 296-310; Shannon FISHER and Tamara FRANZ-ODENDAAL, „Evolution of the Bone Gene Regulatory Network”, *Current Opinion in Genetics and Development* 2012, vol. 22, no. 4, s. 390-397; Marco FERG *et al.*, „Gene Transcription in the Zebrafish Embryo: Regulators and Networks”, *Briefings in Functional Genomics* 2014, vol. 13, no. 2, s. 131-143.

Miał on na myśli olbrzymią rolę przypadkowości i losowości, którą dostrzegał w procesie ewolucji, zwłaszcza jeśli chodzi o mutacje. Gould prawdopodobnie jednak się mylił. Dobrze potwierdzonym zjawiskiem biologicznym jest ewolucyjna konwergencja, która stanowi podstawę dla bardzo odmiennej wizji kierunku ewolucji.³⁷ Wbrew poglądom niektórych neodarwinistów konwergencja wskazuje na to, że ewolucja może podążać w pewnych kierunkach. Niektóre powszechne cechy biologiczne, powstające w niespokrewnionych liniach organizmów, świadczą o tym, że takie cechy są nieuchronne, a za ich powstanie odpowiadają zdumiewająco podobne mechanizmy molekularne.³⁸ Z jednej strony konwergencja ukazuje ogromną moc doboru naturalnego, a z drugiej mówi nam coś również o źródłach i granicach zmienności.

Nie wszystkie zmiany morfologiczne mają pochodzenie czysto genetyczne. Na przykład kolce na muszlach mięczaków okazują się dość przewidywalne, gdy rozpatruje się je z perspektywy zasad biomechanicznych. Chociaż kolce mogą zapewniać tym stworzeniom przewagę selekcyjną, to niedawne badania wykazały, że powstają one nie wskutek specjalnej mutacji, lecz w rezultacie biodynamiki przyrostu materiału mineralnego, z którego zrobiona jest muszla.³⁹

Skrzydła, oczy, płetwy, inteligencja, echolokacja i muszle to tylko niektóre cechy biologiczne, które najwyraźniej powstaną nieuchronnie po przestawieniu zegara ewolucji wstecz. Każda z tych cech wyewoluowała niezależnie i wielokrotnie. Fakt, że skrzydła ptaków, nietoperzy i owadów mają wiele wspólnych cech, wskazuje na to, że cechy te mogą być optymalne do latania, zaś alterna-

³⁷ Por. Andrew R. GEHRKE *et al.*, „Deep Conservation of Wrist and Digit Enhancers in Fish”, *Proceedings of the National Academy of Sciences in the United States* 2015, vol. 112, no. 3, s. 803-808; Nicolás FRANKEL, Shu WANG, and David L. STERN, „Conserved Regulatory Architecture Underlies Parallel Genetic Changes and Convergent Phenotypic Evolution”, *Proceedings of the National Academy of Sciences in the United States* 2012, vol. 109, no. 51, s. 20975-20779; Joe PARKER *et al.*, „Genome-Wide Signatures of Convergent Evolution in Echolocating Mammals”, *Nature* 2013, vol. 502, no. 7470, s. 228-231; Jason R. GALLANT *et al.*, „Genomic Basis for the Convergent Evolution of Electric Organs”, *Science* 2014, vol. 344, no. 6191, s. 1522-1525.

³⁸ Por. Martina BRADIC, Henrique TEOTÓNIO, and Richard BOROWSKY, „The Population Genomics of Repeated Evolution in the Blind Cavefish *Astyanax mexicanus*”, *Molecular Biology and Evolution* 2013, vol. 30, no. 11, s. 2383-2400.

³⁹ Por. Régis CHIRAT *et al.*, „Mechanical Basis of Morphogenesis and Convergent Evolution of Spiny Seashells”, *Proceedings of the National Academy of Sciences in the United States* 2013, vol. 110, no. 15, s. 6015-6020.

tywne struktury były po prostu eliminowane. Jest to po części prawda, nie możemy jednak ignorować „narzędziowego” (*tool kit*) paradygmatu ewolucji.⁴⁰ W wyniku ewolucji nie może powstać cokolwiek lub wszystko: jeśli czegoś nie ma w zestawie narzędzi, to się to nie pojawia.

Jednym ze skutków złożoności sposobu, w jaki mutacje wpływają na fenotyp, może być wysoki stopień ograniczenia dróg ewolucyjnych, przez co obserwujemy ewolucyjną konwergencję. Homologiczność genów Hox w okresie setek milionów lat ewolucji — i to między bardzo rozbieżnymi liniami filogenetycznymi⁴¹ — wskazuje na zdumiewający stopień stabilności sekwencji i zachowanie funkcji. Skutkiem zachowania funkcji i struktury genetycznej jest poważne ograniczenie stopni wolności dostępnej organizmom w kształtowaniu planów budowy ciała i programów rozwojowych. Takie ograniczenia niosą głębokie następstwa dla idei ukierunkowania ewolucji, a nawet dla teleologii.

Tworzenie nisz

Jednym z najbardziej interesujących obszarów stanowiących część EES są badania dwukierunkowych interakcji między organizmami a ich środowiskiem. Bobry budują tamy, korale tworzą wyspy i istnieje jeszcze wiele innych przykładów tego, co nazwano „tworzeniem nisz”. Według F. Johna Odlinga-Smee i współautorów⁴² tworzenie nisz (NC — *niche construction*) to „proces, w którym organizmy, za sprawą swojego metabolizmu, aktywności i wyborów, przekształcają własne nisze lub nisze innych organizmów”. Guano ptaków morskich

⁴⁰ Por. Alex DE MENDOZA *et al.*, „Transcription Factor Evolution in Eukaryotes and the Assembly of the Regulatory Toolkit in Multicellular Lineages”, *Proceedings of the National Academy of Sciences in the United States* 2013, vol. 110, no. 50, E4858-E4866; Andreas WAGNER, **Arrival of the Fittest: Solving Evolution’s Greatest Puzzle**, Penguin Random House, New York 2014.

⁴¹ Por. Ignacio MAESO *et al.*, „Deep Conservation of Cis-Regulatory Elements in Metazoans”, *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 2013, vol. 368, no. 1632, doi:1098/rstb.2013.0020.

⁴² Por. F. John ODLING-SMEE, Kevin N. LALAND, and Marcus W. FELDMAN, **Niche Construction: The Neglected Process in Evolution**, Princeton University Press, Princeton, New Jersey 2003.

tworzy obszary trawiaste,⁴³ a ślimaki wpływają na jakość gleby.⁴⁴ Według teoretyków NC każda ogólna teoria ewolucji powinna uwzględniać koewolucję organizmów i środowisk. Proces ten jest nielosowy, kierowany i zupełnie różny od wpływu losowej zmienności środowiskowej na dobór naturalny.

Modelowanie dynamiki genetyki populacyjnej powiązanej z NC daje rezultaty niezgodne ze standardową wizją procesów losowych w interakcjach między genami a środowiskiem, w której przyczyna i skutek są odwrócone.⁴⁵ Przykładem dotyczącym ewolucji człowieka jest rozpowszechnienie tolerancji laktozy u osób dorosłych. Zmiana kulturowa w środowisku człowieka, związana z powstaniem gospodarstw mlecznych, doprowadziła do selekcyjnej przewagi alleli tolerancji laktozy.⁴⁶ Obecne modele współczesnej ewolucji człowieka są w dużym stopniu zależne od teorii tworzenia nisz.⁴⁷ Kładąc nacisk na nielosowe, celowe zmiany, powodowane przez organizmy w ich środowiskach (które następnie wywierają selekcyjny wpływ na te lub inne organizmy), NC stanowi w ramach EES jedno ze skrajniejszych odstępstw od neodarwinizmu.

Filozofie ewolucji

Jednym z produktów ubocznych NDMS i związanego z nią przekonania o decydującej roli genów w kontrolowaniu całego życia jest filozoficzny pogląd zwany determinizmem genetycznym. Czasem nazywa się go genocentrycznym ujęciem biologii (lub też ujęciem „samolubnego genu”). Filozofowie, specjaliści

⁴³ Por. Donald A. CROLL *et al.*, „Introduced Predators Transform Subarctic Islands from Grassland to Tundra”, *Science* 2005, vol. 307, no. 5717, s. 1959-1961.

⁴⁴ Por. Clive G. JONES, John H. LAWTON, and Moshe SHACHAK, „Positive and Negative Effects of Organisms as Physical Ecosystem Engineers”, *Ecology* 1997, vol. 78, no. 7, s. 1946-1957.

⁴⁵ Por. Kevin N. LALAND, F. John ODLING-SMEE, William HOPPITT, and Tobias ULLER, „More on How and Why: Cause and Effect in Biology Revisited”, *Biology and Philosophy* 2013, vol. 28, no. 5, s. 719-745.

⁴⁶ Por. Kenichi AOKI, „A Stochastic Model of Gene-Culture Coevolution Suggested by the «Culture Historical Hypothesis» for the Evolution of Adult Lactose Absorption in Humans”, *Proceedings of the National Academy of Sciences in the United States* 1986, vol. 83, no. 9, s. 2929-2933.

⁴⁷ Por. Kim HILL, Michael BARTON, and A. Magdalena HURTADO, „The Emergence of Human Uniqueness: Characters Underlying Behavioral Modernity”, *Evolutionary Anthropology* 2009, vol. 18, no. 5, s. 187-200.

w zakresie nauk społecznych i teologowie już od dłuższego czasu dostrzegają kontrowersyjność tego rodzaju determinizmu.

Fizyka odeszła od czystego materialistycznego determinizmu już w latach dwudziestych dwudziestego wieku, ale biologia podąża za nią powolnie. Wydaje się jasne, że również EES, ujęcie biologiczne uwzględniające niezmiernie złożony zespół interakcji i dwustronne cechy kontrolne, bardziej zgodna jest z ideą otwartego, niedeterministycznego mechanizmu ewolucji biologicznej niż z geocentrycznym, mutacyjnym modelem NDMS. Możliwe więc, że dzięki EES ewolucjoniści po raz pierwszy zaczną postrzegać mechanizmy zmiany i innowacji u istot żywych w bardziej elastyczny sposób.

Nie odnotowałem do tej pory wielu odniesień do EES wśród filozofów lub teologów. Przewiduję, że gdy implikacje takiej otwartej i mającej szerokie podstawy teorii staną się lepiej znane, EES prawdopodobnie przyciągnie uwagę teologów chrześcijańskich, zwłaszcza zwolenników teistycznego ewolucjonizmu i ewolucyjnego kreacjonizmu.

Szczególnie interesujący dla wielu chrześcijan jest pogląd, że darwinowska ewolucja drogą doboru naturalnego opiera się, przynajmniej częściowo, na losowym procesie mutacji. Mimo iż można posłużyć się mocnym argumentem, że dobór naturalny stanowi całkowicie nielosowy aspekt ewolucji, nie wszyscy chrześcijanie uznają ten argument za przekonujący na tyle, by postrzegać ewolucję jako proces nielosowy. Model EES koncentruje się na skrajnych zjawiskach środowiskowych i złożonych interakcjach organizmów z ich środowiskami i genomami. Z tego względu łatwiej pogodzić go z koncepcją, że życie na Ziemi nie zostało ukształtowane wyłącznie przez procesy przypadkowe, niż z neodarwinowskim modelem losowych mutacji prowadzących do powolnej kumulacji maleńkich zmian.

W książce **O powstawaniu gatunków** Darwin wielokrotnie zwracał uwagę na różnicę między doбором sztucznym, w którym ludzie świadomie i celowo tworzą szczególne rodzaje udoskonaleń u zbóż czy zwierząt hodowlanych, a analogiczną sytuacją w przyrodzie, w której żadne takie świadome działanie nie jest potrzebne.⁴⁸ Stąd wzięła się koncepcja, że ewolucja jest niekierowana

⁴⁸ Por. Karol DARWIN, **O powstawaniu gatunków drogą doboru naturalnego, czyli o utrzymaniu się doskonalszych ras w walce o byt**, tekst polski na podstawie przekładu Szymona Dick-

i nie służy żadnemu szczególnemu celowi.

Jednakże idea, że źródło zmienności u osobników danego gatunku ma charakter losowy i w żaden sposób nie kierowany, nie pochodzi od Darwina. **W O powstawaniu gatunków** stwierdził on:

Dotychczas wypowiadałem się niekiedy w ten sposób, jakby zmiany [...] zawdzięczały powstanie jedynie przypadkowi. Jest to oczywiście sformułowanie zdecydowanie niewłaściwe, ale służy ono do wykazania naszej nieznajomości przyczyn poszczególnych zmian.⁴⁹

Cytat ten wskazuje, że Darwin po prostu nie miał na ten temat żadnej wiedzy. Co ważniejsze, rozróżnienie między przypadkiem a celowością naprawdę nie nosło żadnych bezpośrednich następstw dla ogólnej teorii.

Dotychczasowe ustalenia stanowią wystarczającą podstawę do odrzucenia koncepcji, że wszystkie zmiany w genomie zawsze tworzone są przez procesy czysto losowe, niezależne od warunków zewnętrznych. Roli przypadkowości i losowości nigdy nie da się wyeliminować z żadnej teorii biologicznej, ani też nie powinno się tego robić. Jednak nowa, rozszerzona teoria ewolucji, w przeciwieństwie do syntezy neodarwinowskiej, nie traktuje przypadku jako jedynej siły napędowej zmienności ewolucyjnej.

Problem losowości lub przypadku jest ściśle związany z jednym z najistotniejszych pytań w biologii: czy ewolucja ma cel lub kierunek? Wraz z nastaniem NDMS idea, że ewolucja jest pozbawiona celu, została wprowadzona do teorii biologicznej. Ewulucjonizm stał się teorią, która w żadnym stopniu ani nie wymaga, ani nie uznaje celowości lub projektu.

Teolog i naukowiec Alister McGrath zauważył, że „niektórzy argumentowali, iż z syntezą ewolucyjną nierozzerwalnie związane jest odrzucenie każdej formy teleologii”.⁵⁰ McGrath cytuje Ernsta Mayra, który przekonywał, że nie należy stosować argumentów teleologicznych w biologii, ponieważ grozi to wymu-

steina i Józefa Nusbauma opracowały Joanna Popiołek i Małgorzata Yamazaki, Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa 2009.

⁴⁹ DARWIN, **O powstawaniu gatunków...**, s. 125.

⁵⁰ Alister McGRATH, **Darwinism and the Divine: Evolutionary Thought and Natural Theology**, Wiley-Blackwell, Oxford 2011, s. 190.

szoną akceptacją doktryn teologicznych lub metafizycznych w obiektywnej nauce. Podczas gdy współczesna nauka na ogół nie dopuszcza argumentów teleologicznych, kwestia, czy w procesie ewolucji widoczne są świadectwa jakiegokolwiek rodzaju teleologii, nadal pozostaje otwarta. McGrath pyta: „Co by jednak było, gdyby okazało się, że jakiś rodzaj teleologii jest dostrzegalny w procesie ewolucji, nie zaś nań narzucany? Co by się stało, gdyby ewolucyjna teleologia okazała się koncepcją *a posteriori*, a nie *a priori*?”⁵¹

Wraz z pojawieniem się EES i innych alternatyw dla modelu NDMS zaczęliśmy dysponować coraz większą liczbą świadectw na to, że nie można wykluczyć istnienia wewnętrznej teleologii (teleonomii) w ewolucji. Praca Simona Conwaya Morrisa dotycząca konwergencji, a także jego argumentacja, że ewolucja podąża w istocie dość wąskimi ścieżkami, które są ograniczone wymogami biologicznymi, jeszcze bardziej przemawiają za potrzebą ponownej analizy tego problemu.⁵² Inni, jak Francisco Ayala, dostrzegli świadectwa teleologii w samej naturze zmiany adaptacyjnej.⁵³

McGrath i Mayr, jak również Ayala, postrzegają celowość jako element doboru naturalnego i biologii jako takiej. Według McGratha:

Mechanizmy teleologiczne w organizmach żywych są więc biologicznymi adaptacjami, które powstały na skutek procesu doboru naturalnego. Takie teleologiczne wyjaśnienia można uważać za zarówno właściwe, jak i nieuchronne w biologii.⁵⁴

W sposobie zachowania istot żywych ewidentnie widoczne jest coś w rodzaju celowości, a teraz możemy dostrzegać pewne odzwierciedlenie tej celowości w niektórych nowo odkrytych mechanizmach zmienności biologicznej. Celowość pozostaje celowością niezależnie od tego, czy pochodzi z genomu *E. coli*, chromosomów strunowców, umysłów ludzi czy ręki Boga. Nowe, formułowane w ramach EES, alternatywy względem neodarwinizmu nie mają charakteru te-

⁵¹ McGRATH, *Darwinism and the Divine...*, s. 190.

⁵² Por. SIMON CONWAY MORRIS, *Life's Solution: Inevitable Humans in a Lonely Universe*, Cambridge University Press, New York 2008.

⁵³ Por. FRANCISCO J. AYALA, „Teleological Explanations in Evolutionary Biology”, *Philosophy of Science* 1970, vol. 37, no. 1, s. 1-15.

⁵⁴ McGRATH, *Darwinism and the Divine...*, s. 191.

istycznego. Jeśli jednak w teorii ewolucji uwzględnimy się fundamentalną złożoność układów biologicznych, to jest bardzo prawdopodobne, że dzięki temu dostrzeżemy oznaki majestatyczności boskiego stworzenia, obejmującego także różnorodność życia na Ziemi.⁵⁵

Podziękowania

Niniejsza praca została wsparta grantem #57657 przyznany przez Fundację Johna Templetona. Autor dziękuje Aniko Albert za znakomitą pomoc redakcyjną oraz trzem anonimowym recenzentom czasopisma *Perspectives on Science and Christian Faith* za cenne komentarze.



Sy Garte

Bibliografia

ALEXANDER Denis, „Made in the Image of God: Human Values and Genomics”, *BioLogos* 15 January 2013, <https://biologos.org/blogs/archive/made-in-the-image-of-god-human-values-and-genomics> (23.08.2018).

ALSMARK U. Cecilia *et al.*, „Horizontal Gene Transfer in Eukaryotic Parasites: A Case Study of *Entamoeba histolytica* and *Trichomonas vaginalis*”, *Methods in Molecular Biology* 2009, vol. 532, s. 489-500.

AOKI Kenichi, „A Stochastic Model of Gene-Culture Coevolution Suggested by the «Culture Historical Hypothesis» for the Evolution of Adult Lactose Absorption in Humans”, *Proceedings of the National Academy of Sciences in the United States* 1986, vol. 83, no. 9, s. 2929-2933.

AYALA Francisco J., „Teleological Explanations in Evolutionary Biology”, *Philosophy of Science* 1970, vol. 37, no. 1, s. 1-15.

BOTO Luis, „Horizontal Gene Transfer in Evolution: Facts and Challenges”, *Proceedings of the Royal Society B* 2010, vol. 277, no. 1683, s. 819-827.

BRADIC Martina, TEOTÓNIO Henrique, and BOROWSKY Richard, „The Population Genomics of Repeated Evolution in the Blind Cavefish *Astyanax mexicanus*”, *Molecular Biology and Evolution* 2013, vol. 30, no. 11, s. 2383-2400.

⁵⁵ Por. Keith B. MILLER (ed.), **Perspectives on an Evolving Creation**, William B. Eerdmans, Grand Rapids, Michigan 2003.

CAIRNS John, OVERBAUGH Julie, and MILLER Stephan, „The Origin of Mutants”, *Nature* 1998, vol. 335, s. 142-145.

CARBONE Lucia *et al.*, „Gibbon Genome and the Fast Karyotype Evolution of Small Apes”, *Nature* 2014, vol. 513, no. 7517, s. 195-201.

CARROLL Sean, **Endless Forms Most Beautiful: The New Science of Evo Devo and the Making of the Animal Kingdom**, W.W. Norton & Company, New York 2005.

CHIRAT Régis *et al.*, „Mechanical Basis of Morphogenesis and Convergent Evolution of Spiny Seashells”, *Proceedings of the National Academy of Sciences in the United States* 2013, vol. 110, no. 15, s. 6015-6020.

CHOO Siew Woh and RUSSELL Steven, „Genomic Approaches to Understanding Hox Gene Function”, *Advances in Genetics* 2011, vol. 76, s. 55-91.

COATE Jeremy E. and DOYLE Jeff J., „Divergent Evolutionary Fates of Major Photosynthetic Gene Networks Following Gene and Whole Genome Duplications”, *Plant Signaling and Behavior* 2011, vol. 6, no. 4, s. 594-597.

CONWAY MORRIS Simon, **Life's Solution: Inevitable Humans in a Lonely Universe**, Cambridge University Press, New York 2008.

CORDAUX Richard and BATZER Mark A., „The Impact of Retrotransposons on Human Genome Evolution”, *Nature Reviews Genetics* 2009, vol. 10, no. 10, s. 691-703.

CROLL Donald A. *et al.*, „Introduced Predators Transform Subarctic Islands from Grassland to Tundra”, *Science* 2005, vol. 307, no. 5717, s. 1959-1961.

DA LAGE Jean-Luc, FELLER Georges, and JANECEK Stefan, „Horizontal Gene Transfer from Eukarya to Bacteria and Domain Shuffling: The Alpha-Amylase Model”, *Cellular and Molecular Life Sciences* 2004, vol. 61, no. 1, s. 97-109.

DARWIN KAROL, **O powstawaniu gatunków drogą doboru naturalnego, czyli o utrzymaniu się doskonalszych ras w walce o byt**, tekst polski na podstawie przekładu Szymona Dicksteina i Józefa Nusbauma opracowały Joanna Popiołek i Małgorzata Yamazaki, Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa 2009.

DAWKINS Richard, **Samolubny gen**, przeł. Marek Skoneczny, *Na Ścieżkach Nauki*, Prószyński i S-ka, Warszawa 1996.

DEHAL Paramvir and BOORE Jeffrey L., „Two Rounds of Whole Genome Duplication in the Ancestral Vertebrate”, *PLoS Biology* 2005, vol. 3, no. 10, E314.

DE MENDOZA Alex *et al.*, „Transcription Factor Evolution in Eukaryotes and the Assembly of the Regulatory Toolkit in Multicellular Lineages”, *Proceedings of the National Academy of Sciences in the United States* 2013, vol. 110, no. 50, E4858-E4866.

EDELMANN Jonathan B. and DENTON Michael J., „The Uniqueness of Biological Self-Organization: Challenging the Darwinian Paradigm”, *Biology and Philosophy* 2007, vol. 22, no. 4, s. 579-601.

ETTENSCHN Charles A., „Lessons from a Gene Regulatory Network: Echinoderm Skeletogenesis Provides Insights into Evolution, Plasticity and Morphogenesis”, *Development* 2009, vol. 136, s. 11-21.

FARKASH EVAN A. and LUNING PRAK Eline T., „DNA Damage and L1 Retrotransposition”, *Journal of Biomedicine and Biotechnology* 2006, no. 1, 37285.

FERG Marco *et al.*, „Gene Transcription in the Zebrafish Embryo: Regulators and Networks”, *Briefings in Functional Genomics* 2014, vol. 13, no. 2, s. 131-143.

FISHER Shannon and FRANZ-ODENDAAL Tamara, „Evolution of the Bone Gene Regulatory Network”, *Current Opinion in Genetics and Development* 2012, vol. 22, no. 4, s. 390-397.

FOSTER Patricia L., „Mechanisms of Stationary Phase Mutation: A Decade of Adaptive Mutation”, *Annual Review of Genetics* 1999, vol. 33, s. 57-88.

FRANKEL Nicolás, WANG Shu, and STERN David L., „Conserved Regulatory Architecture Underlies Parallel Genetic Changes and Convergent Phenotypic Evolution”, *Proceedings of the National Academy of Sciences in the United States* 2012, vol. 109, no. 51, s. 20975-20779.

GALLANT Jason R. *et al.*, „Genomic Basis for the Convergent Evolution of Electric Organs”, *Science* 2014, vol. 344, no. 6191, s. 1522-1525.

GEHRKE Andrew R. *et al.*, „Deep Conservation of Wrist and Digit Enhancers in Fish”, *Proceedings of the National Academy of Sciences in the United States* 2015, vol. 112, no. 3, s. 803-808.

GERSTEIN Mark B. *et al.*, „Architecture of the Human Regulatory Network Derived from ENCODE Data”, *Nature* 2012, vol. 489, no. 7414, s. 91-100.

GOULD Stephen Jay, „Tempo and Mode in the Macroevolutionary Reconstruction of Darwinism”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States* 1994, vol. 91, s. 6764-6771.

HILL Kim, BARTON Michael, and HURTADO A. Magdalena, „The Emergence of Human Uniqueness: Characters Underlying Behavioral Modernity”, *Evolutionary Anthropology* 2009, vol. 18, no. 5, s. 187-200.

HINMAN Veronica F. and CHEATLE JARVELA Alys Marie, „Developmental Gene Regulatory Network Evolution: Insights from Comparative Studies in Echinoderms”, *Genesis* 2014, vol. 52, no. 3, s. 193-207.

HINMAN Veronica F., YANKURA Kristen A., and McCAULEY Brenna S., „Evolution of Gene Regulatory Network Architectures: Examples of Subcircuit Conservation and Plasticity Be-

tween Classes of Echinoderms”, *Biochimica et Biophysica Acta* 2009, vol. 1789, no. 4, s. 326-332.

HO Mae-Wan and SAUNDERS Peter T., „Beyond Neo-Darwinism — An Epigenetic Approach to Evolution”, *Journal of Theoretical Biology* 1979, vol. 78, no. 4, s. 573-591.

HUFTON Andrew L. *et al.*, „Early Vertebrate Whole Genome Duplications Were Predated by a Period of Intense Genome Rearrangement”, *Genome Research* 2008, vol. 18, no. 10, s. 1582-1591.

JABLONKA Eva and RAZ Gal, „Transgenerational Epigenetic Inheritance: Prevalence, Mechanisms, and Implications for the Study of Heredity and Evolution”, *The Quarterly Review of Biology* 2009, vol. 84, no. 2, s. 131-176.

JACKSON Daniel J. *et al.*, „A Horizontal Gene Transfer Supported the Evolution of an Early Metazoan Biomineralization Strategy”, *BMC Evolutionary Biology* 2011, vol. 11, s. 238-244.

JAILLON Olivier *et al.*, „Genome Duplication in the Teleost Fish *Tetraodon Nigroviridis* Reveals the Early Vertebrate Proto-Karyotype”, *Nature* 2004, vol. 431, no. 7011, s. 946-957.

JONES Clive G., LAWTON John H., and SHACHAK Moshe, „Positive and Negative Effects of Organisms as Physical Ecosystem Engineers”, *Ecology* 1997, vol. 78, no. 7, s. 1946-1957.

KIMURA Motoo, „Preponderance of Synonymous Changes as Evidence for the Neutral Theory of Molecular Evolution”, *Nature* 1977, vol. 267, no. 5608, s. 275-276.

KOONIN Eugene V., „Towards a Postmodern Synthesis of Evolutionary Biology”, *Cell Cycle* 2009, vol. 8, no. 6, s. 799-800.

KOONIN Eugene V. and DOLJA Valerian V., „A Virocentric Perspective on the Evolution of Life”, *Current Opinion in Virology* 2013, vol. 3, no. 5, s. 546-557.

LALAND Kevin N. *et al.*, „Does Evolutionary Theory Need a Rethink?: Researchers Are Divided Over What Processes Should Be Considered Fundamental”, *Nature* 2014, vol. 514, no. 7521, s. 161-164.

LALAND Kevin N., ODLING-SMEE F. John, FELDMAN Marcus W., and KENDAL Jeremy, „Conceptual Barriers to Progress within Evolutionary Biology”, *Foundations of Science* 2009, vol. 14, no. 3, s. 195-216.

LALAND Kevin N., ODLING-SMEE F. John, HOPPITT William, and ULLER Tobias, „More on How and Why: Cause and Effect in Biology Revisited”, *Biology and Philosophy* 2013, vol. 28, no. 5, s. 719-745.

LURIA Salvador E. and DELBRÜCK Max, „Mutations of Bacteria from Virus Sensitivity to Virus Resistance”, *Genetics* 1943, vol. 28, no. 6, s. 491-511.

MAESO Ignacio *et al.*, „Deep Conservation of Cis-Regulatory Elements in Metazoans”, *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 2013, vol. 368, no. 1632, doi:1098/rstb.2013.0020.

McGRATH Alister, **Darwinism and the Divine: Evolutionary Thought and Natural Theology**, Wiley-Blackwell, Oxford 2011.

MILLER Keith B. (ed.), **Perspectives on an Evolving Creation**, William B. Eerdmans, Grand Rapids, Michigan 2003.

MÜLLER Gerd B., „Evo-Devo: Extending the Evolutionary Synthesis”, *Nature Reviews Genetics* 2007, vol. 8, s. 943-949.

NOBLE Denis, „Central Tenets of Neo-Darwinism Broken: Response to «Neo-Darwinism Is Just Fine»”, *Journal of Experimental Biology* 2015, vol. 218, s. 2659.

NOBLE Denis, „Neo-Darwinism, the Modern Synthesis and Selfish Genes: Are They of Use in Physiology?”, *The Journal of Physiology* 2011, vol. 589, no. 5, s. 1007-1015.

ODLING-SMEE F. John, LALAND Kevin N., and FELDMAN Marcus W., **Niche Construction: The Neglected Process in Evolution**, Princeton University Press, Princeton, New Jersey 2003.

PARKER Joe *et al.*, „Genome-Wide Signatures of Convergent Evolution in Echolocating Mammals”, *Nature* 2013, vol. 502, no. 7470, s. 228-231.

PIGLIUCCI Massimo, „Do We Need an Extended Evolutionary Synthesis?”, *Evolution* 2007, vol. 61, s. 2743-2749.

ROSE Michael R. and OAKLEY Todd H., „The New Biology: Beyond the Modern Synthesis”, *Biology Direct* 2007, vol. 2, no. 30.

ROSENBERG Susan M., „Evolving Responsively: Adaptive Mutation”, *Nature Reviews Genetics* 2001, vol. 2, no. 7, s. 504-515.

ROSENBERG Susan M. and QUEITSCH Christine, „Combating Evolution to Fight Disease”, *Science* 2014, vol. 343, no. 6175, s. 1088-1089.

ROY Siddhartha and KUNDU Tapas K., „Gene Regulatory Networks and Epigenetic Modifications in Cell Differentiation”, *IUBMB Life* 2014, vol. 66, no. 2, s. 100-109.

SAIER Milton H., Jr., „Did Adaptive and Directed Mutation Evolve to Accelerate Stress-Induced Evolutionary Change?”, *Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology* 2011, vol. 21, no. 1-2, s. 5-7.

SHAPIRO James A., „A 21st Century View of Evolution: Genome System Architecture, Repetitive DNA, and Natural Genetic Engineering”, *Gene* 2005, vol. 345, s. 91-100.

SHAPIRO James A., „How Life Changes Itself: The Read-Write (RW) Genome”, *Physics of Life Reviews* 2013, vol. 10, no. 3, s. 287-323.

SHAPIRO James A., „Revisiting the Central Dogma in the 21st Century”, *Annals of the New York Academy of Sciences* 2009, vol. 1178, s. 6-28.

SKINNER Michael K., „Environmental Epigenetics and a Unified Theory of the Molecular Aspects of Evolution: A Neo-Lamarckian Concept That Facilitates Neo-Darwinian Evolution”, *Genome Biology and Evolution* 2015, vol. 7, no. 5, s. 1296-1302.

STREIT Andrea *et al.*, „Experimental Approaches for Gene Regulatory Network Construction: The Chick as a Model System”, *Genesis* 2013, vol. 51, no. 5, s. 296-310.

The Third Way: Evolution in the Era of Genomics and Epigenomics, <http://www.thethirdwayofevolution.com/> (23.08.2018).

WAGNER Andreas, **Arrival of the Fittest: Solving Evolution's Greatest Puzzle**, Penguin Random House, New York 2014.

WHITFIELD John, „Biological Theory: Postmodern Evolution?”, *Nature* 2008, vol. 455, s. 281-284.

WOLTERING Joost M., „From Lizard to Snake: Behind the Evolution of an Extreme Body Plan”, *Current Genomics* 2012, vol. 13, no. 4, s. 289-299.

WRIGHT Barbara E., „Stress-Directed Adaptive Mutations and Evolution”, *Molecular Microbiology* 2004, vol. 52, no. 3, s. 643-650.

XING Jinchuan *et al.*, „Emergence of Primate Genes by Retrotransposon-Mediated Sequence Transduction”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States* 2006, vol. 103, no. 47, s. 17608-17613.

YANG Shuang *et al.*, „Repetitive Element-Mediated Recombination as a Mechanism for New Gene Origination in *Drosophila*”, *PLoS Genetics* 2008, vol. 4, s. 78-87.

ZHANG GuangJun and COHN Martin J., „Genome Duplication and the Origin of the Vertebrate Skeleton”, *Current Opinion in Genetics and Development* 2008, vol. 18, no. 4, s. 387-393.

ZHANG Zhongge and SAIER Milton H., Jr., „Transposon-Mediated Adaptive and Directed Mutations and Their Potential Evolutionary Benefits”, *Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology* 2011, vol. 21, no. 1-2, s. 59-70.

Nowe idee w biologii ewolucyjnej: od NDMS do EES

Streszczenie

Nowoczesna synteza neodarwinowska (NDMS — *neo-Darwinian modern synthesis*) przez kilkadziesiąt lat stanowiła podstawę teorii ewolucji. Okazało się jednak, że NDMS ma swoje ograniczenia, a jej ustalenia są nieaktualne w odniesieniu do różnych obszarów badań biologicznych. Nowa, rozszerzona synteza ewolucyjna (EES — *extended evolutionary syn-*

thesis), uwzględniająca bardziej złożone interakcje między genomami, komórkami a środowiskiem, umożliwia ponowną ocenę wielu założeń NDMS. Do standardowego paradygmatu zakładającego, że głównym mechanizmem zmienności biologicznej jest powolna kumulacja losowych mutacji punktowych, należy teraz dołączyć nowe dane oraz koncepcje symbiozy, duplikacji genu, horyzontalnego transferu genów, retrotranspozycji, epigenetycznych sieci kontrolnych, tworzenia nisz, mutacji warunkowanych środowiskowo i wielkoskalowej reżynierii genomu w odpowiedzi na bodźce środowiskowe. Otwarcie myśli ewolucjonistycznej na szersze i bardziej ekscytujące spojrzenie na wielką teorię Darwina może nieść konsekwencje dla wiary chrześcijańskiej.

Słowa kluczowe: nowoczesna synteza neodarwinowska, rozszerzona synteza ewolucyjna, naturalna inżynieria genetyczna, mutacje warunkowane środowiskowo, ewolucyjna biologia rozwoju, sieci regulatorowe genów, konwergencja, tworzenie nisz, teleologia, teleonomia.

New Ideas in Evolutionary Biology: From NDMS to EES

Summary

The neo-Darwinian modern synthesis (NDMS) has been the bedrock of evolutionary theory for many decades. But the NDMS has proven limited and out of date with respect to several areas of biological research. A new extended evolutionary synthesis (EES), which takes into account more complex interactions between genomes, the cell and the environment, allows for a reexamination of many of the assumptions of the NDMS. To the standard paradigm of slow accumulation of random point mutations as the major mechanism of biological variation must now be added new data and concepts of symbiosis, gene duplication, horizontal gene transfer, retrotransposition, epigenetic control networks, niche construction, stress-directed mutations, and large-scale reengineering of the genome in response to environmental stimuli. There may be implications for Christian faith in this opening of evolutionary theory to a broader and more exciting view of Darwin's great theory.

Keywords: neo-Darwinian modern synthesis, extended evolutionary synthesis, natural genetic engineering, stress-directed mutations, evo devo, gene regulatory networks, convergence, niche construction, teleology, teleonomy.