Bibliografia

1. Brodie E. D. (1977) Hedgehogs use toad venom in their own defence. Nature, 268: 627–628.
2. Ewert J. P., Traud R. (1979) Releasing stimuli for antipredator behaviour in the common toad *Bufo bufo* (L.). Behaviour, 68: 170–180.
3. Gao H., Zehl M., Leitner A., Wu X., Wang Z., Kopp B. (2010) Comparison of toad venoms from different *Bufo* species by HPLC and LC-DAD-MS/MS. Journal of Ethnopharmacology, 131: 368–376.
4. Gregory P. T., Isaac L. A. (2004) Food habits of the grass snake in southeastern England: is *Natrix natrix* a generalist predator? Journal of Herpetology, 38: 88–95.
5. Jared C., Antoniazzi M. M., Verdade V. K., Toledo L. F., Rodrigues M. T. (2011) The Amazonian toad *Rhaebo guttatus* is able to voluntarily squirt poison from the parotoid macroglands. Amphibia-Reptilia, 32: 546–549.
6. Lenzi-Mattos R., Antoniazzi M. M., Haddad C. F. B., Tambourgi D. V., Rodrigues M. T., Jared C. (2005) The inguinal macroglands of the frog *Physalaemus nattereri* (Leptodactylidae): structure, toxic secretion and relationship with deimatic behaviour. Journal of Zoology, 266: 385–394.
7. Mailho-Fontana P. L., Antoniazzi M. M., Toledo L. F., Verdade V. K., Sciani J. M., Barbaro K. C., Pimenta D. C., Rodrigues M. T., Jared C. (2013) Passive and active defense in toads: the parotoid macroglands in *Rhinella marina* and *Rhaebo guttatus*. Journal of Experimental Zoology Part A: Ecological Genetics and Physiology, 321: 65–77.
8. Marchisin A., Anderson J. D. (1978) Strategies employed by frogs and toads (Amphibia: Anura) to avoid predation by snakes (Reptilia, Serpentes). Journal of Herpetology, 12: 151–155.
9. Morgenstern D., King G. F. (2013) The venom optimization hypothesis revisited. Toxicon, 63: 120–128.
10. Prado C. P. A., Uetanabaro M., Lopes F. S. (2000) Reproductive strategies of *Leptodactylus chaquensis* and *L. podicipinus* in the Pantanal, Brazil. Journal of Herpetology, 34: 135–139.
11. Rybacki M. (2015) Gromada: płazy - Amphibia. [W:] Zoologia. Szkarłupnie – płazy. Tom 3. Część 1. C. Błaszak (red.). Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, 593–601.
12. Toledo L. F., Martins I. A., Bruschi D. P., Passos M. A., Alexandre C., Haddad C. F. B. (2015) The anuran calling repertoire in the light of social context. Acta Ethologica, 18: 87–99.
13. Toledo L. F., Sazima I., Haddad C. F. B. (2010) Is it all death feigning? Case in anurans. Journal of Natural History, 44: 1979–1988.
14. Toledo L. F., Sazima I., Haddad C. F. B. (2011) Behavioural defences of anurans: an overview. Ethology Ecology & Evolution, 23: 1–25.

mgr Krzysztof Kowalski – doktorant, Zakład Zoologii Systematycznej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. E-mail: kowalski.biol@gmail.com
mgr Olga Sawościanik – absolwentka Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. E-mail: olga.sawoscianik@wp.pl

EWOLUCJA – …NAJWZNIOŚLEJSZE ZJAWISKO, JAKIE MOŻEMY POJĄĆ…[1]

Maciej Bobrowski (Kraków)

[1] Skąd taki tytuł? Jest to fragment tekstu Karola Darwina zawarty w jego dziele „O powstawaniu gatunków….”. „*…Jakże zajmujące jest spoglądać na gęsto zarośnięte wybrzeże pokryte roślinami należącymi do różnych gatunków, ze śpiewającym ptactwem w gąszczach, z krążącymi w powietrzu owadami, z drążącymi mokrą glebę robakami i patrząc na te wszystkie tak dziwnie zbudowane formy, tak różne i w tak złożony sposób od siebie zależne, pomyśleć, że powstały one wskutek praw wciąż jeszcze wokół nas działających… Tak więc z walki w przyrodzie, z głodu i śmierci bezpośrednio* ***wynika najwznioślejsze zjawisko, jakie możemy pojąć****, a mianowicie powstawanie wyższych form zwierzęcych…*”.

Streszczenie

Ewolucja powszechnie jest kojarzona z brytyjskim XIX wiecznym przyrodnikiem Karolem Darwinem. W swojej książce „O powstawaniu gatunków…" opisał on proces kształtowania się życia na ziemi poprzez stopniowe zmiany, których przyczyną było działanie doboru naturalnego oraz pochodzenie żywych stworzeń od jednego przodka. 150 lat temu (mniej więcej tyle czasu upłynęło od pierwszego wydania dzieła Darwina) tezy przedstawione w książce miały wiele niedoskonałości (czego świadom był sam autor), przez co nie brakowało pretekstów do dyskredytowania jej przez przeciwników, którzy uważali, że może ona się okazać, końcem wiary i moralności. Dzisiaj biologia ewolucyjna potrafi już odpowiedzieć na wiele zarzutów dotyczących ewolucji i choć wiele pytań pozostaje jeszcze bez odpowiedzi, to sam proces ewolucji i pochodzenie od wspólnego przodka (pierwotnej, wspólnej populacji) jest już raczej swoistym aksjomatem. Mimo to linia frontu w konflikcie między zwolennikami tej wersji historii naturalnej a jej przeciwnikami wydaje się tkwić w tym samym miejscu. Dyskusja taka dostarcza ciekawego materiału do napisania artykułu w oparciu o treści zawarte w książce „ Zbadaj Ewolucję – argumenty za i przeciwko neodarwinizmowi". Przeciwnicy ewolucji uderzają niezmiennie w te same punkty – niepełność materiału kopalnego oraz błędy w ich interpretacji, trudności z wyjaśnieniem przyczyn homologii anatomicznej oraz molekularnej, niejasność informacji, których dostarcza biogeografia oraz trudna do ocenienia rola, jaką pełnią mutacje w powiększaniu zmienności wewnątrzpopulacyjnej i później także rola doboru naturalnego.

Abstract

The term evolution is commonly connected with the name of Charles Darwin, British naturalist, the father of first complementary theory of evolution. The theory of Darwin is based on two revolutionary ideas: common ancestry of living organisms and natural selection. His theory was created based mainly on observations and deduction with no information coming from population genetics and other sciences. Starting from the presentation, Darwin's theory of evolution was accepted or widely criticized. Although a long time has passed since Darwin created his theories, the discussion between supporters and opponents still is continued. The book "Zbadaj Ewolucję – argumenty za i przeciwko neodarwinizmowi", gave me inspiration to insight deeply into evolution and to present my opinion about the arguments of supporters and opponents of Darwin's evolutionary theory. Generally discussion is based on incompleteness of the fossil material, difficulties in explanation of the causes of anatomical and molecular homology, not evident information from biogeography and disputable role of mutations and natural selection.

Wprowadzenie

Choć ewolucjonizm jest nauką rozwijająca się już od dziesiątek lat, to w ostatnich 50 latach przeżywa szczególnie dynamiczny progres poprzez rozwój pokrewnych dziedzin nauki, takich jak genetyka, szczególnie genetyka molekularna, epigenetyka, ewolucyjna biologia rozwoju, kladystyka i inne. Dyskusje nad ewolucją trwają jednak nieprzerwanie, a grono jej przeciwników wciąż istnieje. Krytycy teorii ewolucji często swoje kontrargumenty odnoszą do odkryć i dokonań tylko jednego naukowca, uznawanego za ikonę teorii ewolucji – Karola Darwina.

W artykule tym postanowiłem podsumować wątpliwości przeciwników teorii ewolucji i odpowiedzieć na nie z perspektywy studenta biologii, opierając się na współczesnym stanie wiedzy na ten temat.

Jako punkt odniesienia dla mojego artykułu wykorzystałem książkę „Zbadaj Ewolucję. Argumenty za i przeciwko neodarwizmowi", która jest pracą zbiorową autorstwa Stephena C. Meyera, Jonathana Moneymakera, Paula A. Nelsona, Scotta Minnicha, Ralpha Seelkego. Warto zaznaczyć, że autorzy książki są w większości członkami Centrum Nauki i Kultury w Discovery Institute, który został założony w 1990 r. w Seattle (stan Waszyngton w USA) w celu promowania neokreacjonizmu, głównie propagowania teorii inteligentnego projektu. Zatem nasuwają się pytania, dlaczego naukowcy, biolodzy i filozofowie negują ewolucję? Czy sceptycyzm dotyczy procesu ewolucji czy tylko niektórych mechanizmów, np. doboru naturalnego? Dlaczego współautorami książki nie są ewolucjoniści? Wtedy argumenty „za" byłyby ich autorstwa, a nie oparte na przytaczaniu wybranych

artykułów przez przeciwników ewolucjonizmu.

Książka obrazuje, jakie założenia teorii ewolucji Darwina poddawane są dyskusji. Choć, jak opiszę w dalszej części artykułu, wiele z nich jest już nieaktualnych, a część ma swoje źródło w błędnych założeniach, przede wszystkim wierze w ewolucję jako świadomy proces stale ulepszający mechanizmy, którymi posługują się żywe organizmy.

Historia zastygła w kamieniu

Niekompletność zapisu kopalnego ewolucji jest bardzo popularnym wątkiem poruszanym w dyskusji o darwinizmie. Dzieje się tak dlatego, że na pierwszy rzut oka jest to argument oczywisty dla każdego. Trudno bowiem wyobrazić sobie, że uda się wykopać z ziemi całe sekwencje następujących po sobie form danego taksonu, co więcej, bez żadnych luk, i w ten sposób udowodnić stopniowe zmiany – od prymitywnych form do coraz bardziej złożonych, a przez to udowodnić ideę pochodzenia od wspólnego przodka[2]. Zastanówmy się jednak, komu potrzebny byłby taki dowód. Organizmy różnią się od siebie w każdym pokoleniu, ojciec rożni się od dziadka, a syn od ojca. Ten proces trwa od miliardów lat i czasem zdarzy się, że łańcuch tego ogromnego ciągu zachowa się do naszych czasów i możemy go zbadać. Jeśli więc przyjmiemy takie wyobrażenie o ewolucji, to skamieniałości (szczątki organizmów wysycone substancjami mineralnymi na skutek rozmaitych procesów, ogólnie nazywanych fosylizacją), które znalazły się w środowisku umożliwiającym im przetrwanie w długim czasie [7], nie mają już znaczenia jako dowód. Natomiast stanowią pomocny materiał do badań, ilustrując przebieg historii życia.

Spektakularne znaleziska, datowane na setki milionów lat zdarzają się rzadko z kilku powodów:

Istnieją organizmy, które składają się z miękkich, delikatnych tkanek, niepodatnych na fosylizację. Zamieszkują też często środowiska takie jak wilgotne lasy, gdzie rozkład następuje dużo szybciej, choćby z powodu kwaśnej gleby.

Jeśli już dojdzie do fosylizacji, to skała osadowa zawierająca taką skamieniałość przetrwać musi miliony lat, nie ulegając erozji, wietrzeniu, przeobrażeniom, znajdować się daleko od stref subdukcji[3], a przede wszystkim mieć położenie blisko powierzchni, by mogła zostać znaleziona i zbadana przez paleontologów.

Basen sedymentacyjny może zawierać tylko ułamek życia z danego terenu, gdyż sedymentacja zachodzi raz na jakiś czas.

Jeśli jednak zaistnieją wszystkie niezbędne warunki dla wytworzenia trwałych śladów, to nie jest powiedziane, że znajdą się one akurat w miejscu, gdzie dzieje się jakieś ciekawe zjawisko ewolucyjne. Zwierzęta jak i rośliny zmieniają przecież swoje rozmieszczenie [5].

Z tego powodu trudno oczekiwać znalezienia śladów ewolucji życia przed eksplozją kambryjską, trwającym około 10 milionów lat okresie, w którym pojawiła się nagle wielka różnorodność typów zwierząt. Śladów takich nie zostawiają też raczej współczesne płazińce [4]. Typy, które pojawiły się w kambrze mogły ewoluować długo wcześniej, jednak dopiero z chwilą, gdy zaczęły wytwarzać tkanki zdolne ulec fosylizacji oraz osiągnęły odpowiednie rozmiary mogły „wejść na scenę" [5]. To założenie nie jest oczywiście poparte faktami. Opinie na temat pochodzenia fauny kambryjskiej z fauny ediakarańskiej są podzielone. Odkrycia w ciągu ostatnich 30 lat dostarczyły nowych informacji dotyczących natury fauny ediakarańskiej i eksplozji kambryjskiej oraz czasu wymarcia. Problematyczne jest masowe wymarcie fauny ediakarańskiej na początku kambru, bowiem istnieje alternatywny model zakładający, że organizmy te stopniowo zostały zastąpione przez gałąź metazoa [2].

Poza tym ewolucja nie jest procesem o stałej szybkości, ale zmienia tempo, i 10 mln lat to wcale nie musi być za mało na wytworzenie wielu różnych typów, zwłaszcza, że życie w prekambrze było jeszcze bardzo prymitywne.

Argument mówiący o braku form przejściowych wydaje się więc nieaktualny, nikt już bowiem nie planuje, że kiedyś odkryje się konkretne formy przejściowe. Znalezienie bowiem jakiejś formy przejściowej automatycznie skutkuje pojawieniem się dwóch następnych „luk w zapisie".

Dlaczego jesteśmy podobni? Czyli homologie i analogie

Podobieństwa między organizmami dostrzeżono już dawno, odkąd tylko zaczęto badać i porównywać szkielety zwierząt. W XIX wieku spostrzeżenie to utwierdziło Karola Darwina w przekonaniu, że życie na ziemi to jedna, rozbudowana rodzina. U wspólnego przodka powstała określona cecha anatomiczna,

[2] Albo przeciwnie, od złożonych do prymitywnych. Należy dodać, że mamy dodatkowo możliwość porównań genetycznych, gdzie zastępowanie nukleotydów przez inne odbywa się z jednakowym w miarę tempem i jak dotychczas okazało się zgodne z danymi paleontologicznymi.

[3] Subdukcja to proces polegający na wciąganiu lub wpychaniu jednej płyty litosferycznej pod drugą – litosfery oceanicznej pod litosferę kontynentalną.

a potem następne pokolenia ją modyfikowały, aż posłużyła do zupełnie innego celu niż u taksonu ancestralnego. Dziś jednak, mimo upływu czasu, takie tłumaczenie powstawania homologii anatomicznej nie dla wszystkich jest oczywiste. Autorzy książki „Zbadaj Ewolucję…" twierdzą na przykład, że podobieństwa anatomiczne są efektem tego, że homologiczne struktury powstały w tym samym celu, podobnie jak samochód i samolot, które mają koła, co powinno raczej dowodzić inteligencji projektanta, w przeciwieństwie do neodarwinizmu, według którego uznane by były za struktury homologiczne pochodzące od wspólnego przodka.

Druga koncepcja przedstawiona w tekście mówi, że przyczyną homologii są ograniczenia stawiane przez naturę i własności materii. Odwołując się do koncepcji Inteligentnego Projektu, tak złożone struktury biologiczne, jakie obserwuje się u organizmów, nie mogły powstać na skutek przypadkowych mutacji, bo przy takim założeniu należałoby przyjąć, że cały proces był wysoce skoordynowany, czyli „inteligentnie zaprojektowany".

Na początek trzeba powiedzieć, że żadne cechy organizmu nie powstały w konkretnym celu. Genetyczną strukturę populacji kształtuje dobór naturalny – przetrwają osobniki o cechach, które ułatwiają im przeżycie oraz reprodukcję. Można twierdzić, że żadne zwierzę nie kształtowało swoich struktur (czy raczej fizjologiczno-behawioralnych mechanizmów) tak, aby najlepiej spełniały swoją funkcję [8]. Neodarwinizm zakłada, że organizm „optymalizuje" swoje struktury (działaniem doboru naturalnego), aby utrzymać funkcje. Czyli nadrzędne jest utrzymanie funkcji do zmieniających się warunków środowiska. Temu przeciwstawia się niedarwinowski pogląd, według którego nadrzędna jest zaplanowana struktura do spełnienia określonej funkcji.

Poza tym są cechy dziedziczone po przodkach, które obecnie są zupełnie bezużyteczne. Każdy człowiek ma na swojej skórze pozostałość po dawnym gęstym owłosieniu w postaci „gęsiej skórki". Ssaki wodne muszą się wynurzać z wody, by nabierać powietrza właśnie dlatego, że mają płuca, podobnie jak ich dalecy lądowi przodkowie, nozdrze delfina jest nieprawdopodobnym dziełem natury, które wykształciło się w odpowiedzi na problemy, które nigdy by nie powstały, gdyby przodkiem delfinów nie były ssaki lądowe i gdyby miały one skrzela jak ryby. Strusie i emu to ptaki, które doskonale biegają na dwóch nogach, a pożywienie pobierają za pomocą dzioba. Skrzydła nie są im do niczego potrzebne, a jednak posiadają je w formie szczątkowej, gdyż odziedziczyły je po latających przodkach [4].

Konwergencja

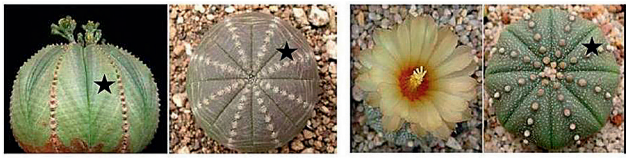
Jak zauważają autorzy książki „Zbadaj Ewolucję…" homologie anatomiczne to struktury, których podobieństwo wynika ze wspólnego pochodzenia. Zostały one w wyniku ewolucji modyfikowane. W przyrodzie różnorodność życia jest tak ogromna, że często odległe od siebie filogenetycznie taksony zajmują nisze ekologiczne o podobnych warunkach, z którymi muszą sobie radzić. Prowadzi to do powstania tak zwanych konwergencji. Mylenie pojęć homologii i konwergencji może powodować wyciąganie błędnych wniosków dotyczących pochodzenia organizmów. Ważnym dodatkowym argumentem mogą być dane embriologiczne. Jako przykład można podać podobne segmenty ciała os i muszek owocowych, których powstawanie regulowane jest przez inne geny. Czy taki przykład może stanowić jakiś dowód przeciwko wspólnemu pochodzeniu życia na ziemi, jeśli weźmiemy pod uwagę fakt, że taksony te dzielą miliony lat ewolucji, a łączy tylko to, że obydwa są owadami i są podobne z wyglądu, prawdopodobnie na skutek podobnych nacisków ekologicznych?

Istnieje jednak lepszy przykład zwierząt, które posiadają struktury i budowę, którą autorzy książki „Zbadaj Ewolucję…" uznaliby za homologiczną, natomiast oprócz podobnego wyglądu są to zupełnie inne organizmy. Kulanka jest zaliczana do skorupiaków. Jest wielonogim, powszechnie występującym zwierzęciem, które w sytuacji zagrożenia zwija się w kulkę. Dokładnie tak samo postępuje niemal identycznie wyglądające zwierzę, które jest krocionogiem (Ryc. 1). Chociaż długo trzeba by się wpatrywać, by znaleźć między nimi różnice, to są to zupełnie inne zwierzęta i podobne struktury, jakie posiadają, nie są homologiami, a konwergencjami [4].

Ryc. 1. Kulanka (*Armadillidium vulgare*) należąca do skorupiaków oraz (po prawej) krocionóg (*Ommatoiulus sabulosus*) należący do wijów. Morfologicznie obydwa gatunki są bardzo podobne, ale nie spokrewnione, należą do różnych gromad. https://kolagen.wordpress.com/category/stawonogi/dwuparce/Ommatoiulussabulosus/

Konwergencja to podobieństwa między organizmami wykształcone w wyniku ewolucji, całkowicie niezależnie od siebie, wynikające z konieczności

przetrwania w tych samych środowiskach. Dotyczy zarówno zwierząt, jak i roślin. Klasycznym przykładem konwergencji u roślin są sukulenty łodygowe występujące w dwóch niespokrewnionych rodzinach: kaktusowate (Cactaceae) i wilczomleczowate (Euphorbiaceae). Cechy organów wegetatywnych, w tym przypadku łodygi, są bardzo podobne, natomiast wyraźne różnice można zaobserwować w budowie kwiatów (Ryc. 2).

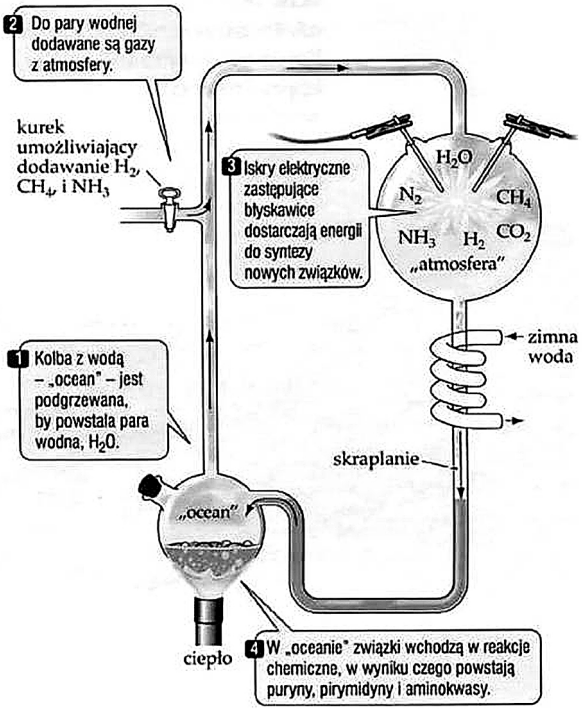


Ryc. 2. Przykład konwergencji u roślin. Dwa zdjęcia od lewej przedstawiają *Euphorbia obesa* (Euphorbiaceae), dwa po prawej *Astrophytum asterias* (Cactaceae). Jest to klasyczny przykład konwergencji u roślin. Obydwa gatunki należą do różnych rodzin, ale mają podobny typ łodyg (sukulenty łodygowe, oznaczone gwiazdkami) z wykształconą tkanką wodną, jest to przystosowanie do życia w warunkach ograniczonej dostępności wody (np. pustynne). Wyraźne różnice występują w budowie kwiatów.

Należy jednak coraz bardziej ostrożnie podchodzić do przykładów konwergencji, bowiem odkrycie genów homeotycznych HOX u zwierząt, a MADS-box u roślin zmienia znaczenie konwergencji. Jeżeli rodzina genów HOX kontroluje we wczesnych stadiach rozwoju zarodka układ i morfologię poszczególnych części ciała, zarówno u bezkręgowców, jak i u kręgowców [5], a rodzina genów MADS-box kształtuje architekturę kwiatu u roślin kwiatowych [19], to trudno nie zadać pytania: homologie czy konwergencja? Podobny problem pojawia się w przypadku zmienności modyfikacyjnej, definiowanej jako zmienność niedziedziczna, indukowana wpływem czynników środowiskowych. W świetle odkrycia mechanizmów epigenetycznych i dziedziczenia epigenetycznego definicja zmienności środowiskowej wymaga korekty [21].

Od początku…

Niezależnie od tego, jak wyobrażaliby sobie ostatniego wspólnego przodka kreacjoniści, kiedy przenieślibyśmy się w czasie do samego początku życia, obserwując po drodze coraz bardziej prymitywne stworzenia, dotarlibyśmy do tego najbardziej prymitywnego. Najprawdopodobniej byłaby to prosta agregacja cząsteczek. Cząsteczki organiczne, takie jak aminokwasy, a także formaldehyd i cyjanowodór, uzyskał z prostych związków Stanley Miller w swoim słynnym eksperymencie (Ryc. 3). Stworzył on w laboratorium atmosferę podobną do tej, w jakiej mogło tworzyć się życie, czyli składającą się z metanu, amoniaku, wodoru i wody oraz poddał ją działaniu wyładowań elektrycznych. Nasz najstarszy z najstarszych przodków przeskoczyć musiał jednak pewną poprzeczkę. Za życie uznajemy bowiem ciało, które wykorzystuje energię z otoczenia i używa jej do powielania siebie. Należy dodać, że naukowych definicji życia jest wiele. Według ogólnie akceptowanej do podstawowych właściwości, które odróżniają organizmy żywe od świata nieożywionego należą: 1) zdolność do autoreplikacji, 2) prowadzenie autonomicznego metabolizmu oraz możliwość przetwarzania energii, 3) podatność na ewolucję i występowanie zmian przystosowawczych zgodnie z darwinowską zasadą naturalnej selekcji [9].



Ryc. 3. Eksperyment Stanleya Millera wykonany w 1953 roku miał na celu stworzenie w laboratorium hipotetycznych warunków, jakie panowały na wczesnej Ziemi, aby wykazać możliwość powstania życia na Ziemi z materii nieorganicznej (ewolucja chemiczna) (wg Futuyma 2008, zmienione).

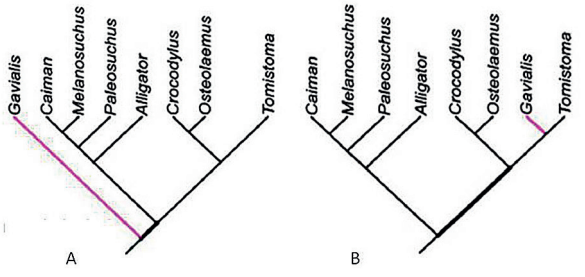
Całkiem możliwe, że w historii świata doszło do powstania tego typu zgrupowania cząstek wiele razy, jednak generalnie wśród biologów panuje zgoda co do tego, że tylko jedno z nich dało początek życiu, które otacza nas dzisiaj dookoła. Wskazuje na to sposób syntezy białek oraz uniwersalność kodu genetycznego [20]. Dodatkowym efektem monofiletycznego powstania życia jest to, że wszystkie żywe stworzenia na ziemi do budowy białek używają izomerów optycznych L aminokwasów, mimo że w warunkach abiotycznych równie dobrze nadawałyby się do tego izomery typu D [5].

Białka syntezowane są przez rybosomy w komórkach. Instrukcji dotyczących ich struktury, tego z jakich aminokwasów są budowane, dostarcza RNA, który powstaje na matrycy DNA (transkrypcja), czyli przepisanie informacji genetycznej z jej podstawowego nośnika, jakim jest cząsteczka kwasu deoksyrybonukleinowego, przy użyciu określonych enzymów zwanych polimerazami [1].

DNA to cząsteczka, w której strukturze są trójki zasad zwane kodonami. To właśnie sekwencje tych zasad stanowią właściwą informację niesioną przez DNA, nazywaną kodem genetycznym. Charakterystyczną cechą kodu genetycznego jest jego uniwersalność. Ponieważ wszystkie organizmy powstały od wspólnego przodka, zarówno eukarioty, jak i prokarioty wykorzystują ten sam system programowania rybosomów. Od tej reguły istnieją pewne drobne wyjątki, ale dotyczą one DNA mitochondrialnego lub plastydowego. Tłumaczy się to pochodzeniem tych organelli. Zostały one wchłonięte do komórki eukariotycznej jako endosymbionty na bardzo wczesnym etapie ewolucji i być może ich odstępstwa od standardowego kodu stanowią ślad jakiegoś dawniejszego życia. Ponieważ jednak jądrowe DNA nosi informację zakodowaną w określony, niezmienny niezależnie od taksonu sposób, drobne odchylenia nie mogą być argumentem przeciwko wspólnemu pochodzeniu [8]. Przez drobne odchylenie rozumiem to, że wystąpienie niektórych kodonów powoduje włączenie innych aminokwasów do struktury białka, aniżeli w tym standardowym kodzie. Dlatego szokującą dla mnie wiadomością była zawarta w książce „Zbadaj Ewolucję…" teza, że kompletnych kodów genetycznych jest aż 18! Niestety poza podaną przez autorów stroną internetową nie znalazłem żadnych danych na ten temat[4].

Klasyfikacje organizmów

Człowiek, który rodzi się dzisiaj, zastaje wielką różnorodność życia na ziemi. Aby móc zrozumieć skąd się wzięło tyle różnych gatunków i czemu drzewo życia jest tak rozgałęzione, trzeba uciec się do badań nad filogenezą organizmów, czyli stworzenia klasyfikacji filogenetycznej opartej na pokrewieństwach między taksonami. Filogenezę badać można rozmaitymi metodami, które ogólnie podzielić można na morfologiczne, behawioralne oraz molekularne [5]. Do niedawna jedyną drogą do poznania przebiegu tworzenia się adaptacji była anatomia porównawcza. Porównywano współcześnie żyjące organizmy i doszukiwano się wspólnych cech (homologii), które miały świadczyć o wspólnym pochodzeniu. Często do porównań używano też materiałów kopalnych. Jest to metoda obarczona dosyć sporym ryzykiem pomyłki. Jak wiemy, materiał kopalny jest bardzo niekompletny, nie można więc na nim polegać. Ponadto cechy morfologiczne, wśród których doszukalibyśmy się homologii, są dosyć plastyczne fenotypowo, co powodować może błędy w tworzeniu drzewa filogenetycznego. Trzeba też pamiętać, że często cechy wzięte za homologie okazują się być konwergencjami. Ich źródłem nie jest wspólne pochodzenie, lecz na przykład przypadkowe pojawienie się podobnych sekwencji nukleotydów w DNA lub zmiany epigenetyczne, czyli takie, które dzieją się mimo braku zmian w genomie, a jedynie na skutek wyciszania lub wzrostu ekspresji danych genów [21]. Obecnie stosuje się więc inną grupę metod opartą o badanie molekuł. Bada się więc w nich materiał dziedziczny (DNA) lub też właściwości fenotypowe bezpośrednio zależne od genotypu (właściwości elektroforetyczne białek, zróżnicowanie immunologiczne albumin, sekwencja aminokwasów w białkach). Najczęściej jednak wykorzystuje się dane o zróżnicowaniu sekwencji nukleotydów w wybranych fragmentach genomów. W niezależnie ewoluujących grupach gromadzą się bowiem różnice w sekwencjach nukleotydów. Fragmenty DNA muszą być więc starannie dobrane. Genealogia genu nie musi też wcale odpowiadać genealogii organizmu. Jak łatwo się domyślić, w badaniach molekularnych wystąpić mogą też pomyłki. Tak więc hipotezę filogenetyczną tworzyć możemy w oparciu o wiele metod i dopiero, kiedy zgadzają się wyniki badań, stwierdzić można, że hipoteza jest wiarygodna [8, 17]. Należy również zdawać sobie sprawę z tego, że wiele założeń przy konstruowaniu drzew filogenetycznych opartych na



Ryc. 4. Różnice w drzewach filogenetycznych uzyskanych na podstawie analizy różnych cech pokazujących pokrewieństwo rodzaju *Gavialis* (krokodyl). (A) Cech morfologicznych. (B) Cech molekularnych (c-*myc* proto-oncogene). Na podstawie badań Harshmana i in. 2003, wg http://www.talkorigins.org/faqs/comdesc/incongruent.html.

[4] http://www.ewolucja.org/w3/d3/d310-3.pdf

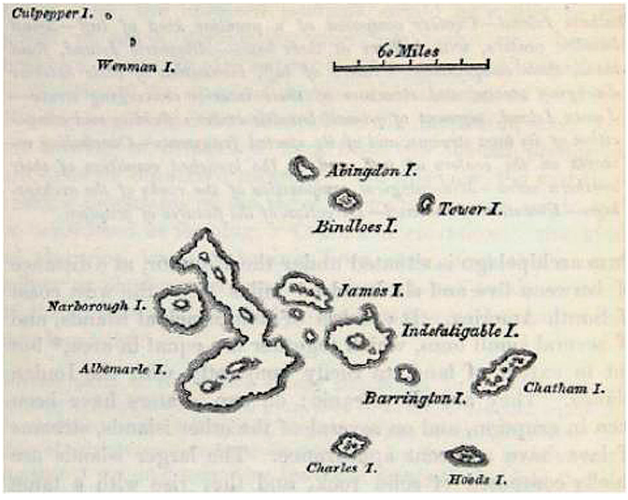
analizie sekwencji DNA jest przyjmowanych *a priori*, na zasadzie, że o ich największym prawdopodobieństwie jesteśmy przekonani, np. pochodzenie od wspólnego przodka, parsymonii (najkrótsza droga do celu jest najbardziej prawdopodobna) [14, 18].

Z uwagi na niedoskonałość metod badań filogenezy dziwi teza przedstawiona w książce „Zbadaj Ewolucję…..", która głosi, że ponoć naukowcy udowodnili, że drzewo genealogiczne budowane w oparciu o anatomię nie zgadza się z historią rodzinną odtworzoną w oparciu o DNA. Oczywiście są też takie przykłady, ale wynik jest zależny od dobranych do badań sekwencji DNA (konserwatywne, bardziej lub mnie zmienne) (Ryc. 4).

„Przeprowadzki"

Biologiczna definicja gatunku stworzona przez Ernsta Mayra w 1942 mówi, że gatunki to izolowane od siebie pule genowe. Pojawienie się mechanizmów izolacyjnych jest więc niezmiernie istotne przy powstawaniu nowych gatunków. Mieszaniu się pul genowych, czyli kojarzeniu osobników między gatunkami, zapobiegać może wiele mechanizmów. W tym rozdziale interesować nas będą bariery geograficzne [8, 5].

Jednym z najbardziej fascynujących etapów podróży Darwina na statku HMS „Beagle" (1831–1836) był pobyt na Galapagos, tropikalnych wyspach Pacyfiku (Ryc. 5).



Ryc. 5. Mapa archipelagu Galapagos z angielskimi nazwami wysp sporządzona przez Darwina (wg Dawkins 2010).

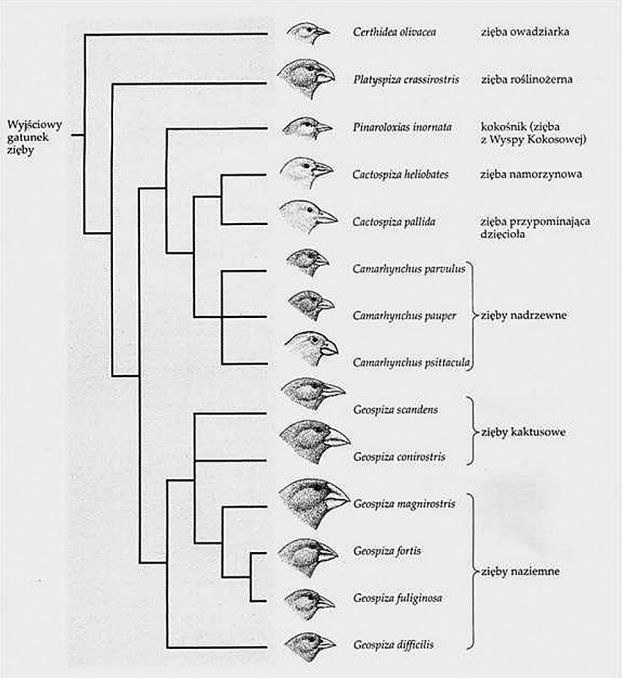
Zobaczył tam wtedy istny „inkubator" nowych gatunków. Powstały one na skutek tego, że część populacji różnych gatunków, występujących na oddalonej o około 900 km Ameryce Południowej, dostała się na ten odizolowany skrawek lądu i tu natrafiła na odmienne warunki. Przestrzenna izolacja w połączeniu z nowymi siedliskami stanowiły idealne warunki dla przebiegu specjacji. Kolejnymi czynnikami prowadzącymi do zmienności i/lub powstawania nowych gatunków było przemieszczanie się populacji różnych gatunków na poszczególne wyspy archipelagu, co wiązało się z nową przestrzenną izolacją i adaptacją do nowych warunków siedliskowych. I tak oczom Darwina mógł ukazać się obszar pełen endemitów. „*…Historia naturalna tych wysp jest wybitnie ciekawa i w pełni zasługuje na uwagę. Większość istot organicznych – to twory endemiczne, nigdzie indziej nie spotykane. Jest nawet różnica pomiędzy mieszkańcami poszczególnych wysp, a jednak wszystkie wykazują pokrewieństwo z mieszkańcami Ameryki, choć oddzielone są od owego kontynentu otwartą przestrzenią oceanu, szerokości około 500 do 600 mil. Archipelag jest małym, w sobie zamkniętym światem, lub raczej satelitą Ameryki, z której przyjął kilku zabłąkanych kolonistów i która nadała charakter wszystkim jego miejscowym tworom*." [3].

To właśnie na wyspach Galapagos „*…zarówno w czasie, jak i w przestrzeni wydaje się, że zbliżamy się, do tego wielkiego zdarzenia – tajemnicy tajemnic – pierwszego ukazania się nowych istot na ziemi*" jak pisał Darwin w pamiętnikach z podróży [3]. Współcześnie byłby to przykład specjacji allopatrycznej przez wikariancję[5] [5].

Bariery geograficzne to nie tylko wyspy. Wyspami w znaczeniu biologicznym mogą być też wierzchołki gór, w których panują określone warunki, odmienne niż w rozdzielających je, trudnych do przebycia dolinach, różne głębokości w dużych jeziorach (np. Wielkie Jeziora we wschodniej Afryce) czy też fragment oazy na pustyni. W każdym przypadku pule genowe „mogą ewoluować" niezależnie od innych. Po pewnym czasie odizolowana populacja jest tak odmienna, że nawet wtedy, kiedy dojdzie do wtórnego kontaktu osobników takiej populacji z osobnikami populacji wyjściowej, nie dojdzie do kojarzenia (izolacja prezygotyczna), lub gdy dojdzie do kojarzenia, to powstaną sterylne lub tylko częściowo płodne mieszańce, bowiem będą działały mechanizmy postzygotyczne [5]. Udokumentowane jest, że radiacja adaptacyjna, czyli rozdzielenie się linii potomnych i ich ewolucja pod wpływem odmiennych warunków życia, której przykładem są słynne

[5] Powstawanie nowych gatunków z wyjściowej populacji na skutek jej rozdzielenia na nowe populacje przez bariery geograficzne, którymi mogą być np. rzeki, rozsuniecie się płyt kontynentalnych. W ten sposób nowo powstałe populacje mają ograniczony kontakt z populacją wyjściową, czego konsekwencją jest brak wymiany genów lub wymiana genów między populacjami jest bardzo ograniczona.

zięby Darwina z Galapagos, występuje w różnych kladach, zarówno zwierząt, jak i roślin. Efektem jest powstawanie nowych gatunków o nowych cechach [5]. Oczywiście, liczne gatunki zięb Darwina z Galapagos, różniące się kształtem i wielkością dziobów, rodzajem spożywanego pokarmu, sposobem życia (naziemne, nadrzewne) (Ryc. 6) czy kilkaset gatunków ryb pielęgnicowatych z afrykańskich Wielkich Jezior (Wiktoria, Malawi) to są spektakularne przykłady radiacji ewolucyjnej [5], ale na ich podstawie nie można zaprzeczyć roli czynników geograficznych w powstawaniu nowych gatunków.



Ryc. 6. Drzewo zięb Darwina z archipelagu Galapagos pokazujące różnorodność gatunków wywodzących się od wspólnego przodka (wg Futuyma 2008).

Galapagos to wyspy pochodzenia wulkanicznego, w skali geologicznej całkiem młode, z tego powodu, mimo ogromnego bogactwa unikatowych gatunków, dla większości z nich można się doszukać w miarę łatwo kontynentalnego odpowiednika. Tę zależność zaobserwował Darwin pisząc we fragmencie pamiętnika z podróży „…*Najbardziej uderzający był fakt, że otaczały nas tu nowe ptaki, nowe gady, nowe mięczaki, nowe owady, nowe rośliny, jednak niezliczone szczegóły w budowie……żywo przywodziły na myśl umiarkowane równiny Patagonii lub raczej gorące, suche pustynie północnego Chile*”. I dalej kontynuował „..*Wyspy Zielonego Przylądka przypuszczalnie podobne są pod względem wszystkich warunków fizycznych znacznie bardziej do wysp Galapagos, aniżeli te ostatnie do wybrzeży Ameryki, a jednak rodzimi mieszkańcy obu grup są zupełnie niepodobni, bowiem na Wyspach Zielonego Przylądka noszą piętno afrykańskie, zaś na Galapagos piętno amerykańskie.*” [3].

Autorzy książki „Zbadaj Ewolucję…” dopuszczają możliwość zajścia pewnych zmian ewolucyjnych na poziomie gatunku, prowadzących do zwiększenia zmienności wewnątrzgatunkowej na skutek zmian zasięgów i adaptacji do nowych warunków środowiskowych. Twierdzą jednak, że takie odizolowane populacje tracą swoją różnorodność genetyczną i zmiany takie nie mogą doprowadzić do powstania nowych typów adaptacyjnych, czyli migracja i adaptacja nie doprowadzą do tworzenia nowych gatunków[6].

Mechanizmy odpowiedzialne za zwiększanie się różnorodności genetycznej omówione będą w następnym rozdziale, a co do braku zmian to wystarczy powiedzieć, że aby powstały nowe gatunki, trzeba odpowiednio długiego czasu, a jeśli byśmy oczekiwali nowych rodzin czy rzędów, to ten czas musiałby być o wiele dłuższy. Chociaż w przypadku roślin czas może być stosunkowo krótki, udokumentowane jest powstanie nowych gatunków na drodze hybrydyzacji i poliploidyzacji, czyli zwielokrotnienia genomu, w ciągu ostatnich 50–60 lat, np. w rodzaju *Tragopogon* [10]. Wyspy Galapagos są młode, ale jeśli spojrzymy na przykład na Australię, to zobaczymy kolejną idealną „wyspę ewolucyjną”, jaka potrzebna była Darwinowi, aby opisać, jak z jednego wspólnego przodka tworzą się różne taksony. Tym razem jednak ewolucja miała więcej czasu, występuje tam bowiem ogromna różnorodność torbaczy, a prawdopodobnie występowało jeszcze więcej, zanim pojawili się ludzie. Bardzo możliwe, że wszystkie one powstały z jednego gatunku przybyłego do tej krainy geograficznej dawno temu. Co więcej, większość torbaczy ma w innych regionach swoich ekologicznych odpowiedników, z którymi nie są zbyt blisko spokrewnieni [4]. To tłumaczenie genezy torbaczy bardzo pasuje do teorii wspólnego pochodzenia. Geografia ewolucji, która zajmuje się biogeograficznymi dowodami ewolucji, prawidłowością rozmieszczenia gatunków na Ziemi, wpływem czynników historycznych na rozmieszczenie geograficzne, dostarcza dowodów na rozdzielanie się linii ewolucyjnych w różnych kladach [5].

Głównym sporem jest to, czy dowody z „geografii ewolucji” są wystarczające do przyjęcia hipotezy o pochodzeniu od wspólnego przodka wszystkich

[6] Obalenie tego fałszywego przekonania wymagałoby dużego wykładu o specjacji, która może być allopatryczna lub sympatryczna (w zależności od rodzaju mechanizmów izolacyjnych), stopniowa (zmienność wewnątrzpopulacyjna, rasy lokalne, geograficzne, podgatunki, gatunki) nagła (powstawanie poliploidów), z udziałem hybrydyzacji (homoploidalna mieszańcowa specjacja, dosyć częsta u roślin).

organizmów. Są oczywiste, kiedy chodzi o pochodzenie taksonów określonej linii – wywodzą się z jednego przodka. Ale czy można tak uprościć i powiedzieć, że życie powstało gdzieś na ziemi, a później „rozeszło" się po całym świecie? Taka wizja idealnie pasuje do obserwacji rozmieszczenia organizmów na świecie i nie zauważyłem w książce „Zbadaj Ewolucję…" przekonujących argumentów, by było inaczej.

Mutacje jako źródła zmienności

O doborze naturalnym napisane będzie więcej w kolejnym rozdziale, jednak aby „mógł on wybierać" z populacji osobniki najlepiej dostosowane do życia w określonych warunkach, musi istnieć zmienność w populacjach organizmów. Należy zatem na początek zastanowić się nad źródłami zmienności. Jakie mechanizmy leżą u podstaw zmienności? Ważna jest zmienność genetyczna, która przekazywana jest z pokolenia na pokolenie. U jej podstaw leżą zmiany na poziomie DNA. Mogą to być **mutacje punktowe**, **mutacje chromosomowe** prowadzące do zmiany struktury chromosomów (delecje, deficjencje, translokacje, inwersje), mutacje liczbowe chromosomów, których wynikiem jest zwiększona lub zmniejszona liczba chromosomów o pojedyncze chromosomy (aneuploidalność), **mutacje genomów**, czyli powstawanie osobników haploidalnych (redukcja o cały genom) lub poliploidalnych (zwielokrotnienie o cały genom). Zmienność może wynikać również z mutacji w genomach organelli komórkowych. U zwierząt w mitochondrialnym DNA (mtDNA), u roślin w mtDNA oraz w chloroplastowym DNA (cpDNA). Źródłem zmienności jest też przemieszczanie się **ruchomych elementów** (transpozonów, retrotranspozonów), a także **horyzontalny transfer genów** (przenoszenie genów z organizmu do organizmu, zjawisko częste u bakterii) [5, 8, 15]. Dodatkowo zmienność może wynikać z modyfikacyjnego wpływu środowiska. Jak wiadomo, każda cecha osobnika zależy od określonego genu, czyli fragmentu nici DNA. Przez całą historię życia każda cecha genotypowa, czyli taka, z którą organizm się rodził, a nie nabywał jej w ciągu życia, swój początek zawdzięczała zmianom w informacjach niesionych przez ciągi par zasad, czyli mutacjom. Mutacje to naturalny, spontaniczny proces zachodzący na różne sposoby, zazwyczaj spontanicznie i losowo, ale istnieją czynniki sprzyjające częstszemu jego występowaniu, takie jak temperatura, promieniowanie lub określone związki chemiczne. Żaden osobnik nie wykorzystuje mutacji do dostosowywania się czy walki o przetrwanie, gdyż zmiany mutacyjne nie mają charakteru dostosowawczego (w przeciwieństwie do doboru naturalnego), a raczej uznawane są za błędy, ale faktem jest, że zdarza się, iż dobór naturalny preferuje osobniki o pewnych cechach, różniące się od innych poprzez zmutowanie niektórych genów. Mutacje mogą również zachodzić w komórkach somatycznych i prowadzić do powstania organizmu mozaikowego, jednak ten typ mutacji nie jest przekazywany następnemu pokoleniu.

Obserwuje się w przyrodzie wiele zmian mutacyjnych. Zachodzą one na skutek uszkodzeń fizycznych lub chemicznych w DNA, stąd istnieje mechanizm naprawczy w postaci polimerazy DNA i innych enzymów naprawczych. Dopiero, kiedy te mechanizmy zawodzą, może dojść do trwałej zmiany w sekwencji par zasad w nukleotydzie. Tempo mutacji jest stosunkowo niskie i zależy od genu. Średnie tempo mutacji na parę zasad oszacowane dla prokariontów wynosi 10^{-11} do 10^{-10} (na replikację), dla eukariontów 10^{-9} (na pokolenie rozmnażające się płciowo), dla człowieka $4{,}8 \times 10^{-9}$ (na parę zasad/pokolenie) [5]. Ważnym źródłem zmienności genotypowej jest **rekombinacja**, kiedy w czasie mejozy dochodzi do wymiany genów między niesiostrzanymi chromatydami dwóch chromosomów homologicznych (crossing-over). Podczas mejozy chromosomy homologiczne koniugują. W odcinkach zwanych **chiazmami** następuje wymiana alleli, na skutek czego powstają nowe kombinacje genów (Ryc. 7). Niekiedy jednak dochodzi w tym procesie do pewnych anomalii. Na przykład wtedy, gdy chromosomy homologiczne nie są dokładnie „dopasowane" do siebie. Zachodzi wtedy wymiana między sekwencjami, w której w jednej zostaje więcej par zasad, a w drugiej mniej. Co prowadzi do wzajemnego przesunięcia niedopasowanych chromosomów.

Ryc. 7. Widoczna większa liczba chiazm w profazie mejotycznej u konika polnego (*Chorthippus parallelus*) (http://www.biology-pages.info/M/Meiosis.html).

Proces ten, nazywany nierównym **crossing-over**, ma w ewolucji doniosłe skutki, gdyż odpowiada za powstanie dużej ilości niefunkcjonalnych sekwencji w DNA eukariotów i w efekcie zwiększenia ilości DNA. Biorąc pod uwagę rekombinacje jako źródło zmienności, należy znać system rozmnażania organizmów (gatunków). Rekombinacje mogą być źródłem

zmienności u organizmów rozmnażających się płciowo. U organizmów rozmnażających się bezpłciowo, u obligatoryjnych apomiktów[7], należy szukać innych mechanizmów odpowiedzialnych za zmienność w populacjach.

Ważnym czynnikiem wywołującym mutacje są **elementy ruchome**. To kopie fragmentów DNA, które przemieszczają się w obrębie genomu, nieraz „zabierając" ze sobą sąsiadujące z nimi geny. Zaliczamy do nich **sekwencje insercyjne, transpozony** czy **retroelementy,** które powstają przez działanie enzymów (odwrotnej transkryptazy), które przekształcają RNA z powrotem w DNA. Ustalono, że tego typu elementy mogą znacząco wpływać na strukturę genomu. Powodują mutację przesunięcia ramki odczytu, gdy wstawione są w region kodujący sekwencji, wydłużając ją. W regionach kontrolnych wpływają na ekspresję genów. Wywołują wiele spektakularnych efektów fenotypowych [5, 8].

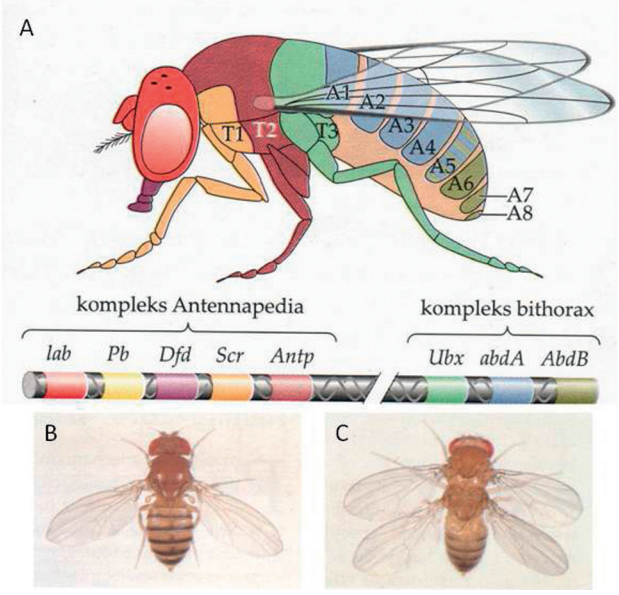
Mutacje a dobór naturalny

Mutacje i rekombinacje zwiększają pulę genetyczną populacji. To dzięki nim ewolucja może zachodzić, ale trzeba powiedzieć, że choć same zmiany w DNA nie tworzą nowych organizmów, ich znaczenie jest jednak duże. Od DNA zależy bowiem budowa wytwarzanych przez rybosomy białek, które to realizują większość zadań biologicznych. Mała zmiana w strukturze tych cząsteczek może mieć znaczący wpływ na rozwinięcie adaptacji przez całe organizmy. Na przykład niewielka mutacja w genach kodujących hemoglobinę u ludzi powoduje zmianę w jej cząsteczce dwóch z 600 tworzących ją aminokwasów. Ta niewielka z pozoru zmiana całkowicie zmienia kształt cząsteczki hemoglobiny, a z kolei to zjawisko odgrywa ważną rolę w środkowej Europie oraz Afryce, gdzie występuje zdecydowanie więcej przypadków anemii sierpowatej. Wystąpienie bowiem tej mutacji uodparnia jej nosiciela na malarię, gdyż jego cząsteczki hemoglobiny są niewrażliwe na pasożyta. Osobniki z tą mutacją częściej więc przeżywają i mogą przekazać geny ze swoją mutacją potomstwu. To idealny przykład na działanie doboru naturalnego na pulę genetyczną, w której pojawiają się nowe, zmutowane geny [6]. Innym przykładem jest bardzo szybkie tempo ewolucji bakterii chorobotwórczych. Liczba szczepów odpornych na antybiotyki (penicylinę, ampicylinę, erytromycynę, wankomycynę, fluorochinoliny) bardzo wzrosła od czasu, kiedy wprowadzono antybiotyki (lata 40. XX w.). Dzieje się to na skutek działania doboru naturalnego, który faworyzuje bakterie z mutacjami, które uodparniają je na antybiotyk. Przyznają to nawet krytycy z książki „Zbadaj Ewolucję". Przy okazji warto omówić też drugi argument, jaki przeciwnicy ewolucjonizmu przytaczają przy okazji omawiania ewolucji bakterii. Zakładają oni, że mutacje działają na zasadzie „dobrej i złej wiadomości", co oznacza, że na pewno, jeśli są częściowo korzystne, to zawsze gdzieś w innym miejscu organizmowi zaszkodzą. Lub że niezależnie czy powstają w miejscu istotnym dla funkcji białek czy nieistotnym, to nie przyczyniają się do zmiany całych organizmów. Zapominają oni, że choć większość mutacji jest uważana za błąd, to istnieją i takie, które powodują dobre skutki, a ponadto dobór naturalny, jakkolwiek go sobie wyobrażać, ma do dyspozycji długi czas, w którym zajść może ogromna ilość zmian. Nie jest też powiedziane, że mutacje prowadzące do ewolucyjnych zmian były spektakularne (darwinowska teoria ewolucji zakłada ewolucję stopniową), jak uzyskane w laboratorium muszki owocowe z czterema skrzydłami. Dostosowanie zależy często od małych zmian dziejących się na poziomie białek (jak w cząsteczkach hemoglobiny u cierpiących na anemię sierpowatą) lub nieznacznych modyfikacji w narządach, jak u krzyżodziobów, ptaków o dziobach krzyżujących się na końcach, które to idealnie służą do wyciągania nasion z zamkniętych szyszek świerków, sosen i modrzewia. W eksperymencie Craiga Benkmana i Anny Linholm badacze odcięli ptakom krzyżujące się końcówki dziobów. Ptaki te radziły sobie z wydobywaniem nasion z suchych otwartych szyszek, ale były bezradne wobec szyszek zamkniętych. Dopiero kiedy dzioby odrosły i zaczęły się znów krzyżować na końcach, ptaki zaczęły otwierać też, tak jak przed odcięciem części dziobów, szyszki zamknięte. Eksperyment ten dowodzi, że narząd wcale nie musi być modyfikowany od razu do jakiegoś swojego zaplanowanego, ostatecznego celu, a niewielkie modyfikacje mogły w czasie ewolucji przechodzić do coraz większych modyfikacji i w końcu tworzyć takie cuda „inżynierii" jak dziób krzyżodziobów [6].

Istnieje jeszcze inny rodzaj poszerzania zmienności. Dzieje się to na skutek genów homeotycznych, czyli tych, które regulują ekspresję pozostałych odcinków genomu. Odgrywają kluczowa rolę w rozwoju

[7] W bardzo ogólnym ujęciu: powstawanie zarodka z ominięciem procesu mejozy i zapłodnienia. U roślin dosyć powszechna, w niektórych rodzinach np. Asteraceae, Poaceae. Zarodek powstaje z niezapłodnionej niezredukowanej komórki jajowej, bielmo może powstawać autonomicznie, czyli bez zapłodnienia lub po zapłodnieniu komórki centralnej.

roślin i zwierząt. Szczególnie sensacyjnym odkryciem było udokumentowanie zwierzęcych genów HOX w latach osiemdziesiątych ubiegłego wieku. Kontrolują one porządek segmentów wzdłuż przednio-tylnej osi ciała, a ich mutacje mogą powodować przekształcenie jednego segmentu w inny. Odkrycie to otworzyło ogromne możliwości przed laboratoriami genetycznymi i dało odpowiedź na wiele pytań związanych z ewolucją zwierząt. To właśnie geny HOX odpowiedzialne są za stworzenie tak spektakularnych mutantów, jak opisane w książce „Zbadaj Ewolucję…", muszka owocowa, która na skutek mutacji w genie *Ubx* w miejscu trzeciego segmentu tułowia zamiast przezmianek, jak inne muszki owocowe, posiada drugą parę skrzydełek (Ryc. 8). Autorzy omawianej książki wykorzystali ten niezwykle ciekawy eksperyment do forowania swoich antyewolucyjnych poglądów, a jego znaczenie zostało zredukowane do roli dowodu na modyfikacyjne możliwości mutacji. To niewłaściwa interpretacja.



Ryc. 8. Ekspresja genów Hox u *Drosophila*. (A) Budowa ciała muszki owocowej, poniżej mapa genetyczna kompleksów Antennapedia i bithorax, funkcjonalne domeny są zaznaczone kolorami. (B) Morfologia dzikiego typu z jedną parą skrzydeł i jedną parą przezmianek (drobne struktury przypominające skrzydła). (C) Mutant z mutacją w regulatorowym regionie genu *Ubx* z parą dodatkowych skrzydeł zamiast przezmianek (wg Futuyma 2008, zmienione).

Dzięki muszce owocowej z dodatkową parą skrzydełek wiemy, które kompleksy genów odpowiadają za rozwój określonych cech morfologicznych. Eksperymenty na genach regulatorowych dowodzą też, jak wielkie znaczenie mają te geny i jak manipulacje nimi mogą zmieniać morfologię zwierząt. Po odkryciu genów HOX powstał szereg hipotez dotyczących ewolucji tworzonej przez zmiany w genach regulatorowych [5].

Dobór naturalny

W książce "Zbadaj Ewolucję…" w rozdziale dotyczącym selekcji naturalnej doszukać się można wielu ciekawych zjawisk. Po pierwsze, bardzo wyraźnie widać charakterystyczny dla tej publikacji trend do przyjmowania błędnych założeń i na nich opierania dalszych konkluzji. Po drugie, przestarzałe spojrzenie na ewolucję, nie uwzględniające badań nowoczesnej genetyki populacyjnej, biologii rozwoju. Zwłaszcza myślenie, że ewolucja działa jak człowiek i przyroda kieruje się zasadami postępowania typowo ludzkimi. Wyjaśnijmy więc na początku tego rozdziału najważniejszy proces opisany po raz pierwszy w dziele „O powstawaniu gatunków drogą doboru naturalnego" Karola Darwina, czyli pojęcie **doboru naturalnego.**

Dobór naturalny jest to proces kształtujący populację, który działa, kiedy spełnione są określone warunki [12, 13]

1. Podlega mu każdy osobnik w populacji, a nie żadna bardziej czy mniej homogeniczna grupa.
2. Osobniki te prowadzą reprodukcję, czyli wydają podobne do siebie potomstwo.
3. Osobniki różnią się miedzy sobą, czyli w populacji występuje zmienność.
4. Zmienność ta dzieli osobniki z różnym prawdopodobieństwem przeżycia i liczby wydanego potomstwa.

Jest to proces, który prowadzi do zmian w populacji. Dosyć dobrą analogią są sztuczne hodowle, w których hoduje się zwierzęta lub rośliny w celu spotęgowania określonej cechy, jednak trzeba pamiętać, że dobór naturalny (selekcja) różni się od doboru sztucznego tym, że jedyna zasada, której doszukiwać by się można w działaniu tego „sita", jest wzrost proporcji osobników z cechami umożliwiającymi zwiększenie udziału swego potomstwa w przyszłych pokoleniach [8]. Jeśli przyjmiemy takie rozumowanie to nietrafione wydają się argumenty krytyków z książki „Zbadaj Ewolucję…", którzy twierdzą, że dobór naturalny nigdy nie spowoduje, „że z owcy powstanie wielbłąd". Skąd w przyrodzie taka ogromna różnorodność, jeśli nie z doboru naturalnego działającego na zmienność, która zwiększa się z każdym pokoleniem, a nawet z każdą rekombinacją u organizmów rozmnażających się płciowo? Przecież nikt nie wymaga, żeby owca urodziła konia, sami nawet autorzy książki „Zbadaj Ewolucję…" przyznawali w jednym z wcześniejszych rozdziałów, że wśród organizmów są pewne podobieństwa i ustalenie systematyki sprawia kłopot. Jeśli popatrzymy na ewolucję człowieka to, przez co najmniej kilka milionów lat, zmiany były

tylko niewielkie, a jednak wyróżniamy w rodzaju *Homo* (rodzina człowiekowatych – Hominidae) wiele gatunków. Choć ten pogląd poddawany jest dyskusji – wiele gatunków czy jeden gatunek z wieloma formami adaptacyjnymi? ([11]

Nowe cechy powstają na skutek wyżej opisanych mechanizmów, a dobór naturalny tylko zmienia proporcje. Nasuwa się pytanie czy nowe struktury anatomiczne powstają *de novo,* czy ewoluują z już istniejących? Podobnie potraktować można argument, w którym autorzy książki przyznają, że dobór naturalny może powodować drobne zmiany w populacji, jak na przykład proporcje zięb z Galapagos z dużymi dziobami w okresach suszy, ale niedowierzają, że za pomocą takiego mechanizmu mogą powstać nowe struktury. Zwłaszcza tak skomplikowane jak ucho czy oko. To nic innego, jak powrót do myślenia, że siła, która tworzyła żywe istoty „myślała" jak człowiek i w czasie tworzenia narządów z góry zakładała, że na przykład oko będzie służyć do patrzenia. Losowe, spontaniczne mutacje mogły powodować drobne zmiany, które w perspektywie długiego czasu okazały się znamienne. Oko mogło być użyteczne już wtedy, kiedy nie zostało całkowicie ukształtowane, a usprawnianie mogło trwać tak długo, jak dobór naturalny [6]. Co więcej, nikt nie twierdził, że oko jest całkowicie ukształtowane. Narząd ten pełen jest bowiem niedoskonałości i mózg wykonuje olbrzymią pracę, aby przekształcić rejestrowany przez niego obraz [4].

W tym miejscu komentarza wymaga „kreatywna rola doboru naturalnego" w kształtowaniu się struktur organizmu, opierająca się na przyjętym założeniu. Zasadne wydaje się pytanie czy kumulatywne, drobne zmiany doprowadzić mogły do powstania skomplikowanych struktur, np. oka? W świetle nowych doniesień u podstaw ewolucji oka zwierząt leży homologia genów regulujących, odpowiedzialnych za rozwój danego organu, istniejących już u hipotetycznego wspólnego przodka, a jeżeli tak, jak to już u wspólnego przodka istniały struktury, które warunkowały widzenie [16].

Podsumowanie

Teoria ewolucji powstała z ludzkiej potrzeby szukania odpowiedzi na pytania, a jej zasadniczym celem jest wyjaśnienie, jak powstało życie na Ziemi. W miarę upływu lat od czasów Karola Darwina nauka pozwala coraz precyzyjniej odtworzyć ten scenariusz i dziś już jesteśmy sobie w stanie wyobrazić, jak proces ten przebiegał. Życie jest w pewnym sensie jedną wielką rodziną, powstało raz u samego zarania dziejów i potem na skutek swoich naturalnych właściwości rozrastało się w coraz bardziej złożone formy. Uniwersalny kod genetyczny składający się z trójek par zasad rozrastał się o nowe kodony, które powodowały powstawanie coraz bardziej różnorodnych cech, raz w szybszym, raz w wolniejszym tempie. Wszelkie nowości powstałe w „ośrodkach decyzyjnych" komórek, czyli genomach czy to złożonych z RNA, czy z DNA, od razu zostawały testowane przez „okrutne" prawa natury, które pozwalały jednym przeżywać, a innym nie i co ważniejsze, najlepiej dostosowane byty mogły powielać się wydając potomstwo, które kontynuowało ich uczestnictwo w cudzie życia. Po miliardach lat te wydarzenia doprowadziły do powstania istot, które zdolne są zadawać pytania, poznawać tajemnice Ziemi, ale i takich, które nie wierzą w to, że takie wydarzenia zaszły. Typowo ludzka cecha, jaką jest dążenie do prawdy, jest cudowna, ale jej skutkiem jest to, że między ludźmi występują konflikty. Różne bowiem drogi prowadzą lub wydają się prowadzić do jej poznania, a to, która z nich jest najlepsza, bardzo trudno rozstrzygnąć.

Artykuł jest w dużej mierze oparty na mojej pracy licencjackiej pt: Czy można podważać dowody na ewolucję? Refleksje po przeczytaniu książki „Zbadaj Ewolucję. Argumenty za i przeciwko neodarwinizmowi", którą napisałem w 2016 r. w Zakładzie Cytologii i Embriologii Roślin Instytutu Botaniki UJ pod naukową opieką prof. dr hab. Elżbiety Kuty. Dyskusja z prof. dr hab. Józefem Mitką i Panią promotor pomogła mi zrozumieć niektóre skomplikowane problemy procesu ewolucji. Za uwagi, które starałem się uwzględnić w niniejszej publikacji, wyrażam podziękowanie. Kieruję również serdeczne podziękowania dla Profesora Adama Łomnickiego, za czas poświęcony na ocenę pracy, cenne uwagi i komentarze.

Bibliografia

1. Brown T.A.: Genomy. 2001. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, s. 376–381.
2. Budd G.E. 2013. At the origin of animals: The revolutionary Cambrian fossil record. Current Genomics 14(6): 344–354.
3. Darwin K. 1951. Podróż na okręcie „Beagle". Książka i Wiedza, Warszawa, s. 365–366; 380–381.
4. Dawkins R. 2010. Najwspanialsze widowisko świata. Świadectwa ewolucji. Wydawnictwo CiS, Warszawa, s. 186–200; 317–339; 369–370; 413–421; 429–431.
5. Futuyma D.J. 2008. Ewolucja. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa, 71; 99; 61–64;71–95; 120–132;166–173; 363–367; 383–385; 481–487.
6. Guttman B.S. 2008. Ewolucjonizm co warto wiedzieć. Wydawnictwo CKA, Gliwice, s. 100–106.
7. Jarząbek D. 1949. Skamieniałości. Książka i Wiedza, Warszawa.
8. Krzanowska H., Łomnicki A., Rafiński J., Szarski H., Szymura J.M. 2002. Zarys mechanizmów ewolucji. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, s. 26–29; 36–43; 215–217; 265–266; 296–312.
9. Legocki A.B. 2009. Naukowe definicje życia. Nauka 1: 123–133.
10. Lewin D.A. 2000. The origin, expansion, and demise of plant species. Oxford University Press, New York, Oxford.
11. Lordkipanidze D., Ponce de León M.S., Margvelashvili A., Rak Y., Rightmire G.P., Vekua A., Christoph P.E. Zollikofer C.P.E. 2013. A complete skull from Dmanisi, Georgia, and the evolutionary biology of early Homo. Science 342: 326–331.DOI: 10.1126/science.1238484
12. Łomnicki A. 2009. Poziomy doboru, adaptacje. Kosmos 58(3-4): 335–340.
13. Łomnicki A. 2012. Ekologia Ewolucyjna. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, s. 25–27
14. Mitka J. 2004. Taksonomia linneuszowska w dobie biologii molekularnej. Fragmenta Floristica et Geobotanica Polonica 6: 9–31.
15. Rogalska S., Mauszynska J., Olszewska M.J. 2005. Podstawy cytogenetyki roślin. Państwowe Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa.
16. Shubin N., Tabin C., Carroll S. 2009. Deep homology and the origins of evolutionary novelty. Nature 457: 818–823.
17. 17.Soltis D.E., Soltis P.S., Endress P.K., Chase M.W.P. 2005. Phylogeny and evolution of Angiosperms. Sinauer, Sunderland, MA.
18. Spalik K., Piwczyński M. 2009. Rekonstrukcja filogenezy i wnioskowanie filogenetyczne w badaniach ewolucyjnych. Kosmos 58 (3–4): 485–498
19. Turczyn M. 2011. ABC architektury kwiatu. Postępy Biologii Komórki 38(4): 673–684
20. Weiner J. 2009. Hipotezy o powstaniu i wczesnej ewolucji życia. Kosmos 58(3–4): 501–528.
21. Wierzbicki A.T. 2004. Dziedziczenie epigenetyczne. Kosmos 53(3–4): 271–280.

Maciej Bobrowski, student na kierunku Biologia i Geologia na Wydziale Biologii i Nauk o Ziemi UJ, E-mail: boberek231@interia.pl