

Kazimierz Kloskowski

"The comparative method in evolutionary biology", P. Harvey, M. Pagel, Oxford 1991 : [recenzja]

Studia Philosophiae Christianae 29/1, 204-207

1993

Artykuł został zdigitalizowany i opracowany do udostępnienia w internecie przez Muzeum Historii Polski w ramach prac podejmowanych na rzecz zapewnienia otwartego, powszechnego i trwałego dostępu do polskiego dorobku naukowego i kulturalnego. Artykuł jest umieszczony w kolekcji cyfrowej bazhum.muzhp.pl, gromadzącej zawartość polskich czasopism humanistycznych i społecznych.

Tekst jest udostępniony do wykorzystania w ramach dozwolonego użytku.

kiedy utrudnia lekturę. Język książki jest zrozumiały dla czytelników nie zajmujących się profesjonalnie filozofią lub biologią.

Na zakończenie mojej oceny omawianej pracy chciałbym podzielić się smutną refleksją. Treść książki wyraźnie wskazuje na to, że rosyjska nauka, sprzed tzw. rewolucji październikowej stała na bardzo wysokim poziomie. Doskonałe ośrodki badawcze mogły być porównywalne z najlepszymi na świecie. Jednak w tym czasie (1920—1930), gdy R. A. Fisher, S. Wright, J. B. S. Haldane, Th. Dobzhansky podejmowali badania nad teorią zmieniającej się równowagi, nad syntezą mendelizmu i biomaterii, nad wykorzystanie rachunku prawdopodobieństwa do oszacowania działania doboru naturalnego, w Rosji, jak pokazałem wyżej, ideologia wymusiła zmianę kierunku badań wielu naukowców, wprowadzając te badania w sferę jałowej i bezwartościowej „paplaniny” dialektycznego przyrodoznawstwa.

Kazimierz Kłoskowski

P. H. Harvey, M. D. Pagell, *The Comparative Method in Evolutionary Biology*, Oxford-New York-Tokyo, Oxford University Press 1991, ss. 240.

Rozwój współczesnej biologii, ujmując sprawę ramowo, przebiega w dwóch nurtach. Pierwszy związany jest z tym wszystkim, co dzieje się w samej biologii molekularnej, jak i wokół niej. Drugi zaś nurt dotyczy badań przeprowadzanych w ramach biologii ewolucyjnej. Problematykę tę podejmuje się w licznych publikacjach. Niemniej jednak spośród nich dominują prace najczęściej omawiające problemy biologii molekularnej. Dlatego też niezwykle wprost znaczenia dla zobrazowania tendencji występujących we współczesnej biologii ewolucyjnej nabiera fakt ukazania się książki P. H. Harveya i M. D. Pagella na temat porównawczej metody w biologii ewolucyjnej. Książka ta została wydana w ramach *Oxford Series in Ecology and Evolution*.

We współczesnej biologii ewolucyjnej metodę porównawczą odnosi się do konkretnych wzorów zmian ewolucyjnych. Aby skutecznie to realizować, autorzy książki podejmują próbę umiejscowienia badań porównawczych w kontekście biologicznym i statycznym; konsekwentnie pokazują, że większość analiz porównawczych może być inspirowanych badaniem wzorów przystosowanych organizmów.

Omawiana książka składa się z przedmowy, sześciu rozdziałów oraz zakończenia. W przedmowie autorzy w sposób zwięzły prezentują główne założenia i tezy przyjęte w pracy. Stawiają podstawowe pytania, dotyczące określenia relacji pomiędzy przewidywalnym różnicowaniem grup gatunków organizmów a ich związkami filogenetycznymi. Szczególnie chodzi o odpowiedź na pytanie, w jaki sposób charakteryzować te badania porównawcze. Autorzy odrzucają traktowanie metody porównawczej jako opierającej się wyłącznie na określaniu związków filogenetycznych. Metoda porównawcza musi uwzględniać także sposób życia badanych gatunków. Nadto pojawiają się pytania: w jakim stopniu ewolucja molekularna jest neutralna, jaki sposób życia powoduje pojawienie się tzw. wielkiego mózgu, czy umieralność zależy od wielkości ciała (s. 1).

W pierwszym rozdziale Autorzy skoncentrowali się na problemie skutecznego zastosowania metody porównawczej do zrozumienia pro-

cesu przystosowania. Jest faktem to, że różne gatunki upodobniają się do siebie, gdy żyją w analogicznych warunkach, np. sowa śnieżna, niedźwiedź polarny wykształciły białe pióra lub białe futra, cechy preferowane przez dobór naturalny, pozwalające na maskowanie się na białym tle śniegu; z kolei dla innych zwierząt, np. zając bielak, białe okrycie pozwala zabezpieczyć się przed drapieżcami. Dostrzec można też w procesie ewolucji występowanie zadziwiających regularności. Analiza stosunku przyrostu wagi do wagi ciała gatunków Naczelnych pokazuje, że zależy on od wzoru krzyżowania przyjętego przez samice. Wreszcie P. H. Harvey i M. D. Pagel podkreślają, że podobieństwa blisko związanych ze sobą gatunków dostarczają dowodów na pochodzenie ich od wspólnych przodków.

Drugi rozdział książki dotyczy różnego rodzaju wątpliwości co do właściwego rozumienia procesu filogenezy; chodzi tutaj o to, że podczas zmian ewolucyjnych aksjomaty związków filogenetycznych muszą być uwzględniane wcześniej, zanim przeprowadzi się analizę porównawczą. Przykładem może być badanie na próbie ptaków i ssaków charakterystycznych cech gatunków posiadających pióra. Okazuje się, że gatunki upierzone składają jaja i posiadają dzioby, podczas gdy te gatunki, które posiadają zęby i futro, rodzą potomstwo. Wiadomo, że te różnice nie są związane ze sobą przystosowawczo; i właśnie zastosowana tutaj symulacja filogenetyczna (w ramach której stosuje się analizę statystyczną) pokazuje, że każda z wymienionych cech ewoluowała oddzielnie w swojej grupie (ss. 34—35). Odkrycie więc związków filogenetycznych pozwala odróżniać przyczyny od skutków. Co więcej, blisko ze sobą związane gatunki wydają się być fenotypowo podobne w wyniku (1) tradycyjalizmu nisz ekologicznych, (2) filogenetycznych czasowych odchyień oraz (3) podobnych reakcji przystosowawczych.

W trzecim rozdziale (ss. 50—77) Autorzy omawiają sposoby uzyskiwania i wykorzystywania informacji filogenetycznych niezbędnych dla przeprowadzenia badań porównawczych. Informacja filogenetyczna stanowi swoistą historię genealogiczną grup zakładającą zachodzenie związków pomiędzy przodkiem i potomkiem. Z kolei określenie charakteru tych związków domaga się przyjęcia określonej klasyfikacji. Zdaniem P. H. Harveya i M. D. Pagela klasyfikacje określone kladystycznie, opierające się na kryterium ekonomiczności i równoważności, są z reguły najbardziej przydatne. Niemniej jednak wyczerpująca charakterystyka drzew filogenetycznych poszczególnych gatunków domaga się uwzględnienia wyników badań biologii molekularnej. Dane dotyczące DNA oraz ich umiejętne różnicowanie w oparciu o klasyfikację kladystyczną może stanowić podstawę rekonstrukcji drzew filogenetycznych.

W kolejnej części pracy (rozdział czwarty, ss. 78—113) skoncentrowano się na metodach analiz porównawczych cech ukrytych lub danych, które przejawiają się w skończonej liczbie stanów uzyskanych w oparciu o hierarchicznie uporządkowaną filogenezę. Chodzi o to, aby określić, czy w ramach rozgałęzień drzewa filogenetycznego zmiany wzorów ewolucyjnych nazywane przechodzeniem stanów cech, np. stanów równoległych dwóch cech fenotypicznych, mają charakter zorganizowany, czy tylko stanowią przypadkowy zbiór tych cech. Biogeografowie wyspowi mówią o tzw. rotacji gatunków: gatunki początkowo nieobecne na wyspie mogły w późniejszym czasie pojawić się w wyniku imigracji; natomiast gatunki początkowo obecne mogły zniknąć w wyniku czynników powodujących ich śmierć. W konsekwencji przyjmuje

się, że procedura szacowania podobieństwa cech ukrytych sprowadza się do określania prawdopodobieństwa pojawiania się zmian cech, nawet jeśli nie są znane długości odgałęzień filogenetycznych.

Piąty rozdział (ss. 114—170) Autorzy poświęcili omówieniu metod analizy ciągłych zmiennych cech. Badania morfologiczne, fizjologiczne, historia życia oraz zachowanie (chodzenie, latanie, pływanie) pozwalają przyjąć, że cechy ciągle zmieniające się trudno jest zaklasyfikować do cech ukrytych. Autorzy przedstawiają ten problem następująco (s. 115). Załóżmy, że proces pojawiania się cechy ciągle zmieniającej się zachodzi podczas szeregu etapów ukrytych. „Odległość” pokonywana na każdym z tych etapów przez cechę jest wartością stałą — albo o jedną jednostkę „naprzód”, albo o jedną jednostkę „wstecz” w przyjętej skali. Ruchy „naprzód” oraz „wstecz” wydają się być jednakowe. Przyjmijmy że jeden etap odpowiada każdej z kolejnych epok, gdzie jedną epokę oznaczać się będzie jako τ . Pozycja na skali po upływie n epok jest sumą wszystkich uprzednich etapów. Te okoliczności wskazują na możliwość powstawania tego, co nazywa się „marszem przypadkowym”. Niektóre „marsze przypadkowe” będą oscylować w stronę wartości $+1$, inne będą kierować się w kierunku wartości -1 , a jeszcze inne osiągać będą wyższą wartość od $+1$ i niższą od -1 . Mając dane dotyczące występowania jednego z dwu możliwych rezultatów, w określonym przedziale czasowym, łatwo stwierdzić, że pojawia się 2^n prawdopodobnych rezultatów „marszu przypadkowego” po n etapach. Teoria statystyczna pozwala przewidzieć rozkład rezultatów tego procesu, gdy uwzględnia się z jednej strony „zanikanie” jednostki czasu τ , z drugiej zaś kiedy n posiada znaczną wartość. Tak więc rozgałęzieniowa struktura filogenezy potwierdza, że określenie cechy gatunków jest zależne od statystycznych badań.

P. H. Harvey i M. D. Pagel w szóstym rozdziale prezentowanej pracy (ss. 171—202) podejmują próbę wykorzystania zjawiska allometrii, nierównomierności wzrastania, do określenia nie tyle zachodzenia związków pomiędzy dwiema zmiennymi cechami, ale raczej do wskazania formy, w której związek ten zachodzi. Autorzy nadto opisali sposoby szacowania związków allometrycznych za pomocą logiki porównań niezależnych, a następnie przedstawili podstawy teoretyczne niezbędne do tworzenia krzywych allometrycznych.

W zakończeniu książki (ss. 203-205) Autorzy podkreślają, że skuteczność stosowania metody porównawczej zależy od określenia charakteru wzajemnego oddziaływania dziedzictwa filogenetycznego, zdarzeń przypadkowych oraz przystosowania do aktualnego środowiska. Co więcej, same analizy porównawcze osadzone są na proponowanych modelach prezentujących prawdopodobny przebieg procesu ewolucji. Wybór modelu rzutuje na rekonstrukcję przeszłości filogenetycznej gatunków.

Książka *Porównawcza metoda w biologii ewolucyjnej* zasługuje na szczególną uwagę biologów, filozofów biologii i tych wszystkich, którzy zajmują się procesami ewolucyjnymi ujmowanymi w aspekcie statystycznym. Autorzy uwzględniają wiedzę w zakresie biologii ewolucyjnej, biologii matematycznej, ekologii, potwierdzając niekiedy zaskakujące twierdzenia: „musimy nauczyć się traktować dane porównawcze z takim samym szacunkiem, z jakim podchodzimy do wyników eksperymentalnych” (J. M. Smith, R. Holliday — Wprowadzenie do *The Evolution of Adaptation by Natural Selection*, London 1979, s. VII).

Jak się wydaje, metoda porównawcza należy do kluczowych procedur badawczych biologa ewolucjonisty. Służy ona nie tylko do ustalania stanu wiedzy na temat pochodzenia gatunku wraz ze wskazaniem wszelkich lub informacyjnych na ten temat, ale również otwiera możliwość uzasadniania hipotez uogólniających, określających przebieg rozwoju filogenetycznego i adaptacyjnego. Omawiana książka przede wszystkim koncentruje się na charakteryzowaniu czasowo wcześniejszych procesów filogenetycznych na podstawie znajomości późniejszych. Zbyt mało jednak wskazano w ramach proponowanej metody porównawczej na konieczność „odkrywania” związków przyczynowych w oparciu o zasady indukcji eliminacyjnej. Nadto niewiele materiału poświęcono zagadnieniu sprowadzania hipotez dotyczących związków filogenetycznych ewoluujących gatunków.

Niezwykle pomocny podczas lektury recenzowanej książki, okazuje się starannie przygotowany zestaw bibliograficzny, indeks osobowy i przedmiotowy. Nie bez znaczenia są też liczne diagramy, wykresy, tabele opisane i zinterpretowane językiem zrozumiałym nie tylko dla biologów. Zastosowane w pracy metody matematyczne pozwalają (1) przeanalizować ilościowo wyniki eksperymentów molekularnych dotyczących zagadnienia filogenezy, (2) przedstawić modele związków zachodzących an różnych poziomach odgałęzień filogenetycznych gatunku oraz (3) skonstruować hipotezy wyjaśniające skuteczność stosowania metody porównawczej w biologii teoretycznej.

Kazimierz Kloskowski

A. Brack, F. Raulin: *L'évolution chimique et les origines de la vie*, Paris 1991, Masson, XIV+181 (Les grands problèmes de l'évolution).

Całościowa prezentacja aktualnego stanu wiedzy w zakresie problematyki genezy życia na Ziemi jest przedsięwzięciem niezwykle trudnym i to z wielu powodów. Przede wszystkim jesteśmy świadkami intensywnych badań interdyscyplinarnych, obejmujących aspekty nie tylko ściśle biologiczne, ale także kosmochemiczne (m.in. meteorytyczne, komentarne), paleobiochemiczne, laboratoryjne i inne. Ponadto problem sam w sobie, co unaoczniają wskazane badania, okazuje się tak skomplikowany, iż każda próba wyjaśnienia takiego czy innego aspektu czy fragmentu procesu abiogenezy rodzi coraz to nowe znaki zapytania.

Dlatego nie dziwi nas to, co w *Przedmowie* do omawianej pracy stwierdza Guy Ourisson, członek francuskiej Akademii Nauk, mianowicie, że napisanie książki ujmującej wszystkie aspekty pochodzenia życia wymaga „wiele odwagi i wielkiej kompetencji erudycji”. Realizacji takiego zadania podjęli się: André Brack, dyrektor badań w CNRS, w centrum biofizyki molekularnej w Orleanie, oraz François Raulin, profesor Uniwersytetu Paryskiego (Paris-Val de Marne), obaj dobrze znani z prowadzonych przez siebie i swe ekipy badań laboratoryjnych w zakresie syntez prebiotycznych. Książka została wydana w serii *Wielkie problemy ewolucji*, zainicjowanej przez prof. Jean Piveteau i przeznaczony do prezentacji w sposób popularnonaukowy, ale kompetentny, aktualnego stanu wiedzy ewolucyjnej w wybranej dziedzinie.