Filozofia Nauki
Rok IX, 2001, Nr 2(34)

Maciej Giertych

Rola informacji w funkcjonowaniu przyrody w kontekście sporu o ewolucję

STRESZCZENIE

Rzeczywistość biologiczna to nie tylko chemia i fizyka organizmów, ale również informacja w nich zawarta. Informacja steruje procesami rozwojowymi i rozrodczymi. Jej ilość w przyrodzie jest skończona. Obserwujemy mieszanie zasobów informacji (kojarzenia płciowe, podział redukcyjny, hybrydyzacja, inżynieria genetyczna), ubytki informacji (wymieranie gatunków, redukcja różnorodności genetycznej w wyniku hodowli, izolacji, chowu wsobnego) i wzrost informacji bezużytecznej i szkodliwej (duplikacje, mutacje neutralne i szkodliwe, obciążenie genetyczne). Natomiast nie obserwujemy pojawiania się nowej informacji biologicznie przydatnej (pozytywnych mutacji). Nowa przydatna informacja nie powstaje w drodze przypadku. Naturalna i sztuczna selekcja redukuje zasoby informacji, mutacje je niszczą, redukcja populacji i jej izolacja powodują losowe ubytki informacji. To, co jest prezentowane jako przykład wzrostu informacji (nabycie odporności na antybiotyki czy herbicydy), to tylko mechanizm obrony funkcjonalności organizmu czy populacji (np. przystosowanie immunologiczne). Mechanizmy takie należą do zasobów informacyjnych już istniejących. Żadne nowe organy czy funkcje nie powstają.

Dopóki nauki ścisłe nie wskażą drogi, na jakiej mogłoby nastąpić powiększanie przydatnych zasobów informatycznych w przyrodzie, powstawanie nowych funkcji czy organów, teoria ewolucji pozostanie tylko hipotezą bez pokrycia w faktach.

WPROWADZENIE

Podłożem świata biologicznego jest nie tylko rzeczywistość fizyczna i chemiczna — ale także informacja. Możemy ją ujmować zarówno z punktu widzenia biochemii molekularnej, jak i w kontekście zależności matematycznych, logiki i transformacji. Pomocne w tym mogą być pewne analogie z komputerami. Komputer posiada kształt,

rozmiary, skład chemiczny, właściwości fizyczne itd. To wszystko określamy jako *hardware*. Ale jest jeszcze *software*, obecnie o wiele kosztowniejsze niż *hardware*. Mamy programy, bazy danych, pliki, arkusze kalkulacyjne itd. Bez tego *software'u* komputer jest kupą złomu. Po zainstalowaniu *software'u* komputer nie zmienia kształtu, wagi, składu chemicznego czy parametrów fizycznych, ale dopiero wtedy staje się funkcjonalny.

Dzięki komputerom nauczyliśmy się pewnych rzeczy o roli informacji w ogóle, nawet wtedy, gdy mamy do czynienia z czymkolwiek innym.

Program komputerowy ma plan, funkcję i cel zamierzone przez programistę. Wiemy jednak, że program może zostać uszkodzony z powodu defektów nośników, na których go zapisano. Wiemy, że można go zepsuć przez pomyłkę. Wiemy, że sam się nie poprawi. Przez przypadek nie stanie się lepszy, bardziej przydatny. Po przypadkowej zmianie w programie liczba jego funkcji nie wzrośnie. Wiemy też, że błąd może uchronić wyraz lub plik przed usunięciem, mimo że je zaordynowaliśmy.

Podobnie hodowca posiada plan, cel, kierunek zamierzonego uszlachetniania. Hodowca jednak nie stwarza nowych informacji. On tylko dokonuje selekcji wśród dostępnych w przyrodzie zasobów informatycznych i dąży do takich ich kombinacji, by ukierunkować program hodowlany ku konkretnie zamierzonemu uszlachetnieniu. Naturalne procesy rozrodcze utrzymują bioróżnorodność w przyrodzie poprzez rekombinacje. Selekcja naturalna działa jedynie na istniejące formy. Redukuje liczebności i usuwa genotypy niedostosowane do danych warunków środowiska. Niczego nowego nie tworzy. Hodowcy zastępują selekcję naturalną selekcją własną, faworyzując to, co odpowiada ludzkim potrzebom.

W fizyce mikro- i makrokosmosu zgłasza się wątpliwości co do probabilistycznego modelu wyjaśniania rzeczywistości. Istnieje szkoła myślenia, która faworyzuje model informatyczny. Przedstawiciele tej szkoły mówią o podejściu drogą ujednoliconego pola informatycznego (UIFA — Unitary Information Field Approach), zakładając że gdzieś istnieje informacja realizowana w funkcjonowaniu kosmosu [Horodecki 1989]. Zazdroszczą oni biologom, że ci znaleźli już swoje pole informacyjne — w kodzie genetycznym. Należy jednak podkreślić, że wiemy, gdzie to pole się mieści, dopiero od połowy XX w. Gdy została zaproponowana teoria ewolucji, oraz gdy najintensywniej rozwijała się jej dominująca rola w myśleniu biologicznym, nie zdawaliśmy sobie sprawy z tego, że ta informacja istnieje, i że jest konkretnie umiejscowiona w określonym miejscu żywej komórki.

LOS INFORMACJI

Zastanówmy się, co dzieje się z informacją zgromadzoną w zapisie genetycznym podczas funkcjonowania systemów biologicznych lub w trakcie manipulowania nimi przez człowieka. W Tabeli 1 zestawiono niektóre z tych biologicznych funkcji i ludzkich działań w uporządkowaniu według tego czy redukują, mieszają czy zwiększają informację.

INFORMACJA		
Redukcja	**Rekombinacja**	**Wzrost**
Izolacja	Panmiksja	
Wsobność, samozapylenie	Introgresja, hybrydyzacja	
	Transformacje (pozapłciowo)	
Dryf	Mejoza (*crossing-over*)	
Selekcja	Heterozygotyczność chroni recesywne	
Adaptacja	Migracja	
Udomowianie	Ochrona zasobów genowych	
Uszlachetnianie	Troska o bioróżnorodność	
Hodowla	Zwiększanie heterozygotyczności	
Powstawanie ras	Dziczenie, kundlizm	
Mutacje negatywne		Mutacje pozytywne

Tabela 1. Los informacji w żywych systemach

Redukcja informacji

Izolacja populacji biologicznej prowadzi do redukcji informacji genetycznej. Konsekwencją izolowania populacji jest chów wsobny. Rozmnażanie płciowe odbywa się wtedy między spokrewnionymi osobnikami, a w ekstremalnej sytuacji zachodzi samozapylenie. To zawsze prowadzi do przypadkowej utraty pewnego fragmentu zasobów informatycznych. Utrata pewnych genów tą drogą określana jest jako *dryf genetyczny*[1]. Gen raz utracony jest utracony na zawsze. Sam się nie odtworzy. Może się pojawić jedynie po reintrodukcji.

Selekcja działa o wiele szybciej. Formy nie dostosowane w danym środowisku giną, a wraz z nimi odpowiedzialne za to niedostosowanie geny. W ten sposób powstaje populacja dostosowana do specyficznych warunków danego miejsca, dostosowana w tym sensie, że brak w niej genotypów niezdolnych do życia w danych warunkach. Pula genetyczna jest zredukowana w porównaniu z tą, z której się wywodzi. Można np. zaobserwować nieco roślinności na hałdach po-przemysłowych. Wiele na-

[1] Zjawisko to można to porównać do przypadkowej redukcji liczby nazwisk w małej izolowanej kolonii pozostawionej bez nowych przybyszy przez kilka pokoleń. Takie zjawisko wystąpiło na szeregu wysp karaibskich w XVIII i XIX wieku.

sion pada na nie, ale niewiele daje rośliny zdolne do życia. Populacja, która powstaje jest przystosowana do danej hałdy, np. do wysokich stężeń metali ciężkich, ale genetycznie jest ona uboższa niż populacja nasion, które na tę hałdę padły.

Bazując na tym mechanizmie adaptacji hodowcom udało się udomowić wiele roślin i zwierząt. Udomowione zwierzęta i rośliny są genetycznie uboższe niż formy dzikie, z których się wywodzą. Gdy mówimy o genetycznym uszlachetnianiu mamy na myśli „uszlachetnianie" z ludzkiego punktu widzenia. Wydajność cukru z buraka cukrowego czy mleka z krowy wzrasta. Ale zawsze jest to kosztem innych funkcji, co powoduje, że „uszlachetnione" odmiany są mniej zdolne do życia w warunkach naturalnych i stają się zależne od człowieka. Im bardziej różne odmiany są uszlachetnione, tym bardziej stają się zależne od człowieka i tym uboższe są w genetyczną różnorodność.

Zarówno hodowla, jak i naturalna adaptacja, prowadzi do formowania się ras. Rasy są genetycznie uboższe niż populacje, z których się wykształciły. Wszystkie rasy psów można wyhodować z dzikich wilków, ale nie da się wyhodować bernardyna z ratlerka.

Oczywiście dobrze wiemy, że również mutacje mogą zniszczyć geny. Ponieważ jesteśmy bombardowani cały czas przez czynniki mutagenne (promieniowanie, chemikalia) liczba uszkodzonych, a więc defektowych genów stale rośnie w każdej populacji. Mówimy o wzroście obciążenia genetycznego. Gdy takie defektowe geny spotkają się w homozygocie defekt ujawnia się i naturalna selekcja eliminuje genotyp z tym defektem.

Mieszanie informacji

Genetyka populacyjna uznaje rekombinację genów za główne źródło zmienności w przyrodzie. Powszechnie uznaje się, że w przyrodzie obowiązuje *panmiksja*, czyli losowe mieszanie genów w procesie rozmnażania płciowego. Każda gameta (ziarno pyłku, plemnik, jajeczko) posiada własną genetyczną tożsamość i dlatego gdy dwie gamety się łączą powstaje zupełnie nowa jakość.

W szczególnych warunkach mamy hybrydyzację, łączenie się gamet różnych gatunków. Gdy mieszaniec jest zdolny do życia i płodny, z którymś z form rodzicielskich, następuje *introgresja*, wkraczanie genów jednego gatunku w populację drugiego.

Transformacja to transfer genów z jednej populacji do drugiej inną drogą niż płciowa. Pasożyt może wprowadzić swoje geny do genomu gospodarza i wykorzystać jego metabolizm dla swoich potrzeb. Pewien owad (błonkówka) powoduje np., że liść wierzby tworzy galas, bezużyteczny dla wierzby ale stanowiący dom dla owada. Genetyka wierzby została zmodyfikowana. Jej potencjał metaboliczny został zaangażowany do pracy według informacji genetycznej pochodzącej z obcego organizmu. Obecnie czynimy to samo w ramach tak zwanej inżynierii genetycznej. Wprowadzamy np. geny ryby do pomidora. Produkujemy zmodyfikowane organizmy określane

jako *transgeniczne*. Mieszamy geny organizmów nie kojarzących się w sposób naturalny.

W procesie rozmnażania płciowego obserwujemy mechanizm mieszania się informacji genetycznej w czasie podziału redukcyjnego. Podczas mejozy informacja odziedziczona od ojca i od matki jest przetasowana. Podczas pachytenu następuje *crossing over* części chromatyd. Podczas anafazy chromosomy homologiczne, wraz z partiami wymienionymi podczas *crossing over*, rozchodzą się do przeciwnych biegunów. Chromosomy lub ich części pochodzące od matki i ojca ulegają wymieszaniu, tak że każda powstająca haploidalna gameta jest genetycznie inna.

Jeżeli haploidalna gameta posiada gen nie dostosowany do danego środowiska lub w jakiś sposób defektowy, może to powodować trudności dla gametofitu, w wyniku czego jest on słabszy lub ginie. W ten sposób defektowe lub niedostosowane geny wypadają z populacji. Jednak po zapłodnieniu, w diploidalnej zygocie i powstałym z niej sporoficie niedostosowany lub defektowy gen może przetrwać dzięki obecności funkcjonalnego genu homologicznego otrzymanego od partnera płciowego. Takie zjawisko określa się jako dominację niektórych genów nad innymi, recesywnymi. Konsekwencją jest heterozygotyczność czyli genetyczna różnorodność w populacji. Jest to naturalny mechanizm ochrony genów nieprzydatnych w danym środowisku, ale które mogą się okazać przydatne w innym, w którym może się znaleźć w przyszłości jakiś potomek. Niestety jest to również mechanizm chroniący geny defektowe, co się określa mianem obciążenia genetycznego.

Mieszanie genów następuje również w wyniku migracji roślin i zwierząt. Każdy gatunek stale umiejscawia część swego potomstwa poza obecnym obszarem zasięgu. Również człowiek nieraz przenosi populacje poza ich naturalny obszar. Nowi przybysze, z naturalnej lub antropogenicznej introdukcji, jeżeli okażą się zdolni do kojarzenia z lokalnymi populacjami, stają się źródłem zwiększenia genetycznej różnorodności. Gdy nowe terytoria są kolonizowane przez dany gatunek, zdarza się, że odrębne fale kolonizacyjne, pochodzące z różnych refugiów, spotykają się i powstaje rekombinacja między nimi, dając populacje bogate w genetyczną różnorodność.

Widząc, że zasoby genetyczne naszej planety maleją, człowiek czyni wysiłki aby je chronić. Często dziś mówimy o ochronie lub nawet o promocji bioróżnorodności. Należy podkreślić, że hodowla i ochrona zasobów genowych mają przeciwstawne konsekwencje dla informacji genetycznej. Tym niemniej w hodowli można specjalnie zwiększać heterozygotyczności, aby zapewnić większą stabilność uszlachetnionej populacji. Różne wysoko uszlachetnione linie czyste są czasami specjalnie kojarzone aby uzyskać heterozygotyczność. Często populacje hodowlane są specjalnie utrzymywane jako genetycznie różnorodne, aby przeciwstawić się utracie genów towarzyszącej selekcji.

Wysoko uszlachetnione rośliny i zwierzęta wymagają ludzkiej opieki. Zwykle wymagają specjalnych warunków środowiska, których tylko człowiek może dostarczyć (nawozy, pasze, antybiotyki, pestycydy, herbicydy itd.). Ale na tym nie koniec. Wymagają również ludzkiej ochrony przed krzyżowaniem. Wymagają zapewnionej izolacji. Gdy tylko izolacji się zaniecha, pojawia się kundlizm — odmiana dziczeje.

Wzrost informacji

Jest tylko jeden mechanizm, któremu przypisuje się zdolność do zwiększania zasobów informacji. Jest nim *mutageneza*. Zakłada się, że od czasu do czasu zdarza się mutacja pozytywna w sensie zwiększania potencjału życiowego danego osobnika i populacji od niego pochodnej. Pozytywna mutacja jest jedynym możliwym źródłem nowych informacji. Cała teoria ewolucji jest zależna od istnienia pozytywnych mutacji. Ale czy mamy dobre przykłady takich mutacji?

EWOLUCJA DARWINOWSKA

Darwin obserwował zmienność wewnątrzgatunkową (dzióbki zięb). Obserwował adaptację do różnych środowisk oraz różnicowanie się populacji izolowanych (teraz określane jako *dryf genetyczny*). To, co obserwował, było konsekwencją rekombinacji i redukcji informacji genetycznej. Tymczasem jego konkluzją była EWOLUCJA, naturalny proces dający wzrost informacji.

Jego konkluzja była błędna! Adaptacja, często nazywana mikroewolucją, nie jest przykładem drobnego kroku w makroewolucji. Jest procesem w przeciwnym kierunku!

W podręcznikach szkolnych na całym świecie znajdujemy przykład z ćmą, *Biston betularia*, która siada na korze brzozy. Stwierdzono, że ćma ta zmieniła kolor na czarny w terenach przemysłowych, gdzie kora brzozy była czarna od sadzy. Gdy oczyszczono przemysł ćma powróciła w tradycyjnie biało-szarym kolorze. Jest to przykład adaptacji, odwracalnej adaptacji, ponieważ pozostała łączność płciowa z populacją dziką poza terenem zanieczyszczonym przez przemysł. Naturalna selekcja, ptaki żerujące na tych ćmach, pozostawia tylko te osobniki, które są najmniej widoczne gdy siedzą na korze brzozy. Geny na ciemny kolor są obecne w populacji dzikiej, ale dominują jedynie wtedy, gdy wymaga tego sytuacja środowiskowa. Nowa, ciemno ubarwiona rasa nie posiada nowej informacji genetycznej. Posiada tylko fragment informacji obecnej w puli genetycznej populacji dzikiej. To, co się zdarzyło, to tylko zmiana proporcji szarych i ciemnych ciem. Chodzi o różnice w liczebności, a nie w jakości.

Należy w związku z tym podkreślić, że formowanie się ras nie jest przykładem drobnych kroków w ewolucji.

Nauki z hodowli

Hodowla nauczyła nas kilku bardzo ważnych rzeczy.

Po pierwsze dzisiaj wiemy już, że istnieją granice możliwości hodowlanych w określonym kierunku. Zasoby informacyjne puli genetycznej nie są nieskończone. W hodowli możemy wykorzystać to co jest — i nic więcej.

Po drugie wiemy, że nasze uszlachetnione odmiany wymagają izolacji aby utrzymały swoją tożsamość. Bez tej izolacji dziczeją, krzyżując się z formami dzikimi i w ten sposób tracąc swoją tożsamość.

Po trzecie wiemy, że wysoko uszlachetnione odmiany są biologicznie słabsze niż odmiany dzikie.

Boleśnie doświadczyliśmy tego, że formy dzikie są absolutnie potrzebne do prac hodowlanych. Musimy dysponować bogatą pulą genetyczną występującą w warunkach naturalnych, aby móc selekcjonować z niej to, co jest nam potrzebne, i inkorporować w nasze hodowlane odmiany wraz ze zmieniającymi się oczekiwaniami wobec programu hodowli.

Reasumując, musimy nauczyć się gospodarować istniejącymi w przyrodzie zasobami informacji genetycznej ponieważ są one ograniczone i mogą być bezpowrotnie umniejszone.

Mutacje

Teraz słowo o mutacjach. Jest to jedyne potencjalne źródło nowej informacji genetycznej. Badamy mutacje od 70 lat i niektóre konkluzje można już uznać za wiążące.

Po pierwsze, obserwujemy malejące zainteresowanie mutagenezą jako narzędziem hodowlanym. Większość laboratoriów na całym świecie zwija swoje programy mutagenezy. Otrzymano bardzo niewiele przydatnych odmian na drodze mutagenezy, a ponadto są one przydatne jedynie z ludzkiego punktu widzenia. Niektóre formy karłowate okazały się przydatne jako podkładki lub do ogródków skalnych. Niektóre bardzo wrażliwe rośliny okazały się przydatne do monitoringu zanieczyszczeń przemysłowych. Została wyprodukowana odmiana pomarańczy bez pestek. Jest wiele odmian ozdobnych kwiatów, które poprzez mutagenezę są pozbawione niektórych barwików. W każdym wypadku jednak otrzymana roślina jest biologicznie uboższa i słabsza niż nie zmutowana forma, z której się wywodzi. Jest pozbawiona czegoś, co w naturalnych warunkach jest przydatne do życia.

Wiemy o istnieniu wielu mutacji szkodliwych. Boimy się ich. Staramy się chronić siebie i dziką przyrodę przed różnymi czynnikami mutagennymi. Ograniczamy testowanie broni jądrowej, prześwietlenia rentgenowskie, azbest itd. Jeżeli środowisko mutagenne sprzyja powstawaniu mutacji pozytywnych, to giną one w zalewie destrukcyjnych mutacji negatywnych.

Wiemy o istnieniu mutacji biologicznie neutralnych. Chodzi o zmiany w niekodującej części genomu lub w części kodującej, ale takie, które nie naruszają funkcjonalności białek kodowanych przez zmieniony gen. Nazywamy takie warianty *allelami*. Gdy kopiujemy jakiś tekst, możemy robić błędy, jak długo jednak nie jest naruszony sens tekstu, takie zmiany można tolerować, choć zwykle traktujemy je jako utrudnienie. Również w genomie neutralna zmiana informacji jest tolerowana, ale je-

żeli choć trochę redukuje ona funkcjonalność białka, które jest kodowane, będzie podlegała selekcji negatywnej.

Pozytywne mutacje to bardziej postulat niż obserwacja. Zwykle rasy organizmów odpornych na wyprodukowane przez człowieka chemikalia (herbicydy, fungicydy, pestycydy, antybiotyki itd.), które rozwinęły się dopiero po wejściu na rynek danego preparatu, cytowane są jako przykłady pozytywnych mutacji. Trzeba jednak zdawać sobie sprawę z tego, że te nowe formy nie stanowią nowych gatunków. Są zwykle zdolne do kojarzenia się z populacją, z której wyszły, i zwykle znikają, gdy zaprzestaje się stosowania danego preparatu. W tym sensie są one podobne do tej odwracalnej adaptacji opisanej u *Biston betularia*. Jest całkiem możliwe, że adaptacja do preparatu została w podobny sposób osiągnięta — poprzez rekombinację. Jest bardzo niewiele przykładów udokumentowania, iż to właśnie zmiana w genomie jest odpowiedzialna za nowo powstałą odporność na dany preparat. W znanych przykładach można wykazać, że zmiana dotyczy obrony naturalnej funkcji. Nie jest to tworzenie czegoś nowego, ale obrona czegoś, co już istnieje.

Obrona funkcjonalności

Jest wiele sposobów obrony funkcjonalności w warunkach naturalnych. Naturalna selekcja jest jednym z takich mechanizmów. Przez eliminowanie form defektowych naturalna selekcja chroni populację przed pogarszaniem się. Naturalna selekcja odbywa się również na poziomie komórek. W tkance defektowe komórki są wypychane i pozbawiane możliwości mnożenia się.

Istnieje również szereg mechanizmów naprawiania (a nie eliminacji) defektów. Zabliźnianie ran to jeden z tych mechanizmów. Są inne, na poziomie genomu. Defektowe sekwencje nukleotydów czasami same ulegają skorygowaniu. Niektóre programy komputerowe posiadają jakiś ukryty duplikat informacji pozwalający na korygowanie błędów. Podobnie jest w systemach biologicznych.

Wreszcie w biologicznych systemach istnieją metody rozpoznawania i unieszkodliwiana czynników inwazyjnych. Na poziomie osobniczym określamy to jako odporność immunologiczną. Białko inwazyjne jest rozpoznane i tworzą się antyciała, zdolne je zneutralizować. To immunologiczne przystosowanie może też wystąpić na poziomie populacyjnym. Organizm, który dostosuje swoją biologię do zwalczania obcego czynnika chemicznego, rozmnaża się i zastępuje całą populację, która znalazła się pod presją selekcyjną tego preparatu. Stwierdzono to szczególnie w odniesieniu do odporności na preparaty zaprojektowane do unieruchamiania określonego ważnego dla życia białka u danego gatunku. Te preparaty są tak zaprojektowane, żeby ich cząsteczki przyczepiały się do określonej sekwencji aminokwasów. Mutacja teoretycznie neutralna (tj. taka, która nie zmienia funkcjonalności kodowanego białka), która jednak zmienia sekwencję aminokwasów definiującą przyczepność preparatu, może być uznana za pozytywną z punktu widzenia organizmu. Likwiduje ona

bowiem efektywność preparatu jako czynnika zabijającego. Jest ona wszakże pozytywna jedynie dlatego, że chroni istniejące funkcje, a nie dlatego, że stwarza nowe funkcje lub nowe organy.

Takie zjawisko w niczym nie wspiera teorii ewolucji.

Źródło podobieństw

Według prof. Jerzego Szweykowskiego [Szweykowski 1994] „jednolitość podstawowych funkcji... [świadczy o] jedności rozwojowej wszystkiego co żyje. Znaczy to, że życie powstało na Ziemi tylko raz i wszystkie organizmy współczesne pochodzą od tych samych — nieznanych nam jeszcze — praorganizmów. Tak więc jedynie procesy ewolucyjne są odpowiedzialne za tę ogromną różnorodność organizmów, jaką obserwujemy współcześnie". W tym sformułowaniu mieści się cała filozofia ewolucyjna. Obserwujemy podobieństwa w przyrodzie, dowodzą one wspólnego pochodzenia, dlatego też wszelkie niepodobieństwa muszą być rezultatem ewolucji.

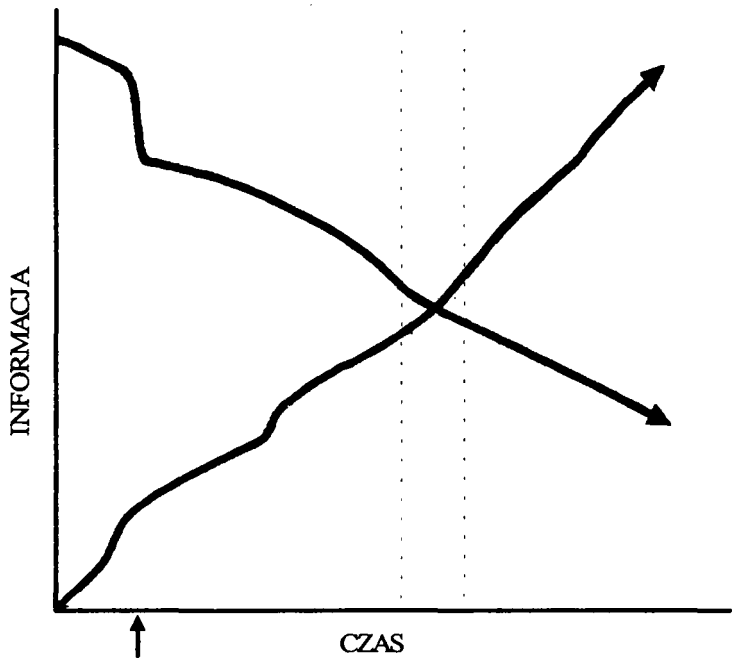
Dlaczegoż jednak odwrotna teza miałaby być mniej naukowa: niepodobieństwo świadczy o braku wspólnego pochodzenia, a więc podobieństwo jest wynikiem konwergencji? Ja oczywiście wcale nie optuję za tym sformułowaniem — chcę tylko wykazać absurdalność skoków myślowych tego rodzaju. Podobieństwo, czy „jednolitość funkcji" nie jest żadnym dowodem na wspólne pochodzenie.

Szron na oknie i liście paprotki są bardzo podobne, i co z tego? Płetwy ryby i wieloryba są podobne, kończyny lewe i prawe są podobne, kończyny górne i dolne są podobne — to wcale nie oznacza, że mają wspólne pochodzenie. Liście klonu *Acer platanoides* i liście platana *Platanus acerifolia* są prawie identyczne, a są to gatunki drzew systematycznie bardzo odległe od siebie. Oko ssaka i oko ośmiornicy są bardzo podobne, ale są to zwierzęta systematycznie bardzo od siebie odległe. Obserwowane przez nas podobieństwa niekoniecznie ukształtowały się na podstawie tej samej informacji.

Na różnicach i podobieństwach bazują zarówno systematyka jak i filogeneza. Genetyka molekularna potwierdza systematykę, czyli Linneusza, ale nie potwierdza filogenezy, czyli Darwina. Linneusz oparł podziały systematyczne głównie na organach rozrodczych i to się okazało właściwą drogą dla taksonomii. Współgranie organów płciowych determinuje czy mamy do czynienia z odrębnymi gatunkami czy też nie. Natomiast postulowane przez filogenezę ciągi ewolucyjne, np. od ryb, poprzez płazy, gady — do ssaków, do człowieka nie są potwierdzane przez genetykę molekularną. Od ryby jest tak samo daleko do żaby, jak do człowieka.

Podobieństwa mogą, ale nie muszą wynikać z podobnej informacji. Niepodobieństwa muszą wynikać z innej informacji. W sporze o ewolucję chodzi nie o źródło podobieństw, ale o źródło niepodobieństw. Skąd się wzięły różne płcie, różne strategie przeżycia, różne funkcje, różne organy? Dopóki zwolennicy teorii ewolucji nie

przedstawią udokumentowanego mechanizmu powstawania informacji potrzebnej dla nowych funkcji czy organów, dopóty teoria ta pozostanie niesprawdzoną hipotezą.



Ryc. 1. Dwie wizje relacji między informacją a czasem. W ramach linii przerywanych znajduje się czas dostępny dla naszego poznania. Strzałka pokazuje moment nagłego ubytku informacji z powodu zdarzenia o charakterze globalnej katastrofy.

ZAKOŃCZENIE

Istnieją dwie wizje Wszechświata. Rozpatrując te wizje według ich stosunku do zasobów informacji i czasu (Ryc. 1) możemy powiedzieć, że jedna wizja zaczyna od całkowitego chaosu na początku czasu (w chwili Wielkiego Wybuchu) i postuluje stopniowe nagromadzanie się informacji poprzez ewolucję cząsteczek, pierwiastków, związków — ewolucję organiczną, biologiczną aż do człowieka i dalej ku stale polepszającym się i wzrastającym zasobom informacji w chwalebnej przyszłości. Druga wizja zaczyna od świata pięknego i wspaniałego, ale postuluje stałe jego psucie się, wymieranie gatunków, pogarszanie genów, wypalanie energii i upadek ku nieuchronnemu końcowi rzeczywistości widzialnej. Dostępny dla naszego poznania i naukowych badań jest tylko niewielki wycinek czasu ujmowanego w tych wizjach.

Podstawowe pytanie sprowadza się zatem do tego: czy w czasie dostępnym dla naszego poznania widzimy wzrost ilości informacji, czy też jej redukcję? W mojej interpretacji wszystkie dane naukowe wskazują na redukcję.

LITERATURA CYTOWANA

Horodecki, R. (1989) — „Unitary Information-Filed Approach to the description of reality", *Proceedings of conference on Problems in Quantum Physics*, Gdańsk, s. 346—367.

Szweykowski, J. (1994) — „Teoria ewolucji w świetle biologii molekularnej", [w:] A. Łomnicki (red.) *Opinia o filmie video „Ewolucja — rzeczywistość czy domniemanie"*, Komitet Biologii Ewolucyjnej i Teoretycznej PAN, Universitas, Kraków, 25—34.